

**Maissorten für den ökologischen Landbau –**  
Unkrauttolerante Maishybriden und blühbiologische  
Untersuchungen zur Entwicklung offen abblühender  
Maissorten

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

vorgelegt von  
Mareile Stever  
geboren in Hannover

Göttingen, Juli 2017

D 7

1. Referent: Prof. Dr. Heiko C. Becker

2. Korreferent: Prof. Dr. Rolf Rauber

Tag der mündlichen Prüfung: 13. Juli 2017

# Inhaltsverzeichnis

Abkürzungsverzeichnis.....	V
1 Einleitung.....	1
Literaturverzeichnis.....	4
2 Entwicklung von unkrauttoleranten Maishybriden.....	6
2.1 Einleitung und Fragestellung.....	6
2.2 Material und Methoden.....	9
2.2.1 Versuchsaufbau.....	9
2.2.2 Versuchsanlage.....	9
2.2.3 Pflanzenmaterial.....	11
2.2.4 Erfasste Merkmale.....	14
2.2.5 C/N-Analyse.....	17
2.2.6 Statistische Auswertung.....	17
2.2.7 Selektion.....	22
2.3 Ergebnisse.....	23
2.3.1 Versuchsjahr 2011.....	23
2.3.2 Versuchsjahr 2012.....	36
2.3.3 Versuchsjahr 2013.....	46
2.3.4 C/N-Analyse.....	54
2.4 Diskussion.....	56
2.4.1 Bemerkungen zum Versuch.....	56
2.4.2 Kornertrag als indirektes Merkmal für Unkrauttoleranz.....	60
2.4.3 Wechselwirkungen zwischen Charakteristika der Maispflanzen und der Untersaat.....	62
2.4.4 Beschattung als Faktor der Unkrauttoleranz.....	64
2.5 Fazit.....	66
Literaturverzeichnis.....	68
3 Blühbiologische Untersuchungen zur Entwicklung offen abblühender Maissorten.....	71
3.1 Einleitung und Fragestellung.....	71
3.2 Material und Methoden.....	73
3.2.1 Pflanzenmaterial.....	73
3.2.2 Feldversuche.....	76
3.2.3 Markeranalysen.....	81

3.2.4	Statistische Auswertung .....	83
3.3	Ergebnisse .....	86
3.3.1	Untersuchungen zum Blühintervall .....	86
3.3.2	Ertragsvergleich und Selbstungsrate in den Populationen.....	89
3.3.3	Leistungsvergleich von Hybriden und ihrer Nachkommenschaft aus Selbstung .....	95
3.4	Diskussion.....	98
3.4.1	Blühintervall .....	98
3.4.2	Selbstungsrate und Inzuchtdepression .....	98
3.5	Fazit .....	100
	Literaturverzeichnis.....	101
4	Zusammenfassung.....	103
5	Anhang .....	106
6	Danksagung.....	107
7	Erklärungen.....	108

## Abkürzungsverzeichnis

BI	Blühintervall (Tage), zeitliche Differenz zwischen männlicher und weiblicher Blüte des Maises
ef	entfahnt
F	Inzuchtkoeffizient
GTM	Gesamt trockenmasse
GZPK	Getreidezüchtung Peter Kunz
KFM	Kornfrischmasse in kg/9m <sup>2</sup> (Parzelle = 9m <sup>2</sup> )
KTM	Korn trockenmasse (dt/ha) für einen KTS von 86% gerechnet
KTMk	Korn trockenmasse (dt/ha) für einen KTS von 86% gerechnet und korrigiert für fehlende Pflanzen in der Parzelle
KTS	Korn trockenmasse substanz (%)
LfL	Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft
op	offen abgeblüht
PAR	Photosynthetisch aktive Strahlung
Pop1	Population 1
Pop2	Population 2
Pop3	Population 3
S1	Nachkommenschaft aus Selbstung
WH	Wuchshöhe

# 1 Einleitung

Mais (*Zea mays*) ist in der konventionellen Landwirtschaft mit 2,59 Mio ha Anbaufläche die zweithäufigste Kulturart nach Weizen (*Triticum aestivum*) (3,16 Mio ha) in Deutschland (voraussichtliche Anbaufläche zur Ernte 2016) (Statistisches Bundesamt 2016a), während er im ökologischen Landbau nur in sehr geringem Umfang angebaut wird. Von den etwa 1 Mio ha, die in Deutschland ökologisch bewirtschaftet werden, wurden im Jahr 2014 auf 9.800 ha Körnemaïs (inklusive Corn-Cob-Mix) (Statistisches Bundesamt 2016b) und ca. 16.000 ha Silomais (Graß 2015) angebaut. Das entspricht 2,6 % der insgesamt ökologisch bewirtschafteten Fläche und 0,1 % der Fläche, die im konventionellen Anbau von Mais eingenommen wird.

Das Interesse am Maisanbau im Ökolandbau nimmt allerdings mit Ausweitung der Tierhaltung zu, denn Silomais ist in der Milchviehfütterung ein energiereiches Grundfuttermittel und Körnemaïs und Corn-Cob-Mix sind in der Geflügel- sowie Schweinehaltung gut einsetzbar, zudem ist Körnemaïs auch als Marktfrucht interessant (Graß 2015, Heß und Graß 2001, Mücke 2015).

Ein Grund für die geringere Anbaubedeutung von Mais im Ökolandbau sind höhere Ansprüche an die Produktionstechnik und die Anbaustrategie als in der konventionellen Landwirtschaft. Die Unterschiede bestehen vor allem darin, dass aufgrund des Verzichts auf chemische Pflanzenschutzmittel wie Beizen und Herbizide sowie auf mineralischen Dünger vermehrt der Stand in der Fruchtfolge, die Sortenwahl beim Mais und die mechanische Unkrautkontrolle beachtet werden müssen, da es sonst zu erheblichen Ertragseinbußen kommen kann.

Durch den Verzicht auf chemische Beizung im ökologischen Anbau, muss das Saatgut eine besonders gute Keimfähigkeit und Triebkraft aufweisen, damit das Korn nicht während einer langen Verweildauer im Boden durch Pilzbefall und Vogelfraß geschädigt wird (Debruck 2001, Heß und Graß 2001). Weiterhin ist eine rasche Jugendentwicklung auch bei niedrigeren Temperaturen notwendig um durch frühen Reihenschluss den Unkrautdruck zu mindern, der durch den Verzicht auf Einsatz von Herbiziden sehr hoch sein kann (Benke und Martens 2001). Im Ökolandbau sollte der Mais etwa zehn Tage später gesät werden als im konventionellen Anbau, so dass durch höhere Bodentemperaturen ein schnellerer und gleichmäßigerer Feldaufgang und darauffolgend durch höhere Tagestemperaturen eine schnellere Jugendentwicklung gefördert wird (Benke und Martens 2001).

Weitere wichtige Merkmale sind die Toleranz gegen mechanische Unkrautbekämpfung (Burger 2008), sowie eine gute Toleranz gegenüber Nährstoffdefizitsituationen und die Fähigkeit auch in späteren Entwicklungsstadien noch Stickstoff aufnehmen zu können (Schmidt 2009, Schmidt und Burger 2008). Die größte Schwierigkeit beim Anbau von Mais unter ökologischen Bedingungen stellt aber die Konkurrenz durch Unkraut dar (Benke und Martens 2001).

Ein weiterer wichtiger Grund für die geringe Maisanbaufläche im Ökolandbau ist, dass die Verwendung von Hybridsaatgut je nach Anbauverband und den jeweiligen Richtlinien teilweise abgelehnt wird. Nach der EG-Öko-Basisverordnung Nr. 834 (Europäischer Rat 2007) ist der Anbau von Hybriden nicht untersagt, es besteht lediglich die Vorschrift ökologisch/biologisch erzeugtes Saatgut zu verwenden. Für Mais galt diesbezüglich eine Ausnahmeregelung, da nicht ausreichend ökologisch erzeugtes Saatgut zur Verfügung

stand. Seit 2014 muss jedoch auch im Maisanbau ökologisch erzeugtes Saatgut verwendet werden (Proplanta 2015).

Von den Ökoanbauverbänden selbst wird unterschiedlich geregelt, ob Hybridsorten angebaut werden dürfen. So steht in den Richtlinien von Bioland e.V. (2016): „Im landwirtschaftlichen Bereich sollen landesübliche Sorten gegenüber Hybriden vorgezogen werden.“ Naturland - Verband für ökologischen Landbau e. V. spricht sich in seinen Richtlinien (2016) nicht ausdrücklich gegen Hybriden aus, sondern schreibt: „Sorten, die aus Protoplasten- oder Cytoplastenfusion bzw. vergleichbaren Methoden (auf Ebene des Zellkerns) hervorgegangen sind, sind nicht zugelassen“. Der Demeter e.V. (2016) gibt vor: „Mit eigenem Nachbau wird die Bildung hofeigener, angepasster Sorten gefördert. Hybridsaatgut (F1) darf nicht gezüchtet oder vermehrt werden. Es sind keine Hybridsorten (F1) im Getreidebau zugelassen, außer Mais“. Maishybriden sind als Ausnahme zugelassen, da kaum andere Sorten zur Verfügung stehen (Heß und Graß 2001).

Hybriden werden im Ökolandbau aus verschiedenen Gründen abgelehnt. Bevorzugt sollte Saatgut auf dem eigenen Hof nachgebaut werden um Saatgut zu erhalten, das optimal an die Region und die Anbaubedingungen angepasst ist. Allerdings ist der Nachbau von Hybriden zum einen nicht erlaubt (SortSchG §10a (2) 1985), zum anderen würden die nachgebauten Pflanzen im Geno- und Phänotyp aufspalten und es käme zum Einen zu sehr inhomogenen Beständen und zum Anderen würde die Leistung zurückgehen, da ein Teil der Heterosis verloren geht. Im ökologischen Landbau werden Hybriden daher als „nicht samenfest“ bezeichnet.

Mit dem Nachbau bzw. der Nachbaubarkeit von Saatgut soll zudem die freie Wahl der Betriebsmittel und die Unabhängigkeit der Landwirte von wenigen großen konventionellen Saatgutunternehmen gewährleistet werden (Wilbois 2011). Außerdem werden teilweise Techniken, die bei der Hybridproduktion angewendet werden, abgelehnt. In einem Grundlagenpapier zur ökologischen Pflanzenzüchtung herausgegeben von FiBL Deutschland e.V. beschreiben Messmer und Wilbois (2001) die „Würde der Kreatur“, die auch jede Pflanze besitze, und aufgrund derer u.a. die genetische Integrität einer Pflanze und ihre Kreuzungsbarrieren respektiert werden müssten. Daher ist z.B. die Entwicklung von cytoplasmatisch männlicher Sterilität durch Zellfusion, wie es teilweise zur Hybridherstellung, allerdings nicht bei Mais, eingesetzt wird, nicht erwünscht oder verboten.

Alternativen zu Hybridsorten gibt es bei Mais zur Zeit kaum. In der Beschreibenden Sortenliste des Bundessortenamtes (2015a) ist nur eine Populationsorte, Gelber Badischer Landmais, seit 1958 zugelassen. Als Erhaltungssorten zugelassen sind die Populationsorten Sankt Michaelis seit 2013, Weihenstephaner 1 seit 2014 und Alpenfex seit 2015 (Bundessortenamt 2016). Saatgut dieser Erhaltungssorten darf allerdings nur in der jeweiligen Region und in begrenzter Menge abgegeben werden (Bundessortenamt 2014).

Lange Zeit war die Zulassung von Populationsorten problematisch, da die Anforderungen an die Homogenität (SortSchG §1 1985) von Populationen nicht erfüllt werden. Mit der Bekanntmachung Nr. 11/15 des Bundessortenamtes (2015b) aufgrund eines Durchführungsbeschlusses der Kommission (Europäische Kommission 2014) sind die Zulassung und das Inverkehrbringen von Populationsorten versuchsweise bis 2018 möglich. Populationsorten können zugelassen werden, wenn sie sich durch bestimmte Parameter (die bei der Kreuzung zur Erzeugung der Population verwendeten Sorten oder Genotypen, das

zur Erzeugung der Population verwendete Kreuzungsschema, das Erzeugungsgebiet, den Grad der Heterogenität bei selbstbefruchtenden Arten, sowie die vom Erzeuger für die betreffende Population beschriebenen wesentlichen Eigenschaften wie Ertrag, Ertragsstabilität, Qualität, Nutzbarkeit für extensive Bewirtschaftungsformen oder Krankheitsresistenz) identifizieren lassen. Vom Bundessortenamt wird allerdings eine Höchstabgabemenge für Saatgut festgelegt um die Entwicklung eines Parallelmarktes zum herkömmlichen Saatgut zu verhindern. Die Populationssorten werden zudem in vergleichenden Feldversuchen vom Bundessortenamt getestet. Aufgrund der Erkenntnisse dieser Versuchsphase soll bewertet werden, ob das Inverkehrbringen von Populationssorten unter bestimmten Bedingungen grundsätzlich ermöglicht werden soll.

Um den zwei wesentlichen Herausforderungen des Maisanbaus unter ökologischen Bedingungen, zum einen dem hohen Unkrautdruck und zum anderen der Vermeidung von Hybridsorten, zu begegnen, wurden in dieser Arbeit folgende Teilprojekte untersucht:

1. Entwicklung von unkrauttoleranten Maishybriden
2. Blühbiologische Untersuchungen zur Entwicklung offen abblühender Maissorten



## Literaturverzeichnis

- Benke M, Martens R (2001) Hohe Ansprüche an Produktionstechnik und Anbaustrategie. In: Deutsches Maiskomitee (Hrsg.) Mais, Seine Rolle im Ökologischen Landbau. Bonn, S. 12-17.
- Bioland e.V. (2016) Bioland-Richtlinien\_14\_Maerz\_2016.pdf. <http://www.bioland.de/ueber-uns/richtlinien.html> (19.08.2016).
- Bundessortenamt (2016) Als Erhaltungssorte zugelassen. <http://www.bundessortenamt.de/internet30/index.php?id=180> (22.08.2016).
- Bundessortenamt (2015a) bsl\_getreide\_2016.pdf. <https://www.bundessortenamt.de/internet30/index.php?id=164> (22.08.2016).
- Bundessortenamt (2015b) Bekanntmachung Nr. 11/15 des Bundessortenamtes über die Zulassung von Populationen und das Inverkehrbringen von Saatgut von Populationen der Arten Hafer, Gerste, Weizen und Mais. <https://www.bundessortenamt.de/internet30/index.php?id=181> (22.08.2016).
- Bundessortenamt (2014) Kurzinformationen zu Erhaltungssorten. Bundessortenamt, Hannover.
- Burger H (2008) Methodenvergleich zur Entwicklung von Maissorten für den ökologischen Landbau. Diss. Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik der Universität Hohenheim, Stuttgart-Hohenheim. Diss. Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik der Universität Hohenheim, Stuttgart-Hohenheim.
- Debruck J (2001) Mechanischer Pflanzenschutz – Hacke und Striegel gehören zur Grundausrüstung. In: Deutsches Maiskomitee e.V. (Hrsg.) Mais, Seine Rolle im Ökologischen Landbau. Bonn, S. 18-23.
- Demeter e.V. (2015) demeter-richtlinien\_erzeugung\_gesamt\_2016.pdf. <http://www.demeter.de/fachwelt/landwirte/richtlinien/gesamtausgabe> (22.08.2016).
- Europäische Kommission (2014) Durchführungsbeschluss der Kommission vom 18. März 2014 über die Organisation eines zeitlich befristeten Versuchs, bei dem bestimmte Ausnahmen hinsichtlich des Inverkehrbringens von Populationen der Pflanzenarten Weizen, Gerste, Hafer und Mais gemäß der Richtlinie 66/402/EWG des Rates gewährt werden (Bekanntgegeben unter Aktenzeichen C(2014) 1681) (2014/150/EU). <http://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/?qid=1483437454614&uri=CELEX:32014D0150> (03.01.2017).
- Europäischer Rat (2007) EG-Öko-Basisverordnung VERORDNUNG (EG) Nr. 834/2007 DES RATES vom 28. Juni 2007 über die ökologische/biologische Produktion und die Kennzeichnung von ökologischen/biologischen Erzeugnissen und zur Aufhebung der Verordnung (EWG) Nr. 2092/91, ABl. Nr. L 189 vom 20.07.2007. [http://www.bmel.de/SharedDocs/Downloads/Landwirtschaft/OekologischerLandbau/834\\_2007\\_EG\\_eko-Basis-VO.html](http://www.bmel.de/SharedDocs/Downloads/Landwirtschaft/OekologischerLandbau/834_2007_EG_eko-Basis-VO.html) (23.03.2017).

- Graß R (2015) Experteninterview: Allgemeines zum Maisanbau. <https://www.oekolandbau.de/erzeuger/pflanzenbau/spezieller-pflanzenbau/hackfruechte/mais/interview-maisanbau-allgemein/> (07.07.2016).
- Heß J, Graß R (2001) Welche Restriktionen ergeben sich durch Richtlinien und Verordnungen? In: Deutsches Maiskomitee e.V. (Hrsg.) Mais, Seine Rolle im Ökologischen Landbau. Bonn, S. 6-11.
- Messmer M, Wilbois K-P (2011) Grundlagenpapier zur ökologischen Pflanzenzüchtung. In FiBL Deutschland e.V. und Zukunftsstiftung Landwirtschaft (Hrsg.) Ökologisch-partizipative Pflanzenzüchtung. Frankfurt am Main, S. 9-11.
- Mücke M (2015) Ökologischer Landbau: Ergebnisse der Sortenversuche Körnemaïs und Silomaïs 2015. <https://www.lwk-niedersachsen.de/index.cfm/portal/6/nav/346/article/28689.html> (08.07.2016).
- Naturland - Verband für ökologischen Landbau e. V. (2016) Naturland-Richtlinien\_Erzeugung.pdf. <http://www.naturland.de/de/naturland/richtlinien/228-naturland/naturland-e-v/richtlinien/richtlinien-erzeugung/553-erzeugung.html> (22.08.2016).
- Proplanta (2015) Sortenspektrum für Ökomaïs-Anbau erweitert. [http://www.proplanta.de/Agrar-Nachrichten/Bio-Landbau/Sortenspektrum-fuer-Oekomais-Anbau-erweitert\\_article1429258739.html](http://www.proplanta.de/Agrar-Nachrichten/Bio-Landbau/Sortenspektrum-fuer-Oekomais-Anbau-erweitert_article1429258739.html) (22.08.2016).
- Schmidt W (2009) Fünf Jahre Öko-Maïszüchtung – Erfahrungen und Perspektiven. Vortrag. Öko-Fachtagung, Seligenstadt, 08.01.2009. <https://www.kws.de/produkte/oeko/infothek/> (13.12.2017).
- Schmidt W, Burger H (2008) Ökozüchtung – für alle ein Gewinn. *bioland*: 7, S. 8-9.
- SortSchG §1 (1985) [http://www.gesetze-im-internet.de/sortschg\\_1985/index.html](http://www.gesetze-im-internet.de/sortschg_1985/index.html) (10.08.2016).
- SortSchG §10a (2) (1985) [http://www.gesetze-im-internet.de/sortschg\\_1985/index.html](http://www.gesetze-im-internet.de/sortschg_1985/index.html) (10.08.2016).
- Statistisches Bundesamt (2016a) Voraussichtliche Anbauflächen wichtiger Feldfrüchte zur Ernte 2016. [https://www.destatis.de/DE/ZahlenFakten/Wirtschaftsbereiche/LandForstwirtschaftFischerei/FeldfruechteGruenland/Tabellen/Voraussichtliche\\_Anbauflaeche\\_Feldfruechte.html;jsessionid=130FE5AB07AD84580C47E274BC7999DF.cae2](https://www.destatis.de/DE/ZahlenFakten/Wirtschaftsbereiche/LandForstwirtschaftFischerei/FeldfruechteGruenland/Tabellen/Voraussichtliche_Anbauflaeche_Feldfruechte.html;jsessionid=130FE5AB07AD84580C47E274BC7999DF.cae2) (19.08.2016).
- Statistisches Bundesamt (2016b) Ökologischer Landbau in Deutschland 2014: Ackerland und Dauergrünland. [https://www.destatis.de/DE/ZahlenFakten/Wirtschaftsbereiche/LandForstwirtschaftFischerei/FeldfruechteGruenland/Tabellen/OekologischesDauergruen\\_Ackerland2014.html](https://www.destatis.de/DE/ZahlenFakten/Wirtschaftsbereiche/LandForstwirtschaftFischerei/FeldfruechteGruenland/Tabellen/OekologischesDauergruen_Ackerland2014.html) (19.08.2016).
- Wilbois K-P (2011) Ökologisch-partizipative Pflanzenzüchtung. FiBL Deutschland e.V., Frankfurt am Main.

## 2 Entwicklung von unkrauttoleranten Maishybriden

### 2.1 Einleitung und Fragestellung

Unkraut ist das größte Problem im Maisanbau unter ökologischen Bedingungen (Benke und Martens 2001, Mücke 2015). Insbesondere bei Temperaturen  $<10^{\circ}\text{C}$  wächst die wärmeliebende C4-Pflanze Mais nur langsam und kann von Unkräutern, die an kühle Bedingungen besser angepasst sind, überwachsen werden (Beckmann und Kolbe 2002, Dierauer 2008). Wenn in der Jugendphase des Maises noch andauernder Niederschlag die maschinelle Unkrautregulierung erschwert, bleibt der Mais häufig in der Entwicklung hinter den Unkräutern zurück (Benke und Martens 2001, Goldstein et al. 2007). Aus Studien unter konventionellen Bedingungen wird z.B. bei Tollenaar et al. (1994b) von 17 % weniger Gesamt-trockenmasse (GTM) berichtet, wenn die natürliche Verunkrautung bis zum 5-7-Blattstadium des Maises nicht bekämpft wurde, und Kropff et al. (1984) berichten sogar von bis zu 82 % Ertragsrückgang in der GTM durch Konkurrenz von *Echinochloa crus-galli* P.B. (Hühnerhirse), wenn diese nicht bekämpft wurde. Bosnic und Swanton (1997) fanden einen Rückgang der Korntrockenmasse (KTM) von bis zu 57 % unter Konkurrenz durch Hühnerhirse gegenüber der unkrautfreien Kontrolle in einem Jahr mit überdurchschnittlich viel Niederschlag und suboptimaler Stickstoffversorgung. Laut Schmidt (*mündl. Mitteilung* 2011) kann es im Ökolandbau im Einzelfall zum totalen Ausfall des Maisbestandes kommen, wenn der Mais im Jugendstadium von Unkraut überwachsen und in Folge komplett verdrängt wird.

Es gibt einige Studien zur Konkurrenz zwischen Unkraut und Mais unter Bedingungen der konventionellen Landwirtschaft. So untersuchten z.B. Cumberland et al. (1971), Hall et al. (1992) und James et al. (2000) optimale Zeitpunkte für den Herbizideinsatz mit dem Ziel eines insgesamt verringerten Herbizideinsatzes. In Untersuchungen von z.B. Ford und Mt. Pleasant (1994) und Silva et al. (2010) wurde die Konkurrenzfähigkeit von verschiedenen, phänotypisch unterschiedlichen Maissorten gegenüber Unkraut getestet, um ihre Verwendbarkeit in Systemen mit reduzierter Unkrautbekämpfung zu prüfen. Bosnic und Swanton (1997) und Cavero et al. (1999) stellten Versuche zur Konkurrenzkraft von Mais gegenüber Hühnerhirse, die teilweise ein Problemunkraut ist, da sie chemisch nicht gut bekämpfbar ist, an. Rajcan und Swanton (2001) stellten fest, dass sich in der Unkrautforschung zu Mais der Schwerpunkt von der Herbizidtechnologie hin zu Untersuchungen der Grundlagen der Konkurrenz zu Unkräutern gewandelt hat. Aber obwohl Unkrautdruck eine der größten Herausforderungen in der ökologischen Landwirtschaft ist, wurde bisher wenig zu den Grundlagen der Unkrautkonkurrenz unter Bedingungen des ökologischen Landbaus geforscht (Bàrberi 2002). Vorhandene Untersuchungen beziehen sich vornehmlich auf Methoden der physikalischen Bekämpfung von Unkräutern.

Nutzpflanzen und Unkräuter konkurrieren grundsätzlich um die Faktoren Licht, Wasser und Nährstoffe (Kropff et al. 1984, Ford und Mt. Pleasant 1994, Tollenaar et al. 1994b, Rajcan und Swanton 2001). Der größte Unterschied zwischen konventioneller und ökologischer Landwirtschaft ist für den Faktor Nährstoffe zu erwarten. Die Nährstoffverfügbarkeit aus organischen Düngemitteln, die im Ökolandbau hauptsächlich verwendet werden, lässt sich aufgrund der stark von Umwelteinflüssen abhängenden Mineralisation weniger exakt kalkulieren als die von mineralischen Düngern. Daraus könnten z.B. für Nutzpflanzen mit hohem Stickstoffbedarf unter ungünstigen Umweltbedingungen (niedrige Temperaturen, Trockenheit, Staunässe) Nachteile gegenüber Unkräutern mit geringerem Stickstoffbedarf entstehen,

bzw. Unkräuter mit hohem Stickstoffbedarf könnten bei hohen Mineralisierungsraten vor der Hauptwachstumsphase des Mais profitieren.

In Anbauempfehlungen für Mais unter Ökolandbaubedingungen in Deutschland wird beschrieben, dass Mais im 2-8-Blattstadium (Benke und Martens 2001, Dierauer 2008) bzw. im 2-10-Blattstadium (Beckmann und Kolbe 2002) konkurrenzschwach ist und möglichst unkrautfrei gehalten werden sollte.

In Studien zur Konkurrenz von Mais und Unkräutern, die unter konventionellen Bedingungen durchgeführt wurden, zeigte sich bei Tollenaar et al. (1994a), dass bei einer Unkrautpflanzung zwischen 3 und 4-Blattstadium des Maises der KTM signifikant geringer war als in der unkrautfreien Kontrollvariante, während bei einer Unkrautpflanzung zwischen dem 5 und 7-Blattstadium und vorheriger Unkrautfreiheit sich der KTM nicht signifikant von der Kontrolle unterschied. Die GTM hingegen war in beiden Varianten gegenüber der Kontrolle signifikant reduziert. Hall et al. (1992) beobachteten eine „Kritische Periode für Unkrautkontrolle“ zwischen dem 3 und 14-Blattstadium des Maises, in der Unkraut kontrolliert werden musste, damit der Ertragsverlust 2 % nicht überstieg. Der Beginn dieser Periode war abhängig von der Unkrautdichte und Umweltfaktoren, aber über das 14-Blattstadium hinaus beeinträchtigte die Konkurrenz durch Unkraut den Ertrag nicht weiter. James et al. (2000) berichteten von Kornertragseinbußen, wenn 4 Wochen nach Auflaufen des Maises das Unkraut nicht bekämpft wurde und Cumberland et al. (1971) beschrieben, dass zwischen der 4. und 6. Woche nach Auflaufen des Maises Unkraut reguliert werden muss, um erhebliche Ertragsverluste zu verhindern.

Die Angaben, in welchem Zeitraum Mais frei von Unkraut gehalten werden sollte, damit es nicht zu Ertragseinbußen kommt, sind in den Studien unter konventionellen Bedingungen nicht konsistent. Im ökologischen Landbau muss beachtet werden, dass Unkräuter innerhalb der Maisreihen von Beginn an kontrolliert werden müssen, da sie mit späteren Pflegemaßnahmen nicht mehr zu bekämpfen sind (Debruck 2001). Bis ca. zum 7-8-Blattstadium sind Hackeinsätze und Anhäufeln zur Maisreihe möglich, danach würden auch die Maispflanzen in Mitleidenschaft gezogen werden (Debruck 2001, Mücke 2015). Nach dem 7-8-Blattstadium können die Maispflanzen aber durchaus noch anfällig gegenüber Unkräutern sein (Beckmann und Kolbe 2002, Hall et al. 1992).

Nach Bàrberi (2002) kann in der ökologischen Landwirtschaft die unmittelbare Unkrautbekämpfung durch physikalische Verfahren nur als ein Teil in einem systemischen Ansatz zur langfristigen Reduktion des Unkrautdrucks gesehen werden. Weitere Maßnahmen sind z.B. Fruchtfolge, Bodenbearbeitung, Untersaaten und die Wahl der Genotypen. Niemann (2000) beschreibt, dass sich „das Phänomen der sortengebundenen Unkrautunterdrückung“ in nahezu allen Kulturpflanzensortimenten finden lässt und durch gezielte Züchtung noch zu steigern sei. Ein hohes Unkrautunterdrückungsvermögen werde bedingt durch die Ausprägung der einzelnen Merkmale Deckungsgrad, Wuchshöhe (WH) und Wachstumsgeschwindigkeit der Kulturpflanze (Niemann 2000). Köpke (2000) beschreibt zudem, dass Sorten mit planophiler Blatthaltung insbesondere bei Reihenkultur Unkraut besser unterdrücken können, da sie die Reihenzwischenräume besser beschatten.

In der vorliegenden Arbeit sollen ausgehend von 90 Dent und 90 Flint Testhybriden der KWS SAAT SE in dreijährigen Feldversuchen Maishybriden mit einer hohen Unkrauttoleranz entwickelt werden. Die Genotypen werden in einer Variante mit Unkrautdruck und in einer unkrautfreien Variante getestet. Die natürlich vorkommenden Unkrautarten und der Grad der Verunkrautung sind jedoch je nach Jahr und

Ort unterschiedlich (Ghaouti et al. 2016) und unterscheiden sich auch innerhalb eines Feldes in Verteilung und Aufgang (Cerrudo et al. 2012). Um diese Problematik zu umgehen und eine über das ganze Versuchsfeld gleichmäßige Unkrautpopulation sowie eine Wiederholbarkeit über die Jahre zu gewährleisten wurde z.B. von Cerrudo et al. (2012) Weizen als Modellunkraut in Mais gesät. Ghaouti et al. (2015) nutzten Leindotter (*Camelina sativa*) in Ackerbohnen (*Vicia faba*). Von Verschwele (2014) wurde Gelbsenf (*Sinapis alba*) als Modellunkraut in Weizen und von Didon und Boström (2003) in Gerste (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*) verwendet und Goldstein et al. (2007) nutzen Sonnenblumen (*Helianthus annuus*) als Unkrautsimulation in Mais. Im vorliegenden Versuch wurde eine Untersaatmischung aus Winterroggen (*Secale cereale*), Wegwarte (*Cichorium intybus*) und Buchweizen (*Fagopyrum esculentum*) als Unkrautsimulation zwischen die Maisreihen gesät. Roggen keimt auch schon bei kühleren Temperaturen und könnte dadurch dem Mais in der frühen Wachstumsphase unter kühlen Witterungsbedingungen Konkurrenz machen. Wegwarte, Sorte „Grasslands Puna“, wird in Neuseeland als Futterpflanze genutzt. Sie ist trockentolerant und bildet breite Blätter in einer Blattrosette aus. Buchweizen kann eine hohe Wuchshöhe (WH) erreichen und Mais in späteren Wachstumsphasen Konkurrenz machen.

Die Unkrauttoleranz sollte indirekt durch die Erfassung des Kornertrags ohne und mit Konkurrenz durch die unkrautsimulierende Untersaat bestimmt werden. Auch Callaway (1992) beschreibt den Ertrag *per se* als wichtiges Maß für Toleranz gegenüber Unkrautdruck, wenn sortenspezifische Unkrauttoleranz zur Effizienz eines Anbausystems beitragen soll. Die Konkurrenzfähigkeit von Genotypen lässt sich nach Goldberg und Landa (1991) in zwei Komponenten einteilen, 1) den Konkurrenzeffekt (competitive effect), die Fähigkeit Unkraut zu unterdrücken, und 2) die Konkurrenzerwiderung (competitive response), die Fähigkeit sich nicht selbst durch Unkräuter unterdrücken zu lassen. Um zwischen den beiden Komponenten unterscheiden zu können, müssten z.B. umfangreiche Trockenmasseerfassungen der Unkraut simulierenden Untersaat über die Zeit oder Samenbankerfassungen durchgeführt werden. Da der Fokus in dieser Studie aber auf dem Screening von einer hohen Anzahl Maisgenotypen auf ihre Unkrauttoleranz hin lag, wurde mittels des Kornertrags der Maisgenotypen die Konkurrenzfähigkeit bzw. Unkrauttoleranz insgesamt erfasst. Als Maß für den Ertrag wurde der Kornertrag und nicht die GTM gewählt, da nur so in der Variante mit Untersaat eine maschinelle Ernte und somit die Untersuchung einer hohen Anzahl Genotypen möglich war.

Die Fragestellungen in diesem Projekt lauteten:

1. Lässt sich durch eine Untersaat aus Buchweizen, Wegwarte und Roggen Unkrautdruck simulieren?
2. Gibt es genotypische Varianz für Unkrauttoleranz zwischen den Maisgenotypen?
3. Ist eine Selektion mit Unkraut bzw. einer unkrautsimulierenden Untersaat notwendig, oder sind die Genotypen, die in der unkrautfreien Variante die höchsten Erträge zeigen, auch mit Unkrautkonkurrenz am ertragreichsten?

## **2.2 Material und Methoden**

### **2.2.1 Versuchsaufbau**

Für die Feldversuche im Jahr 2011 wurden von der KWS SAAT SE 90 Dent und 90 Flint Testhybriden erstellt, indem 90 Linien aus dem Dent Genpool mit einem Flint Tester und 90 Linien aus dem Flint Genpool mit einem Dent Tester gekreuzt wurden. Die Linien aus den beiden Genpools stellten das Ausgangsmaterial für die über drei Versuchsjahre zu entwickelnden Hybridsorten dar.

Im ersten Versuchsjahr 2011 wurden die 90 Dent und 90 Flint Testhybriden mit und ohne unkraut-simulierende Untersaat im Feldversuch geprüft. Aufgrund von Ertrags- und Reifedaten wurden die 22 besten Dent und Flint Testhybriden jeweils in den Varianten ohne und mit Untersaat selektiert. Die Dent und Flint Linien aus den selektierten Testkreuzungen wurden im Winterzuchtgarten der KWS SAAT SE in Chile und Puerto Rico mit neuen Testern gekreuzt um Testkreuzungssaatgut für die Feldversuche 2012 herzustellen. Die Dent Linien wurden jeweils mit einer Flint Linie und einer Flint Dreiwege-Hybride als Tester gekreuzt. Bei den Flint Linien ergaben die Kreuzungen mit dem Linien Tester nicht genügend Saatgut in guter Qualität, so dass nur Testkreuzungen mit einer Dent Dreiwege-Hybride als Tester im folgenden Jahr geprüft werden konnten. Im Jahr 2012 wurden die Testkreuzungen in der Variante geprüft, in der sie auch selektiert wurden, und wiederum nach Ertrags- und Reifedaten die jeweils sieben besten Dent und Flint Testkreuzungen je Variante selektiert. Im Winterzuchtgarten wurden die sieben Dent und Flint Linien, die ohne Untersaat selektiert wurden, und die sieben Dent und Flint Linien, die mit Untersaat selektiert wurden, jeweils faktoriell miteinander durchkreuzt um Experimentalhybriden herzustellen, die im Jahr 2013 jeweils in beiden Varianten angebaut wurden (Tab. 1).

### **2.2.2 Versuchsanlage**

Die Feldversuche wurden unter ökologischen Bedingungen (Europäischer Rat 2007) durchgeführt. Sie wurden im Jahr 2011 als 10x10 Gitteranlage mit zwei Wiederholungen an zwei Standorten (Göttingen und Wiebrechtshausen) angelegt. Alle Genotypen wurden mit und ohne unkrautsimulierende Untersaat angebaut. Im darauffolgenden Jahr 2012 wurden sie als 7x7 Gitteranlage mit vier Wiederholungen an vier Orten (Göttingen, Wiebrechtshausen, Grucking und Niederalteich) durchgeführt. In Grucking konnte die Untersaat nicht richtig etabliert werden, da es in der Nacht vor dem Aussaattermin heftig geregnet hatte und zu einem späteren Zeitpunkt nur die Aussaat mittels Düngerstreuer möglich war. Daher ging der Standort nicht mit in die Verrechnung ein. An allen anderen Standorten wurden die Prüfglieder in der Variante geprüft, in der die Linien im Jahr zuvor selektiert wurden. Im Jahr 2013 wurden die Versuche als 10x10 Gitter mit zwei Wiederholungen an drei Standorten (Göttingen, Wiebrechtshausen und Niederalteich) angelegt und alle Genotypen mit und ohne Untersaat getestet (Tab. 1). Zusätzlich wurde der Versuch 140 (ohne Untersaat) im Jahr 2013 an drei Standorten (Göttingen, Einbeck und Niederalteich) unter konventionellen Bedingungen durchgeführt. Die Versuche unter ökologischen Bedingungen in Niederalteich und die Versuche in Wiebrechtshausen waren durch die extremen Wetterbedingungen stark beeinträchtigt und konnten daher nicht in die Auswertung eingehen. Es konnten nicht alle selektierten Linien im Folgejahr getestet werden, da nicht alle Kreuzungen genügend Saatgut ergaben.

**Tab. 1 Versuchsaufbau**

Jahr	Design	Wdh	Standorte	Prüfglieder	Variante	Nr.
2011	10x10 Gitter	2	Göttingen und Wiebrechtsh.	90 FxT <sub>D1</sub>	ohne US	151
				„	mit US	152
				90 DxT <sub>F1</sub>	ohne US	153
				„	mit US	154
2012	7x7 Gitter	4	Göttingen, Wie- brechtsh*, (Grucking,) und Niederalteich	21 FxT <sub>D2</sub> und 18 DxT <sub>F2</sub> (F aus 151, D aus 153)	ohne US	157
				21 FxT <sub>D2</sub> und 19 DxT <sub>F3</sub> (F aus 151, D aus 153)	ohne US	158
				20 FxT <sub>D2</sub> und 17 DxT <sub>F2</sub> (F aus 152, D aus 154)	mit US	159
				20 FxT <sub>D2</sub> und 19 DxT <sub>F3</sub> (F aus 152, D aus 154)	mit US	160
2013	10x10 Gitter	2	Göttingen, (Wiebrechtsh.) (Niederalteich)	20 DxT (aus 157 und 158) und 22 DxT (aus 159 und 160)	ohne US	140*
				„	mit US	141

Wdh=Wiederholungen, Wiebrechtsh.=Wiebrechtshausen, \*=Die Versuche waren in Edesheim in 3 km Entfernung zu Wiebrechtshausen, (Ort)=Ort ging nicht in die Verrechnung ein, F=Flint, D=Dent, T=Tester, T<sub>D1</sub>=3-Wege-Dent-Hybride, T<sub>F1</sub>=Einfach-Flint-Hybride, T<sub>D2</sub>=3-Wege-Dent-Hybride, T<sub>F2</sub>=3-Wege-Flint-Hybride, T<sub>F3</sub>=Flint Linie, US=Untersaat, 140\*=Der Versuch wurde zusätzlich unter konventionellen Bedingungen durchgeführt.

Die Düngemaßnahmen erfolgten ortsüblich. An den ökologischen Standorten erfolgten sie gemäß den Vorgaben für die Bewirtschaftung im Ökologischen Landbau (Europäischer Rat 2007). In Göttingen wurden Hornspäne und Haarmehlpellets, in Wiebrechtshausen Champignon Kompost als Dünger vor der Aussaat verwendet. Die Maisaussaat erfolgte mit Parzellentechnik der Firma Kuhn im Einzelkornverfahren. Die Parzellengröße betrug 9m<sup>2</sup> (1,5 x 6 m) und es wurden zwei Reihen Mais mit jeweils 48 Pflanzen (10,66 Pflanzen/m<sup>2</sup>) bei einem Reihenabstand von 75 cm auf ca. 3-5 cm Tiefe abgelegt. Auflaufendes Unkraut wurde bis zur Einsaat der Untersaat sowohl zwischen als auch in den Maisreihen mechanisch und manuell bekämpft. Die Untersaat bestand aus einer Mischung aus Winterroggen (*Secale cereale*, Sorte „Vitallo“), Wegwarte (*Cichorium intybus*, Sorte „Grasslands Puna“) und Buchweizen (*Fagopyrum esculentum*, Handelsaatgut). Die Untersaatmischung wurde in drei Reihen mit zehn cm Reihenabstand zueinander mittig zwischen die Maisreihen und einreihig links bzw. rechts vom Mais zur jeweils nächsten Parzelle hin mit Parzellentechnik der Firma Haldrup in 2 cm Tiefe gedrillt. Der Abstand zu den Maisreihen betrug dabei 23 cm (Abb. 1). Es wurden 170 Körner/m<sup>2</sup> Roggen, 270 Körner/m<sup>2</sup> Wegwarte und 125 Körner/m<sup>2</sup> Buchweizen gedrillt. Ende April/Anfang Mai wurden der Mais und vier – fünf Wochen später die Untersaat ausgesät. Aussaat- und Erntetermine sowie Standortbedingungen sind im Anhang (Tab. 1A) dargestellt.



**Abb. 1 Untersaatmischung aus Buchweizen, Roggen und Wegwarte 14 Tage (links) und acht Wochen (rechts) nach der Aussaat in Wiebrechtshausen (Ortsteil Edesheim) 2012**

### 2.2.3 Pflanzenmaterial

Bei dem verwendeten Pflanzenmaterial handelte es sich um aktuelles Zuchtmaterial aus dem Ökomaiszuchtprogramm der KWS Saat SE. Es wurden DH-Linien aus dem Dent und dem Flint Genpool mit überwiegend mittelfrüher Abreife (K230 bis K250 bzw. S230 bis S250) untersucht. Einige Linien stammten auch aus dem frühen (K220 / S220 und früher) bzw. dem mittelspäten Reifebereich (K260 / S260 und später). Die DH-Linien wurden 2011 und 2012 in einer Kreuzung mit verschiedenen Testern geprüft (Tab. 1). Im Versuchsjahr 2013 wurden Experimentalhybriden aus Kreuzungen dieser Dent und Flint DH-Linien angebaut (Tab. 2). Dent Linien wurden immer als Mutterpflanzen und Flint Linien als Bestäuber verwendet. Zusätzlich wurden in jedem Versuch Standardprüfglieder, bestehend aus aktuellen Hybrid-sorten der KWS Saat SE und Kreuzungen der als Tester verwendeten Genotypen mit Standardlinien der Firma angebaut, um die Testkreuzungen mit dem aktuellen Material vergleichen zu können (Tab. 3). Da es teilweise Probleme bei der Saatgutherstellung gab, konnten nicht alle geplanten Testkreuzungen geprüft werden. Im Jahr 2012 konnten die Flint Linien 57 und 61 sowie die Dentlinien 20, 25, 51 und 90, die 2011 selektiert worden waren (Tab. 16), nicht geprüft werden. Von den im Jahr 2012 selektierten Flint und Dent Linien fehlten die Flint Linien 41 und 62 und die Dent Linien 9, 16 und 62. Es konnten zudem nicht alle Dent x Flint-Kombinationen geprüft werden (Tab. 2 und 24)



**Tab. 2 Experimentalhybriden im Jahr 2013**

Prüfgliedbezeichnung	Dentnr.	Flintnr.	Selektionsgruppe
<b>02.56</b>	2	56	ohne US selektiert
<b>19.56</b>	19	56	ohne US selektiert
33.56	33	56	ohne US selektiert
<b>58.56</b>	58	56	ohne US selektiert
19.60	19	60	ohne US selektiert
33.60	33	60	ohne US selektiert
64.60	64	60	ohne US selektiert
17.63	17	63	ohne US selektiert
19.63	19	63	ohne US selektiert
33.63	33	63	ohne US selektiert
64.63	64	63	ohne US selektiert
<b>02.70</b>	2	70	ohne US selektiert
<b>19.70</b>	19	70	ohne US selektiert
33.70	33	70	ohne US selektiert
64.70	64	70	ohne US selektiert
<b>02.90</b>	2	90	ohne US selektiert
17.90	17	90	ohne US selektiert
<b>19.90</b>	19	90	ohne US selektiert
33.90	33	90	ohne US selektiert
64.90	64	90	ohne US selektiert
<b>02.56</b>	2	56	mit US selektiert
13.56	13	56	mit US selektiert
18.56	18	56	mit US selektiert
<b>19.56</b>	19	56	mit US selektiert
<b>58.56</b>	58	56	mit US selektiert
02.66	2	66	mit US selektiert
13.66	13	66	mit US selektiert
19.66	19	66	mit US selektiert
58.66	58	66	mit US selektiert
<b>02.70</b>	2	70	mit US selektiert
13.70	13	70	mit US selektiert
<b>19.70</b>	19	70	mit US selektiert
02.71	2	71	mit US selektiert
13.71	13	71	mit US selektiert
19.71	19	71	mit US selektiert
02.73	2	73	mit US selektiert
13.73	13	73	mit US selektiert
19.73	19	73	mit US selektiert
58.73	58	73	mit US selektiert
<b>02.90</b>	2	90	mit US selektiert
13.90	13	90	mit US selektiert
<b>19.90</b>	19	90	mit US selektiert

US=Untersaat, in Fett-Schrift sind Prüfglieder dargestellt, die in beiden Selektionsgruppen vorkamen.

**Tab. 3 Standardprüfglieder in den Versuchen von 2011 bis 2013**

Jahr	Versuch	Anzahl	Bezeichnung
2011	151/152	4	Standardlinien x Tester (T <sub>D1</sub> )
		1	Ricardinio
		1	Grosso
		1	Ronaldinio
		1	Ambrosini
		1	Colisee
		1	Silvinio
		3	Standardlinien x Tester (T <sub>F1</sub> )
	153/154	1	KXA0145
		1	Ricardinio
		1	Grosso
		1	Ronaldinio
		1	Ambrosini
		1	Colisee
1		Silvinio	
4		Standardlinien x Tester (T <sub>F2</sub> )	
2012	157/159	2	Standardlinien x Tester (T <sub>D2</sub> )
		1	Ricardinio
	158	2	Standardlinien x Tester (T <sub>F3</sub> )
		3	Standardlinien x Tester (T <sub>D2</sub> )
	160	1	Ricardinio
		2	Standardlinien x Tester (T <sub>F3</sub> )
		2	Standardlinien x Tester (T <sub>D2</sub> )
		1	Ricardinio
2013	140/141	2	Ricardinio
		2	Grosso
		2	Tester (T <sub>F3</sub> ) x Tester (T <sub>D2</sub> )
		2	Tester(T <sub>F3</sub> ) Standardlinie x Standardlinie

T<sub>D1</sub>=3-Wege-Dent-Hybride (Tester 2011), T<sub>F1</sub>=Einfach-Flint-Hybride (Tester 2011), T<sub>F2</sub>=3-Wege-Flint-Hybride (Tester 2012), T<sub>D2</sub>=3-Wege-Dent-Hybride (Tester2012), T<sub>F3</sub>=Flint Linie (Tester2012)

## 2.2.4 Erfasste Merkmale

Neben den üblichen Leistungseigenschaften wie Kornertrag und Komtrockensubstanz (KTS) wurden noch weitere Merkmale erfasst um Unterschiede in der Unkrauttoleranz zwischen den Genotypen feststellen zu können (Tab. 4).

**Tab. 4 Erfasste Merkmale an den Orten Göttingen und Wiebrechtshausen in den Varianten ohne und mit Untersaat in den Jahren 2011 bis 2013**

Merkmal	ohne Untersaat						mit Untersaat					
	Göttingen			Wiebrechts- hausen			Göttingen			Wiebrechts- hausen		
	11	12	13	11	12	13	11	12	13	11	12	13
Jugendentwicklung		X	X		X	X		X	X		X	X
Untersaat							X	X	X	X	X	X
Unkrautbesatz								X			X	
SPAD-Werte	X	X°	X	X	X°	X	X	X°	X	X	X°	X
PAR (%)		X			X							
Blattstellung			X*			X*						
Blüte (Tage)	X		X	X	X	X	X		X	X		X <sup>+</sup>
Anzahl Pflanzen	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
Wuchshöhe (cm)	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
KFM (kg/9 <sup>2</sup> )	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
KTS (%)	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X

Jugendentwicklung: Boniturnoten 1-9, wobei 1 für die geringste und 9 für die höchste Ausprägung steht

Untersaat: Boniturnoten 1-9, wobei 1 für die geringste und 9 für die höchste Ausprägung steht

Unkrautbesatz: Anzahl Unkräuter/Parzelle in der Untersaat

SPAD-Werte: Die SPAD-Werte wurden mit dem SPAD-502 Chlorophyll Meter (Konica Minolta Optics Inc., Osaka, Japan) bestimmt. Je Parzelle wurde an zehn Pflanzen am Blatt unterhalb des Kolbens zur Blüte der SPAD-Wert gemessen.

°Die SPAD-Werte wurden in den Versuchen 157 und 158, sowie 159 und 160 in Wiebrechtshausen nur in 2 von 4 Wiederholungen gemessen (Göttingen 159 und 160 in allen 4 Wiederholungen).

PAR (%): Mit dem SunScan Canopy Analysis System (Delta-T Devices Limited, Cambridge, U.K.) wurde die Interzeption photosynthetisch aktiver Strahlung 1 x oberhalb des Bestandes gemessen und 3 x innerhalb, wobei der Messsensor parallel zu den Maisreihen positioniert wurde. Es wird der Mittelwert der 3 Messungen in % des Wertes über dem Bestand angegeben.

Die Messungen fanden am 09.07.2012 (Wiebrechtshausen) und 23.07.2012 (Göttingen) zwischen 11:30 und 14:30 Uhr statt.

Die Messkonstante Absorption wurde auf 0,85, die Ellipsoidale Leaf Angle Distribution Parameter auf 1 gesetzt.

Blattstellung: Boniturnote 3 für erectophile, 7 für planophile Blätter und 5 für einen Mitteltyp

\*Die Blattstellung wurde nur in den Versuchen unter konventionellen Bedingungen bonitiert, am 11.07.2013 in Göttingen und am 13.07.2013 in Einbeck.

Blüte: Tage nach der Aussaat, an denen 25% der Pflanzen je Parzelle die Nabenfäden geschoben hatten

<sup>+</sup> Angegeben wurden der prozentuale Anteil der Pflanzen, die die Nabenfäden am 07.08.2013 geschoben hatten.

Anzahl Pflanzen zur Ernte

KFM: Kornfrischmasse (kg/9m<sup>2</sup>), bei der Ernte vom Parzellendrescher gewogen

KTS: Korntrockensubstanz (%), bei der Ernte vom Parzellendrescher per NIRS (Nahinfrarotspektroskopie) erfasst

Für die Standorte Grucking und Niederalteich wurden nur Kornfrischmasse (KFM) und KTS ermittelt. An den Standorten Göttingen und Einbeck unter konventioneller Bewirtschaftung wurde die Jugendentwicklung und Blattstellung bonitiert sowie WH, KFM und KTS erfasst.

Die KTM wurde für einen KTS von 86% in dt/ha aus KFM und gemessener KTS errechnet. In Parzellen, in denen weniger als 40% der angestrebten Pflanzenzahl von 96 Pflanzen pro Parzelle, also weniger als 38 Pflanzen, standen, wurden der Ertrag und die KTS durch fehlende Werte ersetzt. Für alle übrigen Parzellen wurde der Ertrag korrigiert, da die teilweise erheblichen Unterschiede in der Anzahl Pflanzen pro Parzelle und damit des Ertrages nicht auf genetische Unterschiede zwischen den Prüfgliedern sondern auf Vogelfraß oder Probleme bei der Saatgutqualität zurückzuführen waren. Der Ertrag wurde nach folgender Formel korrigiert:

$$KTM_k = KTM + (96 - \text{AnzPfl}) * \text{KorFak} * (KTM_{86\%} / \text{AnzPfl}) \quad (1)$$

Darin sind:

KTM <sub>k</sub>	nach Anzahl Pflanzen korrigierter Korntrockenmasseertrag in dt/ha
KTM	Korntrockenmasseertrag für einen KTS von 86%
96	Anzahl Soll-Pflanzen pro Parzelle
AnzPfl	Anzahl Ist-Pflanzen pro Parzelle
KorFak	Korrekturfaktor 1,0– 0,1

Eine Korrektur wurde durchgeführt, da fehlenden Pflanzen nicht unbedingt zu 100 % ausgeglichen werden müssen, da die restlichen Maispflanzen in der Parzelle zu einem Teil Fehlstellen kompensieren können, da ihnen mehr Nährstoffe, Licht und Wasser zur Verfügung stehen. Zur Ermittlung der Korrekturfaktoren wurden in 0,1 Abstufungen die Werte von 1,0, d.h. jede fehlende Pflanze wurde zu 100 % ersetzt, bis 0,1, d.h. eine fehlende Pflanze wurde nur zu 10 % ersetzt, getestet. Für weitere Verrechnungen wurde dann der KTM korrigiert mit dem Korrekturfaktor genutzt, bei dem die phänotypische Korrelation zwischen der KTM<sub>k</sub> und der Anzahl Pflanzen die geringste nicht signifikante Ausprägung aufwies. Für jeden Versuch bzw. jede Materialgruppe innerhalb eines Versuches wurde der optimale Korrekturfaktor separat nach dem beschriebenen Verfahren ermittelt (Tab. 5).

**Tab. 5 Korrekturfaktoren für den Korntrockenmasseertrag zum Ausgleich fehlender Pflanzen in den Versuchen zur Entwicklung unkrauttoleranter Maishybriden 2011 - 2013**

Jahr	Versuch	Material	Selektion	Variante	Korrekturfaktoren	
					Göttingen	Wiebrechtshausen
2011	151	FxT <sub>D1</sub>	unselektiert	ohne US	1,0	0,4
	152	FxT <sub>D1</sub>	unselektiert	mit US	0,7	0,6
	153	DxT <sub>F1</sub>	unselektiert	ohne US	0,5	0,6
	154	DxT <sub>F1</sub>	unselektiert	mit US	1,0	0,6
2012	157	FxT <sub>D2</sub>	ohne US sel.	ohne US	0,8	0,4
	157	DxT <sub>F2</sub>	ohne US sel.	ohne US	0,7	1,0
	158	FxT <sub>D2</sub>	ohne US sel.	ohne US	0,5	0,5
	158	DxT <sub>F3</sub>	ohne US sel.	ohne US	0,4	0,7
	159	FxT <sub>D2</sub>	mit US sel.	mit US	0,4	0,3
	159	DxT <sub>F2</sub>	mit US sel.	mit US	1,0	0,6
	160	FxT <sub>D2</sub>	mit US sel.	mit US	0,7	0,5
	160	DxT <sub>F3</sub>	mit US sel.	mit US	0,2	0,8
2013	140	Exp.Hyb.	ohne US sel.	ohne US	0,2	(0,3)
	140	Exp.Hyb.	mit US sel.	ohne US	0,2	(0,3)
	141	Exp.Hyb.	ohne US sel.	mit US	0,6	(0,8)
	141	Exp.Hyb.	mit US sel.	mit US	0,6	(0,8)

F=Flint, D=Dent, T=Tester, T<sub>D1</sub>=3-Wege-Dent-Hybride, T<sub>F1</sub>=Einfach-Flint-Hybride, T<sub>D2</sub>=3-Wege-Dent-Hybride, T<sub>F2</sub>=3-Wege-Flint-Hybride, T<sub>F3</sub>=Flint Linie, Exp.Hyb.=Experimentalhybriden, US=Untersaat, sel.=selektiert, ()=Versuche gingen nicht in die Auswertung ein

In den Versuchen 159 und 160 in Göttingen in 2012 trat ein Düngefehler auf. Die Versuche waren so angelegt, dass immer 20 Parzellen nebeneinander in einem Beet waren und je Versuch zehn Beete übereinander, also je Versuch 200 Parzellen und darum herum noch Randparzellen. Auf die eine Seite der Versuche 159 und 160 wurden auf die 4,5 Parzellen am westlichen Rand der Beete weniger Düngemittel ausgebracht als auf die restlichen Parzellen. Mit dem Programm SigmaPlot 11 (Systat Software Inc. 2008) wurden Mittelwertvergleiche ( $p < 0,05$ ) zwischen den Gruppen der voll gedüngten Parzellen und den Parzellen, die zur Gänze weniger Dünger bekommen hatten, für jedes Merkmal in jeder Wiederholung durchgeführt. Der Mittelwertvergleich wurde mittels t-Test, bzw. bei fehlender Normalverteilung oder ungleicher Varianz zwischen den beiden Gruppen, einem Mann-Whitney-Rangsummentest durchgeführt. Bei einem signifikanten Unterschied zwischen den Gruppen, wurde den Parzellen, die voll betroffen waren die ganze Differenz und den Parzellen, die nur zur Hälfte weniger gedüngt worden waren, die Hälfte der Differenz dazugerechnet

### **2.2.5 C/N-Analyse**

Für die Kohlenstoff/Stickstoff (C/N) Analyse wurden von ausgewählten Parzellen, die gleichmäßig über die Versuchsfläche verteilt waren, Pflanzenproben von der Untersaat und dem Mais in den Varianten mit und ohne Untersaat genommen (3-5 Prüfglieder). Die Ernte der Untersaat erfolgte in den Jahren 2011 und 2012 Mitte September und im Jahr 2013 Ende August bevor sie abstarb. Die Mais-Einzelpflanzen-ernte fand kurz vor der Ernte mit dem Parzellendrescher Ende Oktober/Anfang November statt. Die Untersaat wurde auf einem Meter Länge zwischen den beiden Maisreihen einer Parzelle, also 0,6 m<sup>2</sup>, oberirdisch komplett geerntet. Für die Maisproben wurden 4 Pflanzen je Parzelle kurz über dem Boden abgeschnitten. Die Probe wurde anschließend in Kolben und Spross inklusive Lieschblättern aufgeteilt. Im Jahr 2011 wurde der komplette Kolben mit Körnern und Spindel zerkleinert und analysiert, in der folgenden Jahren 2012 und 2013 wurden nur die Körner für die C/N-Analyse herangezogen. Die Proben wurden bei 60 °C getrocknet und anschließend auf eine Partikelgröße von  $\leq 0,20$  mm gemahlen. Zwei Aliquots von ca. 20 mg je Probe wurden nach Dumas mit einem CN Analysator, Typ „vario EL“ (Elementar Analysensysteme GmbH) analysiert. Das Verbrennungsrohr ist bei 950°C und das Reduktionsrohr bei 500°C gelaufen.

### **2.2.6 Statistische Auswertung**

Die Verrechnung der erhobenen Daten wurde mit dem Programm PLABSTAT, Version 3Awin (Utz, 2011) durchgeführt. Zunächst wurden die einzelnen Versuche als Gitter ausgewertet (Tab. 1). Mit den gitteradjustierten Mittelwerten wurden die Serienverrechnungen vorgenommen. Dabei sind die Fehlervarianzen aus der Gitterverrechnung als gepoolter Fehler in die Serienverrechnung eingegangen. Zur Bestimmung der optimalen Korrekturfaktoren des Ertrages bezüglich der fehlenden Pflanzen wurden in den Jahren 2012 und 2013 die adjustierten Parzellenwerte jeder Materialgruppen in jedem Versuch nochmals einzeln mit dem LATTICE-Befehl von PLABSTAT als einfache Blockanlage verrechnet und die daraus resultierenden Fehlervarianzen und Mittelwerte für die weitere Verrechnung genutzt.

Im Jahr 2011 wurde zunächst eine Verrechnung je Ort mit Genotypen und Varianten als fixen Faktoren nach folgendem Modell durchgeführt:

$$x_{ij} = \mu + g_i + v_j + gv_{ij} + e_{ij} \quad (2)$$

Darin sind:

$x_{ij}$	adjustierter Mittelwert des i-ten Genotyps in der j-ten Variante
$\mu$	Versuchsmittelwert
$g_i$	Effekt des i-ten Genotyps
$v_j$	Effekt der j-ten Variante
$gv_{ij}$	Effekt der Interaktion von i-tem Genotyp und j-ter Variante
$e_{ij}$	Restfehler (aus den einzelnen Gitterverrechnungen)

Danach erfolgte eine Verrechnung über die Orte, wobei die Orte als zufällige Faktoren behandelt wurden, nach folgendem gemischtem Modell:

$$x_{ijk} = \mu + g_i + v_j + o_k + gv_{ij} + go_{ik} + vo_{jk} + gvo_{ijk} + e_{ijk} \quad (3)$$

Darin sind:

$x_{ijk}$	adjustierter Mittelwert des i-ten Genotyps in der j-ten Variante am k-ten Standort
$\mu$	Versuchsmittelwert
$g_i$	Effekt des i-ten Genotyps
$v_j$	Effekt der j-ten Variante
$o_k$	Effekt des k-ten Standortes
$gv_{ij}$	Effekt der Interaktion von i-tem Genotyp und j-ter Variante
$go_{ik}$	Effekt der Interaktion von i-tem Genotyp und k-tem Standort
$vo_{jk}$	Effekt der Interaktion von j-ter Variante und k-tem Standort
$gvo_{ijk}$	Effekt der Interaktion von i-tem Genotyp, j-ter Variante und k-tem Standort
$e_{ijk}$	Restfehler (aus den einzelnen Gitterverrechnungen)

Für die Selektion erfolgte eine Verrechnung der einzelnen Materialgruppen je Variante über die Orte, wobei die Genotypen als fixe und die Orte als zufällige Faktoren in folgendes Modell eingingen:

$$x_{ik} = \mu + g_i + o_k + go_{ik} + e_{ik} \quad (4)$$

Darin sind:

$x_{ik}$	adjustierter Mittelwert des i-ten Genotyps am k-ten Standort
$\mu$	Versuchsmittelwert
$g_i$	Effekt des i-ten Genotyps
$o_k$	Effekt des k-ten Standortes
$go_{ik}$	Effekt der Interaktion von i-tem Genotyp und k-tem Standort

$e_{ik}$  Restfehler (aus den einzelnen Gitterverrechnungen)

Im Jahr 2012 wurden die Flint und die Dent Testkreuzungen nach verschiedenen Modellen verrechnet. Die Dent Linien wurden in Kreuzung mit zwei verschiedenen Testern geprüft, für die Flint Linien hatte nur die Kreuzung mit einem Tester ausreichend viel Saatgut ergeben. Die Flint Testkreuzungen mit dem einen Tester wurden daher in doppeltem Umfang in zwei Blöcken angebaut. In die Verrechnungen gingen Genotypen und Tester (Dent Testkreuzungen) bzw. Blöcke (Flint Testkreuzungen) als fixe und Standorte als zufällige Faktoren ein. Die Verrechnung der Flint Testkreuzungen wurde nach folgendem gemischtem Modell durchgeführt:

$$x_{ikl} = \mu + o_k + b_{kl} + g_i + go_{ik} + gb_{ikl} + e_{ikl} \quad (5)$$

Darin sind:

$x_{ikl}$  adjustierter Mittelwert des i-ten Genotyps im l-ten Block am k-ten Standort  
 $\mu$  Versuchsmittelwert  
 $o_k$  Effekt des k-ten Standortes  
 $b_{kl}$  Effekt des l-ten Blocks am k-ten Standort  
 $g_i$  Effekt des i-ten Genotyps  
 $go_{ik}$  Effekt der Interaktion von i-tem Genotyp und k-tem Standort  
 $gb_{ikl}$  Effekt der Interaktion von i-tem Genotyp und l-tem Block am k-ten Standort  
 $e_{ikl}$  Restfehler (aus den einzelnen Gitterverrechnungen)

Die Verrechnung der Dent Testkreuzungen wurde nach folgendem gemischtem Modell durchgeführt:

$$x_{ikm} = \mu + o_k + t_m + ot_{km} + g_i + go_{ik} + gt_{im} + got_{ikm} + e_{ikm} \quad (6)$$

Darin sind:

$x_{ikm}$  adjustierter Mittelwert des i-ten Genotyps mit dem m-ten Tester am k-ten Standort  
 $\mu$  Versuchsmittelwert  
 $o_k$  Effekt des k-ten Standortes  
 $t_m$  Effekt des m-ten Testers  
 $ot_{km}$  Effekt der Interaktion von k-tem Standort und m-tem Tester  
 $g_i$  Effekt des i-ten Genotyps  
 $go_{ik}$  Effekt der Interaktion von i-tem Genotyp und k-tem Standort  
 $gt_{im}$  Effekt der Interaktion von i-tem Genotyp und m-tem Tester  
 $got_{ikm}$  Effekt der Interaktion von i-tem Genotyp, k-tem Standort und m-tem Tester  
 $e_{ikm}$  Restfehler (aus den einzelnen Gitterverrechnungen)



Im Jahr 2013 konnte von den Versuchen unter ökologischen Bedingungen nur der Standort Göttingen ausgewertet werden. Zudem wurden der Versuch ohne Untersaat in konventioneller Anbauweise an den drei Standorten Göttingen, Einbeck und Niederalteich verrechnet. Einige Genotypen waren doppelt in den Versuchen angelegt, da sie in beiden Varianten selektiert worden waren. Bei diesen Genotypen wurden die adjustierten Parzellenwerte gemittelt und diese Mittelwerte für die weiteren Verrechnungen benutzt. Zunächst wurden die Versuche getrennt nach Varianten und je Ort mit Genotypen und Selektionsgruppen als fixen Faktoren nach folgendem Modell verrechnet:

$$x_{in} = \mu + s_n + g_{in} + e_{in} \quad (7)$$

Darin sind:

$x_{in}$	adjustierter Mittelwert des i-ten Genotyps innerhalb der n-ten Selektionsgruppe
$\mu$	Versuchsmittelwert
$s_n$	Effekt der n-ten Selektionsgruppe
$g_{in}$	Effekt des i-ten Genotyps innerhalb der n-ten Selektionsgruppe
$e_{in}$	Restfehler (aus den einzelnen Gitterverrechnungen)

Danach erfolgte für den Versuch unter ökologischen Bedingungen nach folgendem Modell eine Verrechnung über die Varianten hinweg, wobei alle Faktoren als fix definiert wurden:

$$x_{ijn} = \mu + v_j + s_n + g_{in} + vs_{jn} + vg_{ijn} + e_{ijn} \quad (8)$$

Darin sind:

$x_{ijn}$	adjustierter Mittelwert des i-ten Genotyps innerhalb der n-ten Selektionsgruppe in der j-ten Variante
$\mu$	Versuchsmittelwert
$v_j$	Effekt der j-ten Variante
$s_n$	Effekt der n-ten Selektionsgruppe
$g_{in}$	Effekt des i-ten Genotyps innerhalb der n-ten Selektionsgruppe
$vs_{jn}$	Effekt der Interaktion der j-ten Variante mit der n-ten Selektionsgruppe
$vg_{ijn}$	Effekt der Interaktion der j-ten Variante mit dem i-ten Genotyp innerhalb der n-ten Selektionsgruppe
$e_{ijn}$	Restfehler (aus den einzelnen Gitterverrechnungen)

Die konventionellen Versuche wurden zunächst nach Selektionsgruppen getrennt über die Orte hinweg verrechnet (s. Modell (4)). Danach wurde ein Vergleich beider Selektionsgruppen mit Orten als zufälligen und Genotypen und Selektionsgruppen als fixen Faktoren nach folgendem Modell gerechnet:

$$x_{ikn} = \mu + o_k + s_n + g_{in} + os_{kn} + og_{ikn} + e_{ikn} \quad (9)$$

Darin sind:

$x_{in}$	adjustierter Mittelwert des i-ten Genotyps innerhalb der n-ten Selektionsgruppe am k-ten Standort
$\mu$	Versuchsmittelwert
$o_k$	Effekt des k-ten Standortes
$s_n$	Effekt der n-ten Selektionsgruppe
$g_{in}$	Effekt des i-ten Genotyps innerhalb der n-ten Selektionsgruppe
$os_{kn}$	Effekt der Interaktion von k-tem Standort und n-ter Selektionsgruppe
$og_{ikn}$	Effekt der Interaktion von k-tem Standort und i-tem Genotyp innerhalb der n-ten Selektionsgruppe
$e_{ikn}$	Restfehler (aus den einzelnen Gitterverrechnungen)

Die Wiederholbarkeit eines einzelnen Parzellenwertes in % wird von PLABSTAT bei der Gitterverrechnung ausgegeben und folgendermaßen berechnet:

$$\text{Wdh\%} = \text{Var.komp. Prüfgl.} / (\text{Var.komp. Prüfgl.} + \text{eff. Fehlervarianz}) \quad (10)$$

Darin sind:

Wdh%	Wiederholbarkeit eines einzelnen Parzellenwertes in %
Var.komp. Prüfgl.	Varianzkomponente der Prüfglieder
Eff. Fehlervarianz	effektive Fehlervarianz

Die Heritabilität wurde nach folgender Formel berechnet:

$$h^2 = \sigma_g^2 / \sigma_p^2 = \sigma_g^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_{go}^2 / O + \sigma_e^2 / OR) \quad (11)$$

Darin sind:

$h^2$	Heritabilität im weiteren Sinn
$\sigma_g^2$	genotypische Varianz
$\sigma_p^2$	phänotypische Varianz
$\sigma_{go}^2$	Varianz der Genotyp-Ort-Interaktion
O	Anzahl Orte
$\sigma_e^2$	Fehlervarianz
R	Anzahl Wiederholungen

Zur Berechnung der Korrelationen wurde der Spearman Korrelationskoeffizient verwendet.

### 2.2.7 Selektion

Die Selektion wurde anhand von Mittelwerten der KTMk und KTS über die Orte vorgenommen. Im Jahr 2012 wurden zusätzlich die Daten der beiden Tester bzw. Blöcke gemittelt. Um den Effekt auszugleichen, dass frühe Genotypen, also solche mit einer hohen KTS, einen geringeren Ertrag realisieren können als späte Genotypen, die eine längere Vegetationsdauer nutzen, wurde der Selektion ein Index zugrunde gelegt:

$$\text{Index} = \text{KTMk} - 2,5 * \text{KTS} \quad (12)$$

Somit wird gewährleistet, dass auch frühe Genotypen mit gutem Abreifeverhalten selektiert werden.

Die Selektion wurde anhand von Diagrammen durchgeführt, in denen auf der Abszisse die KTS (%) und auf der Ordinate die KTMk (dt/ha) dargestellt wurde. In das Diagramm wurde eine Gerade mit der Steigung -2,5 eingezeichnet um den Index abzubilden. Diese Gerade wurde so weit verschoben, bis die gewünschte Anzahl zu selektierender Genotypen übrig blieb (Abb. 2).

In den Jahren 2011 und 2012 wurde die Selektion zunächst mit KTM Daten vorgenommen, die nicht bezüglich der Anzahl Pflanzen pro Parzelle korrigiert waren. Bei einer späteren Verrechnung mit den KTMk Daten ergaben sich leichte Abweichungen von den ursprünglich selektierten Prüfgliedern. Bei der weiteren Verrechnung der Folgejahre wurden dann nur die Genotypen berücksichtigt, die nach der Korrektur selektiert wurden (Tab. 16 und 24).

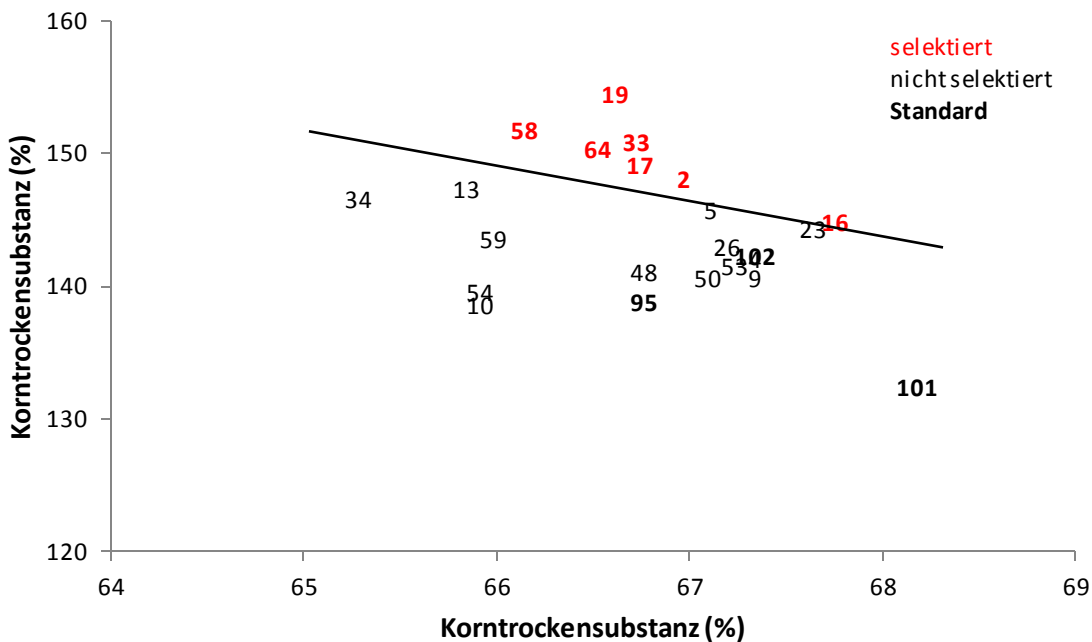


Abb. 2 Beispiel für einen Selektionsplot (Dent-Testhybriden ohne Untersaat über die Standorte Göttingen, Wiebrechtshausen und Niederaltich im Jahr 2012)

## 2.3 Ergebnisse

### 2.3.1 Versuchsjahr 2011

Am Standort Göttingen ergab sich im Versuchsjahr 2011 ein deutlicher Unterschied zwischen den Varianten ohne und mit Untersaat für alle Merkmale (Tab. 6). Mit Untersaat fielen die SPAD-Werte, WH und KTMk sowie KTS geringer aus und die Blüte fand etwas später statt. Die Varianten unterschieden sich bei den Flint Testkreuzungen stärker als bei den Dent Testkreuzungen. Am Standort Wiebrechtshausen waren die Unterschiede insgesamt weniger stark ausgeprägt. An diesem Standort waren die SPAD-Werte und der KTMk mit Untersaat niedriger und die Blüte erfolgte später. Bei den Dent Testkreuzungen war auch die WH mit Untersaat geringer, bei den Flint Testkreuzungen jedoch in der Variante mit Untersaat höher. Die KTS war bei den Flint Testkreuzungen mit Untersaat niedriger, bei den Dent Testkreuzungen ergab sich kein signifikanter Unterschied. Die Untersaat war in Wiebrechtshausen mit durchschnittlichen Boniturnoten von 7,00 und 7,06 deutlich wüchsiger als in Göttingen mit 4,73 und 4,43.

Die Wiederholbarkeiten der einzelnen Versuche (Materialgruppen jeweils ohne oder mit Untersaat) an den beiden Orten waren teilweise sehr unterschiedlich (Tab. 6). In den meisten Fällen zeigte sich die Wiederholbarkeit in der Variante mit Untersaat geringer. Für das Merkmal KTMk bei den Dent Testkreuzungen verhielt es sich jedoch umgekehrt. Ebenso war die Wiederholbarkeit in der Variante mit Untersaat für die SPAD-Werte bei den Flint Testkreuzungen und für KTS in beiden Materialgruppen am Standort Wiebrechtshausen höher. Für das Merkmal KTS lag die Wiederholbarkeit nicht unter 65 %, für den KTM lag sie zwischen 21 und 53 %.

In der Varianzanalyse für das Merkmal Untersaat zeigten sich für den Standort Göttingen hoch signifikante Unterschiede zwischen den Blöcken und im Versuch 154 mit den Dent Testkreuzungen auch zwischen den Wiederholungen (Tab. 7). In Wiebrechtshausen zeigten sich mit  $P = 1\%$  und  $P = 5\%$  signifikante Unterschiede in der Menge der Untersaat zwischen den Wiederholungen der Versuche 152 und 154, also den Flint und Dent Testkreuzungen. Die Wiederholbarkeit war mit Werten zwischen 0 und 11 % sehr gering (Tab. 7). Bei der Verrechnung über die Orte zeigte sich ein signifikanter Unterschied zwischen den Orten mit  $P = 1\%$  und bei den Flint Testkreuzungen eine mit  $P = 5\%$  signifikante Varianz zwischen den Genotypen für das Merkmal Untersaat (Tab. 8). Die Heritabilität lag bei den Flint Testkreuzungen bei 33% und bei den Dent Testkreuzungen bei 16%.

**Tab. 6 Mittelwerte der Flint und Dent Testkreuzungen für die Standorte Göttingen und Wiebrechtshausen im Jahr 2011**

Ort	Material	Variante	Parameter	Untersaat (Bonitur)	SPAD-Wert	Blüte (Tage)	WH (cm)	KTMk (dt/ha)	KTS (%)
Göttingen	FxT <sub>D1</sub>	ohne US	Wiederholbarkeit (%)		48	69	62	48	87
			Grenzdifferenz		3,39	2,58	12,93	11,88	0,76
			<b>Mittelwert</b>		<b>50,04</b>	<b>82,59</b>	<b>298,34</b>	<b>132,43</b>	<b>63,45</b>
	FxT <sub>D1</sub>	mit US	Wiederholbarkeit (%)	4	39	64	35	45	78
			Grenzdifferenz	1,53	5,29	1,96	20,58	15,47	1,16
			<b>Mittelwert</b>	<b>4,73</b>	<b>37,17</b>	<b>85,5</b>	<b>240,68</b>	<b>105,9</b>	<b>61,97</b>
	DxT <sub>F1</sub>	ohne US	Wiederholbarkeit (%)		45	44	54	53	80
			Grenzdifferenz		3,35	2,25	14,12	13,41	0,84
			<b>Mittelwert</b>		<b>54,6</b>	<b>83,16</b>	<b>299,33</b>	<b>141,27</b>	<b>63,38</b>
	DxT <sub>F1</sub>	mit US	Wiederholbarkeit (%)	11	38	39	36	53	65
			Grenzdifferenz	1,33	4,36	1,83	19,66	15,58	1,13
			<b>Mittelwert</b>	<b>4,43</b>	<b>46,38</b>	<b>84,57</b>	<b>265,75</b>	<b>124,04</b>	<b>62,68</b>
Wiebrechts- hausen	FxT <sub>D1</sub>	ohne US	Wiederholbarkeit (%)		18	43	48	24	78
			Grenzdifferenz		5,12	3,62	23,55	21,58	1,15
			<b>Mittelwert</b>		<b>54,52</b>	<b>90,27</b>	<b>319,96</b>	<b>127,63</b>	<b>64,41</b>
	FxT <sub>D1</sub>	mit US	Wiederholbarkeit (%)	0	44	30	44	22	82
			Grenzdifferenz	1,61	3,57	2,22	21,37	23,04	1,02
			<b>Mittelwert</b>	<b>7,00</b>	<b>51,82</b>	<b>93,27</b>	<b>323,75</b>	<b>124,01</b>	<b>64,05</b>
	DxT <sub>F1</sub>	ohne US	Wiederholbarkeit (%)		24	21	45	21	67
			Grenzdifferenz		4,92	1,19	20,62	18,45	1,19
			<b>Mittelwert</b>		<b>54,46</b>	<b>89,03</b>	<b>325,32</b>	<b>131,86</b>	<b>65,00</b>
	DxT <sub>F1</sub>	mit US	Wiederholbarkeit (%)	5	26	18	56	36	77
			Grenzdifferenz	1,45	4,15	2,61	16,7	18,52	0,96
			<b>Mittelwert</b>	<b>7,06</b>	<b>53,29</b>	<b>92,48</b>	<b>322,39</b>	<b>130,44</b>	<b>64,95</b>

F = Flint, D = Dent, T = Tester, T<sub>D1</sub> = 3-Wege-Dent-Hybride, T<sub>F1</sub> = Einfach-Flint-Hybride, US = Untersaat, Grenzdifferenz bei 5% Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz

**Tab. 7 Varianzanalyse des Merkmals Untersaat (Bonitur) der Flint und Dent Testkreuzungen an den Standorten Göttingen und Wiebrechtshausen im Jahr 2011**

Ort	Material	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
GOE	FxT <sub>D1</sub>	Wiederholung	1	2,49	-0,04	1,53
		Genotyp	99	1,28	0,02	
		Block	18	3,7	0,64**	
		Intrabl. Fehler	79	0,51	0,51	
		Wiederholbarkeit 4%				
GOE	DxT <sub>F1</sub>	Wiederholung	1	7,22	0**	1,33
		Genotyp	99	1,42	0,05	
		Block	18	3,93	0,71**	
		Intrabl. Fehler	81	0,38	0,38	
		Wiederholbarkeit 11%				
WIE	FxT <sub>D1</sub>	Wiederholung	1	10,29	0,1**	1,61
		Genotyp	99	0,76	0	
		Block	18	0,66	0	
		Intrabl. Fehler	79	0,65	0,65	
		Wiederholbarkeit 0%				
WIE	DxT <sub>F1</sub>	Wiederholung	1	3,13	0,02*	1,45
		Genotyp	99	0,59	0,03	
		Block	18	0,66	0,03	
		Intrabl. Fehler	81	0,51	0,51	
		Wiederholbarkeit 5%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, GOE = Göttingen, WIE = Wiebrechtshausen, F=Flint, D=Dent, T=Tester, T<sub>D1</sub>=3-Wege-Dent-Hybride, T<sub>F1</sub>=Einfach-Flint-Hybride, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

**Tab. 8 Varianzanalyse des Merkmals Untersaat (Bonitur) der Flint und Dent Testkreuzungen über die Standorte Göttingen und Wiebrechtshausen im Jahr 2011**

Material	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
FxT <sub>D1</sub>	Ort (O)	1	255,04	2,55**	0,15
	Genotyp (G)	99	0,42	0,07*	1,05
	OG	99	0,28	-0,03	1,55
	Restfehler	158	0,31	0,31	
	Heritabilität 33%				
DxT <sub>F1</sub>	Ort (O)	1	334,01	3,34**	0,14
	Genotyp	99	0,31	0,03	1,01
	OG	99	0,26	0,16	1,38
	Restfehler	162	0,25	0,25	
	Heritabilität 16%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, F=Flint, D=Dent, T=Tester, T<sub>D1</sub>=3-Wege-Dent-Hybride, T<sub>F1</sub>=Einfach-Flint-Hybride, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

Zunächst wurde eine Varianzanalyse getrennt nach Materialgruppen für die einzelnen Orte durchgeführt. Für alle Merkmale (SPAD-Wert, Blüte, WH, KTMk und KTS) zeigte sich ein signifikanter Unterschied zwischen den Varianten (Tab. 9, 10, 11 und 12). Es zeigten sich zudem für alle Merkmale mit Ausnahme des Merkmals Blüte im Dent Material in Wiebrechtshausen signifikante genotypische Unterschiede. Einen signifikanten Interaktionseffekt zwischen Variante und Genotyp zeigte sich für den Blühzeitpunkt bei allen Materialgruppen und Orten. Für das Merkmal SPAD-Wert gab es nur in Göttingen einen signifikanten Interaktionseffekt (Tab. 9 und 10). Bei den Flint Testkreuzungen zeigte sich in Göttingen eine schwach signifikante Interaktion für den KTMk (Tab. 9), während es in Wiebrechtshausen für die WH eine stark und für KTS eine schwach signifikante Interaktion gab (Tab. 11). Bei den Dent Testkreuzungen fanden sich keine weiteren signifikanten Interaktionen.

Die Heritabilität des Merkmals Blüte war in Wiebrechtshausen mit 35 % bei den Flint (Tab. 11) und 6 % bei den Dent Testkreuzungen (Tab. 12) niedriger als in Göttingen mit 76 bzw. 46 % (Tab. 9 und 10). Auch für das Merkmal KTMk lag die Heritabilität in Wiebrechtshausen mit 40 bzw. 64 % niedriger als in Göttingen mit 68 bzw. 81 %. Die Heritabilität für den SPAD-Wert lag zwischen 53 und 62 %. Bei der WH lag sie zwischen 61 und 85 % und für KTS zwischen 92 und 95 %.

Bei der Verrechnung über die Orte (Tab. 13 und 14) gab es für alle Merkmale einen signifikanten Effekt der Orte und der Genotypen mit Ausnahme des Ortseffektes der KTMk bei den Dent Testkreuzungen (Tab. 14). Allerdings zeigte sich bei der Verrechnung über die Orte im Gegensatz zu der Analyse der einzelnen Orte nur für das Merkmal Blüte ein schwach signifikanter Unterschied zwischen den Varianten. Das ergab sich daraus, dass für den F-Test dieses Effektes nur sehr wenige Freiheitsgrade zur Verfügung standen und damit der F-Wert sehr groß werden müsste um signifikant zu werden. Insbesondere für die WH und auch den KTM waren hohe Schätzwerte der Varianzkomponenten für die Interaktion von Ort und Variante zu verzeichnen. Für alle Merkmale mit Ausnahme der Blüte bei den Flint Testkreuzungen (Tab. 13) zeigte sich eine hoch signifikante Interaktion zwischen Ort und Variante. Einen signifikanten Interaktionseffekt zwischen Orten und Genotypen gab es für die Merkmale KTMk und KTS in beiden Materialgruppen und für den SPAD-Wert bei den Flint und WH bei den Dent Testkreuzungen.

Die Heritabilität der KTS lag in beiden Materialgruppen bei 92 % (Tab. 13 und 14). Die niedrigste Heritabilität wies der KTMk bei den Flint Testkreuzungen mit 37 % und das Merkmal Blüte bei den Dent Testkreuzungen mit 51 % auf. Die Werte für die übrigen Merkmale lagen zwischen 63 und 85 %.

**Tab. 9 Varianzanalysen der Flint Testkreuzungen über die Varianten ohne und mit Untersaat für den Standort Göttingen im Jahr 2011**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Blüte (Tage)</b>	Variante (V)	1	438,86	4,38**	0,32
	Genotyp (G)	99	5,45	2,07**	2,27
	VG	98	1,31	0,64**	2,28
	Restfehler	153	0,67	0,67	
	Heritabilität 76%				
<b>SPAD-Wert</b>	Variante (V)	1	8165,39	81,62**	0,52
	Genotyp (G)	99	8,34	2,45**	3,68
	VG	98	3,44	0,97*	4,39
	Restfehler	135	2,47	2,47	
	Heritabilität 59%				
<b>WH (cm)</b>	Variante (V)	1	164741,45	1646,98**	1,86
	Genotyp (G)	99	153,72	54,90**	13,15
	VG	99	43,92	6,67	17,05
	Restfehler	154	37,25	37,25	
	Heritabilität 71%				
<b>KTMk (dt/ha)</b>	Variante (V)	1	34893,42	348,63**	1,55
	Genotyp (G)	99	94,79	32,05**	10,99
	VG	99	30,70	6,72+	13,68
	Restfehler	152	23,97	23,97	
	Heritabilität 68%				
<b>KTS (%)</b>	Variante (V)	1	110,01	1,10**	0,09
	Genotyp (G)	99	2,18	1,04**	0,66
	VG	99	0,11	-0,01	0,97
	Restfehler	153	0,12	0,12	
	Heritabilität 95%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz, +, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10%, 5 %, 1 %



**Tab. 10 Varianzanalysen der Dent Testkreuzungen über die Varianten ohne und mit Untersaat für den Standort Göttingen im Jahr 2011**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Blüte (Tage)</b>	Variante (V)	1	103,75	1,03**	0,26
	Genotyp (G)	99	1,61	0,37**	1,84
	VG	99	0,86	0,33**	2,04
	Restfehler	142	0,53	0,53	
	Heritabilität 46%				
<b>SPAD-Wert</b>	Variante (V)	1	3373,08	33,70**	0,47
	Genotyp (G)	99	5,99	1,57**	3,35
	VG	99	2,85	0,95*	3,85
	Restfehler	142	1,89	1,89	
	Heritabilität 53%				
<b>WH (cm)</b>	Variante (V)	1	56366,71	563,37**	1,52
	Genotyp (G)	99	154,30	62,52**	10,73
	VG	99	29,26	-7,77	16,99
	Restfehler	162	37,03	37,03	
	Heritabilität 81%				
<b>KTMk (dt/ha)</b>	Variante (V)	1	15492,75	154,67**	1,42
	Genotyp (G)	99	136,19	55,31**	10,03
	VG	99	25,56	-1,11	14,42
	Restfehler	160	26,67	26,67	
	Heritabilität 81%				
<b>KTS (%)</b>	Variante (V)	1	26,86	0,27**	0,09
	Genotyp (G)	99	1,51	0,71**	0,62
	VG	99	0,10	-0,03	0,99
	Restfehler	161	0,13	0,13	
	Heritabilität 94%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

**Tab. 11 Varianzanalysen der Flint Testkreuzungen über die Varianten ohne und mit Untersaat für den Standort Wiebrectshausen im Jahr 2011**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Blüte (Tage)</b>	Variante (V)	1	446,91	4,45**	0,41
	Genotyp (G)	99	3,23	0,57*	2,87
	VG	98	2,09	0,95**	2,99
	Restfehler	173	1,14	1,14	
	Heritabilität 35%				
<b>SPAD-Wert</b>	Variante (V)	1	388,53	3,86**	0,46
	Genotyp (G)	99	7,14	2,22**	3,26
	VG	98	2,69	0,23	4,38
	Restfehler	172	2,46	2,46	
	Heritabilität 62%				
<b>WH (cm)</b>	Variante (V)	1	717,13	6,20**	2,77
	Genotyp (G)	99	252,13	77,30**	19,6
	VG	98	97,53	33,78**	22,31
	Restfehler	154	63,75	63,75	
	Heritabilität 61%				
<b>KTMk (dt/ha)</b>	Variante (V)	1	724,04	6,51**	2,4
	Genotyp (G)	99	121,98	24,44**	16,97
	VG	98	73,09	10,45	22,12
	Restfehler	144	62,64	62,64	
	Heritabilität 40%				
<b>KTS (%)</b>	Variante (V)	1	5,97	0,06**	0,13
	Genotyp (G)	99	2,40	1,10**	0,88
	VG	98	0,20	0,05+	1,08
	Restfehler	144	0,15	0,15	
	Heritabilität 92%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz, +, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10%, 5%, 1 %

**Tab. 12 Varianzanalysen der Dent Testkreuzungen über die Varianten ohne und mit Untersaat für den Standort Wiebrectshausen im Jahr 2011**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Blüte (Tage)</b>	Variante (V)	1	586,53	5,86**	0,25
	Genotyp (G)	99	0,85	0,02	1,78
	VG	99	0,80	0,28**	2,02
	Restfehler	162	0,52	0,52	
	Heritabilität 6%				
<b>SPAD-Wert</b>	Variante (V)	1	69,69	0,67**	0,46
	Genotyp (G)	99	6,54	1,93**	3,25
	VG	99	2,68	0,05	4,53
	Restfehler	158	2,63	2,63	
	Heritabilität 59%				
<b>WH (cm)</b>	Variante (V)	1	401,58	3,63**	1,74
	Genotyp (G)	99	251,88	106,74**	12,29
	VG	99	38,39	-5,99	18,61
	Restfehler	159	44,37	44,37	
	Heritabilität 85%				
<b>KTMk (dt/ha)</b>	Variante (V)	1	156,22	1,17*	1,76
	Genotyp (G)	99	109,16	34,80**	12,48
	VG	99	39,55	-3,55	18,34
	Restfehler	158	43,10	43,10	
	Heritabilität 64%				
<b>KTS (%)</b>	Variante (V)	1	0,20	0,00	0,08
	Genotyp (G)	99	1,81	0,86**	0,57
	VG	99	0,08	-0,06	1,07
	Restfehler	158	0,15	0,15	
	Heritabilität 95%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

**Tab. 13 Varianzanalysen der Flint Testkreuzungen über die Varianten ohne und mit Untersaat über die Standorte Göttingen und Wiebrechtshausen im Jahr 2011**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Blüte (Tage)</b>	Ort (O)	1	6069,89	30,34**	0,26
	Variante (V)	1	889,56	4,45+	0,21
	Genotyp (G)	99	7,00	1,33**	1,82
	OV	1	0,03	-0,02	0,37
	OG	99	1,69	-0,03	2,62
	GV	99	1,66	-0,04	2,62
	OVG	97	1,74	0,84**	2,65
	Restfehler	326	0,91	0,901	
	Heritabilität 76%				
<b>SPAD-Wert</b>	Ort (O)	1	9165,29	45,81**	0,34
	Variante (V)	1	6072,85	17,92	63,4
	Genotyp (G)	99	11,26	1,78**	2,86
	OV	1	2489,45	24,87**	0,48
	OG	99	4,16	0,65*	3,36
	GV	99	3,27	0,20	3,36
	OVG	97	2,87	0,40	4,37
	Restfehler	307	2,47	2,47	
	Heritabilität 63%				
<b>WH (cm)</b>	Ort (O)	1	269705,41	1348,19**	1,63
	Variante (V)	1	72111,75	-106,00	388,13
	Genotyp (G)	99	346,35	71,59**	10,87
	OV	1	93311,74	932,44**	2,31
	OG	99	60,00	-3,88	16,33
	GV	99	73,84	3,04	16,33
	OVG	98	67,75	17,25*	19,78
	Restfehler	308	50,50	50,50	
	Heritabilität 83%				
<b>KTMk (dt/ha)</b>	Ort (O)	1	4528,03	22,40**	1,38
	Variante (V)	1	22473,12	47,09	145,18
	Genotyp (G)	99	140,91	12,87*	13,27
	OV	1	13055,72	130,07**	1,96
	OG	99	89,44	20,40**	13,84
	GV	99	57,80	4,58	13,84
	OVG	98	48,64	5,33	18,32
	Restfehler	296	43,31	43,31	
	Heritabilität 37%				
<b>KTS (%)</b>	Ort (O)	1	235,90	1,18**	0,07
	Variante (V)	1	83,37	0,25	7,24
	Genotyp (G)	99	4,27	0,98**	0,8
	OV	1	32,51	0,32**	0,11
	OG	99	0,33	0,09**	0,75
	GV	99	0,17	0,01	0,75
	OVG	98	0,14	0,01	1,02
	Restfehler	297	0,13	0,13	
	Heritabilität 92%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz, +, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10%, 5 %, 1 %

**Tab. 14 Varianzanalysen der Dent Testkreuzungen über die Varianten ohne und mit Untersaat über die Standorte Göttingen und Wiebrectshausen im Jahr 2011**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Blüte (Tage)</b>	Ort (O)	1	4852,17	24,26**	0,18
	Variante (V)	1	591,83	2,47	12,61
	Genotyp (G)	99	1,65	0,21**	1,26
	OV	1	98,46	0,98**	0,26
	OG	99	0,80	-0,03	1,85
	GV	99	0,80	-0,03	1,85
	OVG	99	0,87	0,34**	2,02
	Restfehler	304	0,53	0,53	
	Heritabilität 51%				
<b>SPAD-Wert</b>	Ort (O)	1	1163,32	5,80**	0,32
	Variante (V)	1	2206,23	4,85	44,68
	Genotyp (G)	99	9,94	1,84**	2,26
	OV	1	1236,54	12,34**	0,46
	OG	99	2,59	-0,02	3,22
	GV	99	2,89	0,13	3,22
	OVG	99	2,63	0,37	4,18
	Restfehler	300	2,26	2,26	
	Heritabilität 74%				
<b>WH (cm)</b>	Ort (O)	1	166295,96	831,29**	1,22
	Variante (V)	1	33141,84	47,58	195,3
	Genotyp (G)	99	351,91	74,41**	10,34
	OV	1	23626,45	235,89**	1,72
	OG	99	54,27	8,24*	12,2
	GV	99	29,86	-3,96	12,2
	OVG	99	37,78	-2,92	17,75
	Restfehler	321	40,70	40,70	
	Heritabilität 85%				
<b>KTMk (dt/ha)</b>	Ort (O)	1	71,85	0,18	1,19
	Variante (V)	1	9380,21	15,56	100,6
	Genotyp (G)	99	190,63	33,98**	10,38
	OV	1	6268,76	62,33**	1,68
	OG	99	54,71	9,50*	11,86
	GV	99	29,41	-3,15	11,86
	OVG	99	35,71	0,82	16,43
	Restfehler	318	34,89	34,89	
	Heritabilität 71%				
<b>KTS (%)</b>	Ort (O)	1	372,34	1,86**	0,06
	Variante (V)	1	15,86	0,02	4,25
	Genotyp (G)	99	3,08	0,71**	0,69
	OV	1	11,21	0,11**	0,08
	OG	99	0,24	0,08**	0,56
	GV	99	0,10	0,01	0,56
	OVG	99	0,08	-0,05	1,02
	Restfehler	319	0,14	0,14	
	Heritabilität 92%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

Die phänotypischen Korrelationen zwischen den Merkmalen fielen für die einzelnen Versuche sehr unterschiedlich und teils entgegengesetzt aus (Tab. 15). KTMk und WH waren positiv und meistens signifikant korreliert. Zwischen den Merkmalen Untersaat und KTMk zeigte sich eine zumeist signifikant negative Korrelation mit ähnlicher, wenn auch nicht signifikanter Tendenz für die WH. Bei den Dent Testkreuzungen in Göttingen waren Untersaat und SPAD-Wert signifikant negativ miteinander korreliert. In den anderen Versuchen gab es teils positive Korrelationen (nicht signifikant). Für die Flint Testkreuzungen zeigte sich eine signifikant negative Korrelation für Untersaat und KTS, die in ihrer Tendenz für Göttingen gleich war. Die Merkmale Blüte und KTS waren fast immer signifikant negativ korreliert, d.h. bei einer frühen Blüte entwickelte der Mais eine hohe KTS. Die Blüte war zudem häufig signifikant positiv mit der WH korreliert, d.h. Genotypen, die spät blühten erreichten eine größere WH. Zwischen Blüte und SPAD-Wert zeigte sich eine negative, teils signifikante Korrelation. Der SPAD-Wert war zudem oft signifikant negativ mit der WH korreliert. Bei den Flint Testkreuzungen mit Untersaat in Göttingen war SPAD-Wert jedoch signifikant positiv mit der WH korreliert. Für die Korrelation von SPAD-Wert und KTMk zeigten sich sowohl signifikant positive als auch negative Korrelationen, ohne dass sich ein genereller Unterschied zwischen den Varianten oder Materialgruppen gezeigt hätte.

**Tab. 15 Phänotypische Korrelationen der Flint und Dent Testkreuzungen in Göttingen und Wiebrechts-  
hausen im Jahr 2011**

GOE	SPAD-Wert		-0,229*				
FxT <sub>D1</sub>	WH (cm)		0,215*	-0,280**			
ohne US	KTS (%)		-0,504**	0,071	0,045		
	KTMk (dt/ha)		0,019	-0,200*	0,075	0,027	
GOE	Blüte (Tage)	0,093					
FxT <sub>D1</sub>	SPAD-Wert	-0,036	-0,253*				
mit US	WH (cm)	-0,022	0,032	0,199*			
	KTS (%)	-0,189	-0,403**	-0,046	0,071		
	KTMk (dt/ha)	-0,155	-0,254*	0,318**	0,310**	0,276**	
GOE	SPAD-Wert		-0,186				
DxT <sub>F1</sub>	WH (cm)		0,270**	-0,208*			
ohne US	KTS (%)		-0,286**	0,119	-0,389**		
	KTMk (dt/ha)		0,041	-0,310**	0,422**	-0,236*	
GOE	Blüte (Tage)	0,144					
DxT <sub>F1</sub>	SPAD-Wert	-0,376**	-0,198*				
mit US	WH (cm)	-0,159	0,063	0,093			
	KTS (%)	0,033	-0,278**	-0,092	-0,143		
	KTMk (dt/ha)	-0,245*	-0,115	0,181	0,389**	0,102	
WIE	SPAD-Wert		-0,138				
FxT <sub>D1</sub>	WH (cm)		0,016	-0,291**			
ohne US	KTS (%)		-0,447**	0,128	0,025		
	KTMk (dt/ha)		-0,117	0,141	0,215*	0,093	
WIE	Blüte (Tage)	0,145					
FxT <sub>D1</sub>	SPAD-Wert	0,119	-0,316**				
mit US	WH (cm)	-0,054	0,264**	-0,184			
	KTS (%)	-0,205*	-0,395**	0,025	0,082		
	KTMk (dt/ha)	-0,299**	-0,032	0,037	0,149	0,182	
WIE	SPAD-Wert		-0,136				
DxT <sub>F1</sub>	WH (cm)		0,029	-0,036			
ohne US	KTS (%)		-0,120	0,091	-0,345**		
	KTMk (dt/ha)		0,100	0,245*	0,377**	-0,212*	
WIE	Blüte (Tage)	0					
DxT <sub>F1</sub>	SPAD-Wert	0,034	-0,186				
mit US	WH (cm)	-0,203*	0,335**	-0,326**			
	KTS (%)	0,035	-0,324**	0,126	-0,207*		
	KTMk (dt/ha)	-0,361**	0,024	-0,010	0,467**	-0,166	
			<b>Untersaat</b>	<b>Blüte (Tage)</b>	<b>Chlorophyll</b>	<b>WH (cm)</b>	<b>KTS (%)</b>

GOE = Göttingen, WIE = Wiebrechtshausen, F = Flint, D=Dent, T = Tester, T<sub>D1</sub> = 3-Wege-Dent-Hybride, T<sub>F1</sub> = Einfach-Flint-Hybride, , WH = Wuchshöhe, KTS = Komttrockensubstanz, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

Mittels einer grafischen Selektion nach KTMk und KTS (beschrieben in Material und Methoden 2.2.7) wurden je Materialgruppe und Variante 22 Genotypen selektiert. Dabei gab es teilweise Überschneidungen in den Varianten (Tab. 16).

**Tab. 16 Selektierte Prüfglieder im Jahr 2011**

<b>Material</b>	<b>Variante</b>	<b>selektierte Prüfglieder 2011</b>																					
FxT <sub>D1</sub>	ohne US	6	13	24	26	41	43	<b>45</b>	50	55	<b>56</b>	59	60	<b>61</b>	<b>62</b>	63	<b>67</b>	<b>69</b>	<b>70</b>	<b>83</b>	86	89	<b>90</b>
FxT <sub>D1</sub>	mit US	4	12	14	27	31	38	39	<b>45</b>	48	<b>56</b>	57	<b>61</b>	<b>62</b>	66	<b>67</b>	<b>69</b>	<b>70</b>	71	73	79	<b>83</b>	<b>90</b>
DxT <sub>F1</sub>	ohne US	<b>2</b>	4	5	<b>9</b>	<b>10</b>	<b>13</b>	16	17	<b>19</b>	<b>20</b>	<b>23</b>	<b>26</b>	<b>33</b>	34	<b>48</b>	50	53	54	<b>58</b>	<b>59</b>	64	90
DxT <sub>F1</sub>	mit US	<b>2</b>	<b>9</b>	<b>10</b>	<b>13</b>	14	18	<b>19</b>	<b>20</b>	22	<b>23</b>	25	<b>26</b>	27	29	<b>33</b>	38	<b>48</b>	51	<b>58</b>	<b>59</b>	62	79

F = Flint, D = Dent, T = Tester, T<sub>D1</sub> = 3-Wege-Dent-Hybride, T<sub>F1</sub> = Einfach-Flint-Hybride, US = Untersaat, in Fett-Schrift sind Prüfglieder, die in beiden Selektionsgruppen vorkamen.



### 2.3.2 Versuchsjahr 2012

Der Mittelwert für die Bonitur der Jugendentwicklung war für die Flint Testkreuzungen ohne Untersaat (auch ohne Untersaat selektiert) etwas höher als für die anderen Materialgruppen (Tab. 17). Die Ausprägung der Merkmale Untersaat und Unkrautbesatz war für beide Materialgruppen ähnlich. Auch die Interzeption photosynthetisch aktiver Strahlung (PAR) unterschied sich zwischen den Materialgruppen kaum. Der Blühzeitpunkt der Flint Testkreuzungen war etwas später als der, der Dent Testkreuzungen. Sowohl SPAD-Wert als auch WH und KTM waren wie im Vorjahr in der Variante mit Untersaat geringer. Die KTS war höher als im Vorjahr, da die Werte an dem südlichen Standort Niederalteich deutlich höher ausfielen.

Für die Merkmale Jugendentwicklung, SPAD-Wert, Blüte und KTS lag die Heritabilität zwischen 55 und 93 % (Tab. 17). Bei den Merkmalen Untersaat, Unkrautbesatz und PAR war sie geringer mit 38, 47 und 19 % und in der jeweils anderen Materialgruppe, in der das jeweilige Merkmal gemessen wurde, lag sie bei 0 %. Die Heritabilität in der KTMk erreichte bei den Flint Testkreuzungen ohne Untersaat 83 %, mit Untersaat 54 % und bei den Dent Testkreuzungen ohne Untersaat 60 % und mit Untersaat nur 23 %. Im Jahr 2012 waren die Heritabilitäten in der Variante mit Untersaat nicht generell niedriger als ohne Untersaat, allerdings waren die Prüfglieder in den beiden Varianten auch nicht identisch.

**Tab. 17 Mittelwerte der Flint und Dent Testkreuzungen über die Standorte Göttingen und Wiebrechtshausen („Blüte“ nur Wiebrechtshausen, „KTMk“ und „KTS“ zusätzlich in Niederalteich) im Jahr 2012**

Material/Variante	Parameter	Jugendentwicklung (Bonitur)	Untersaat (Bonitur)	Unkrautbesatz (Anzahl)	SPAD-Wert	PAR (%)	Blüte (Tage)	WH (cm)	KTMk (dt/ha)	KTS (%)
FxT <sub>D2</sub>	Heritabilität (%)	68			84	19	88	82	83	93
ohne US selektiert	Grenzdifferenz	0,6			2,85	4,63	2,13	8,76	8,93	1,00
ohne US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>8,41</b>			<b>51,7</b>	<b>13,01</b>	<b>85,58</b>	<b>326,77</b>	<b>146,91</b>	<b>67,75</b>
DxT <sub>F2/F3</sub>	Heritabilität (%)	55			72	0	83	82	60	68
ohne US selektiert	Grenzdifferenz	0,58			3,17	5,87	2,35	8,44	9,63	1,13
ohne US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>8,25</b>			<b>54,39</b>	<b>12,48</b>	<b>83,09</b>	<b>332,06</b>	<b>145,11</b>	<b>66,71</b>
FxT <sub>D2</sub>	Heritabilität (%)	74	38	0	88			72	54	91
mit US selektiert	Grenzdifferenz	0,5	0,29	5,51	2,88			9,73	8,05	1,14
mit US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>8,26</b>	<b>2,72</b>	<b>9,08</b>	<b>46,43</b>			<b>314,26</b>	<b>129,04</b>	<b>67,04</b>
DxT <sub>F2/F3</sub>	Heritabilität (%)	80	0	47	81			77	23	76
mit US selektiert	Grenzdifferenz	0,42	0,41	3,18	2,99			10,18	10,1	0,98
mit US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>8,23</b>	<b>2,59</b>	<b>9,19</b>	<b>48,73</b>			<b>324,05</b>	<b>131,69</b>	<b>65,82</b>

F = Flint, D = Dent, T = Tester, T<sub>D2</sub> = 3-Wege-Dent-Hybride, T<sub>D2</sub> = 3-Wege-Flint-Hybride, T<sub>F3</sub> = Flint Linie, US = Untersaat, Grenzdifferenz bei 5% Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz

In der Varianzanalyse der einzelnen Materialgruppen über die Orte zeigte sich mit Ausnahme der Jugendentwicklung bei den Flint Testkreuzungen ohne Untersaat (Tab. 18) und der Untersaatbonitur bei den Flint Testkreuzungen mit Untersaat (Tab. 20) für alle Merkmale ein signifikanter Ortseffekt (Tab. 18, 19, 20 und 21). Für die Merkmale Jugendentwicklung, SPAD-Wert, Blüte (Tab. 22), WH, KTMk und KTS zeigten sich in allen vier Materialgruppen signifikante genotypische Unterschiede mit Ausnahme der KTMk bei den Dent Testkreuzungen mit Untersaat (Tab. 21). Bei den Merkmalen PAR (Tab. 18 und 19) und Untersaat (Tab. 20 und 21) zeigte sich keine signifikante genotypische Varianz. Signifikante Unterschiede der Maisgenotypen bei dem Merkmal Unkrautbesatz waren nur bei den Dent Testkreuzungen mit Untersaat zu beobachten (Tab. 21).

Eine signifikante Interaktion von Genotyp und Ort ergab sich für die Flint Testkreuzungen ohne Untersaat in allen Merkmalen außer PAR (Tab. 18), während für die Flint Testkreuzungen mit Untersaat nur die Merkmale WH eine schwach signifikante Interaktion mit  $P = 10\%$  und KTMk und KTS eine hoch signifikante Interaktion von Ort und Genotyp mit  $P = 1\%$  aufwiesen (Tab. 20).

Bei den Dent Materialgruppen traten kaum signifikante Genotyp x Ort Interaktionen auf. Nur für die KTS waren sie sowohl in der Variante ohne als auch mit Untersaat signifikant (Tab. 19 und 21). Bei den Dent Testkreuzungen ohne Untersaat zeigte die Jugendentwicklung eine schwach signifikante Interaktion von Genotyp und Ort (Tab. 19), und bei den Dent Testkreuzungen mit Untersaat war sie bei KTMk hoch signifikant (Tab. 21).

Zwischen den beiden Testern, mit denen die 2011 selektierten Dent Linien gekreuzt worden waren, fanden sich für die Merkmale Jugendentwicklung und WH in der Variante ohne Untersaat (Tab. 19) und für KTMk in der mit Untersaat (Tab. 21) signifikante Unterschiede mit  $P = 10\%$ . Für das Merkmal Blüte, erfasst in der Variante ohne Untersaat, ergab sich eine signifikante Varianz zwischen den Testern mit  $P = 1\%$  (Tab. 22).

Die Heritabilität für das Merkmal KTS lag bei den Flint Testkreuzungen ohne und mit Untersaat bei 93 und 91 % (Tab. 18 und 20) und bei den Dent Testkreuzungen bei 68 und 76 % (Tab. 19 und 21). Für die Merkmale PAR und Untersaat sowie Unkrautbesatz war die Heritabilität teilweise sehr niedrig, PAR 19 und 0 % (Tab. 18 und 19), Untersaat 38 und 0 % und Unkrautbesatz 0 und 47 % (Tab. 20 und 21). Die Heritabilität der übrigen Merkmale lag zwischen 54 und 88 % mit Ausnahme des KTMk bei den Dent Testkreuzungen mit Untersaat mit 23 % (Tab. 21).

**Tab. 18 Varianzanalysen der Flint Testkreuzungen (ohne Untersaat selektiert) ohne Untersaat über die Orte Göttingen und Wiebrechtshausen („KTM“ und „KTS“ zusätzlich in Niederalteich) im Jahr 2012**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Jugendentwicklung (Bonitur)</b>	Orte (O)	1	0,10	0,00	0,09
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	1,07	0,04**	0,13
	Genotypen (G)	23	0,52	0,09**	0,60
	GO	23	0,17	0,06**	0,44
	GB:O	46	0,05	-0,04	0,81
	Restfehler	276	0,08	0,08	
	Heritabilität 68%				
<b>SPAD-Wert</b>	Orte (O)	1	1030,25	21,43**	0,53
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	40,38	1,61**	0,74
	Genotypen (G)	23	24,40	5,15**	2,85
	GO	23	3,80	1,08**	2,57
	GB:O	46	1,63	-0,77	4,36
	Restfehler	92	2,41	2,41	
	Heritabilität 84%				
<b>PAR (%)</b>	Orte (O)	1	363,09	7,41**	1,11
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	40,93	1,40**	1,56
	Genotypen (G)	23	12,32	0,57	4,63
	GO	23	10,03	1,39	5,42
	GB:O	46	7,25	1,24	6,83
	Restfehler	276	6,01	6,01	
	Heritabilität 19%				
<b>WH (cm)</b>	Orte (O)	1	7339,85	152,61**	1,56
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	1388,15	57,24**	2,21
	Genotypen (G)	23	194,57	39,67**	8,76
	GO	23	35,88	10,69**	7,66
	GB:O	46	14,50	-4,32	12,08
	Restfehler	276	18,82	18,82	
	Heritabilität 82%				
<b>KTMk (dt/ha)</b>	Orte (O)	2	14222,56	295,98**	1,59
	Blöcke in. Orten (B:O)	3	180,56	6,89**	2,25
	Genotypen (G)	23	343,82	47,46**	8,93
	GO	46	59,06	21,87**	7,81
	GB:O	69	15,31	-4,45	12,36
	Restfehler	414	19,77	19,77	
	Heritabilität 83%				
<b>KTS (%)</b>	Orte (O)	2	1177,84	24,54**	
	Blöcke in. Orten (B:O)	3	0,22	0,01+	0,17
	Genotypen (G)	23	11,43	1,78**	1
	GO	46	0,74	0,33**	0,59
	GB:O	69	0,09	0,04**	0,64
	Restfehler	414	0,05	0,05	
	Heritabilität 93%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz, +, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 1 %

**Tab. 19 Varianzanalysen der Dent Testkreuzungen (ohne Untersaat selektiert) ohne Untersaat über die Orte Göttingen und Wiebrechtshausen („KTM“ und „KTS“ zusätzlich in Niederalteich) im Jahr 2012**

Merkmal	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
<b>Jugendentwicklung (Bonitur)</b>	Orte (O)	1	0,93	0,02**	0,12
	Tester(T)	1	7,77	0,17+	0,17
	OT	1	0,00	0,00	0,18
	Genotypen (G)	22	0,35	0,05*	0,58
	GO	22	0,16	0,04+	0,60
	GT	19	0,21	0,06*	0,60
	GOT	19	0,08	0,02	0,67
	Restfehler	246	0,06	0,06	
	Heritabilität 55%				
<b>SPAD-Wert</b>	Orte (O)	1	963,05	20,87**	0,74
	Tester(T)	1	44,53	-0,26	19,94
	OT	1	56,66	2,34**	1,04
	Genotypen (G)	22	16,79	3,03**	3,17
	GO	22	4,68	0,92	3,53
	GT	19	1,24	-0,80	3,53
	GOT	19	2,85	0,14	4,63
	Restfehler	82	2,71	2,71	
	Heritabilität 72%				
<b>PAR (%)</b>	Orte (O)	1	343,47	7,26**	1,35
	Tester(T)	1	117,06	-0,04	28,86
	OT	1	118,67	4,74**	1,91
	Genotypen (G)	22	7,56	-2,12	5,87
	GO	22	16,03	3,24	6,47
	GT	19	6,67	-1,44	6,47
	GOT	19	9,55	4,87**	6,02
	Restfehler	246	4,67	4,67	
	Heritabilität 0%				
<b>WH (cm)</b>	Orte (O)	1	8888,67	192,68**	2,20
	Tester(T)	1	5826,89	123,80+	30,43
	OT	1	131,90	4,63*	3,11
	Genotypen (G)	22	181,81	37,17**	8,44
	GO	22	33,15	3,88	10,55
	GT	19	32,96	3,78	10,55
	GOT	19	25,40	9,18+	11,22
	Restfehler	246	16,22	16,22	
	Heritabilität 82%				
<b>KTMk (dt/ha)</b>	Orte (O)	2	30061,67	652,48**	2,91
	Tester(T)	1	108,94	-36,49	37,55
	OT	2	2626,99	112,16**	4,11
	Genotypen (G)	22	170,33	16,98**	9,63
	GO	44	68,47	10,53	13,94
	GT	19	19,79	-9,21	11,38
	GOT	38	47,41	23,24**	13,67
	Restfehler	367	24,17	24,17	
	Heritabilität 60%				
<b>KTS (%)</b>	Orte (O)	2	1197,14	26,02**	0,17
	Tester(T)	1	0,01	-0,03	0,99
	OT	2	1,84	0,07**	0,24
	Genotypen (G)	22	2,94	0,33**	1,13
	GO	44	0,94	0,39**	0,82
	GT	19	0,35	0,06*	0,67
	GOT	38	0,16	0,09**	0,74
	Restfehler	367	0,07	0,07	
	Heritabilität 68%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz, +, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %,

**Tab. 20 Varianzanalysen der Flint Testkreuzungen (mit Untersaat selektiert) mit Untersaat über die Orte Göttingen und Wiebrechtshausen („KTM“ und „KTS“ zusätzlich in Niederalteich) im Jahr 2012**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Jugendentwicklung (Bonitur)</b>	Orte (O)	1	5,17	0,11**	0,13
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	0,68	0,03**	0,19
	Genotypen (G)	22	0,45	0,08**	0,50
	GO	22	0,12	0,01	0,63
	GB:O	44	0,10	0,03*	0,72
	Restfehler	264	0,07	0,07	
Heritabilität 74%					
<b>Untersaat (Bonitur)</b>	Orte (O)	1	0,01	0,00	0,09
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	4,26	0,18**	0,13
	Genotypen (G)	22	0,06	0,01	0,29
	GO	22	0,04	-0,01	0,45
	GB:O	44	0,05	0,02*	0,50
	Restfehler	264	0,03	0,03	
Heritabilität 38%					
<b>Unkrautbesatz (Anzahl)</b>	Orte (O)	1	1949,30	42,14**	1,38
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	13,86	0,14	1,95
	Genotypen (G)	22	11,72	-0,60	5,51
	GO	22	14,14	1,71	6,60
	GB:O	44	10,72	6,41**	5,79
	Restfehler	176	4,31	4,31	
Heritabilität 0%					
<b>SPAD-Wert</b>	Orte (O)	1	3436,63	74,64**	0,76
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	107,75	4,54**	1,08
	Genotypen (G)	22	31,44	6,90**	2,88
	GO	22	3,85	0,28	3,65
	GB:O	44	3,28	0,70	4,48
	Restfehler	176	2,58	2,58	
Heritabilität 88%					
<b>WH (cm)</b>	Orte (O)	1	39428,95	856,56**	2,19
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	822,93	34,60**	3,10
	Genotypen (G)	22	159,47	28,85**	9,73
	GO	22	44,06	8,44+	10,51
	GB:O	44	27,19	-0,84	14,74
	Restfehler	264	28,02	28,02	
Heritabilität 72%					
<b>KTMk (dt/ha)</b>	Orte (O)	2	15390,13	334,06**	2,02
	Blöcke in. Orten (B:O)	3	911,63	38,62**	2,85
	Genotypen (G)	22	104,36	9,42*	8,05
	GO	44	47,82	12,17**	9,67
	GB:O	66	23,47	3,68	12,37
	Restfehler	396	19,79	19,79	
Heritabilität 54%					
<b>KTS (%)</b>	Orte (O)	2	1220,18	26,52**	
	Blöcke in. Orten (B:O)	3	4,03	0,17**	0,20
	Genotypen (G)	22	10,98	1,67**	1,14
	GO	44	0,96	0,42**	0,69
	GB:O	66	0,12	0,04**	0,76
	Restfehler	396	0,08	0,08	
Heritabilität 91%					

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz, +, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10%, 5 %, 1 %,

**Tab. 21 Varianzanalysen der Dent Testkreuzungen (mit Untersaat selektiert) mit Untersaat über die Orte Göttingen und Wiebrechtshausen („KTM“ und „KTS“ zusätzlich in Niederalteich) im Jahr 2012**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Jugendentwicklung (Bonitur)</b>	Orte (O)	1	3,05	0,06**	0,20
	Tester (T)	1	1,81	0,04	0,83
	OT	1	0,09	0,00	0,28
	Genotypen (G)	21	0,41	0,08**	0,42
	GO	21	0,08	-0,06	0,93
	GT	19	0,18	-0,01	0,93
	GOT	19	0,20	0,14**	0,68
	Restfehler	240	0,06	0,06	
	Heritabilität 80%				
<b>Untersaat (Bonitur)</b>	Orte (O)	1	0,21	0,00*	0,10
	Tester (T)	1	3,59	0,00	4,99
	OT	1	3,40	0,15**	0,14
	Genotypen (G)	21	0,04	-0,01	0,41
	GO	21	0,08	0,02	0,46
	GT	19	0,04	0,00	0,46
	GOT	19	0,05	0,01	0,53
	Restfehler	240	0,04	0,04	
	Heritabilität 0%				
<b>Unkrautbesatz (Anzahl)</b>	Orte (O)	1	1760,96	39,84**	1,26
	Tester (T)	1	9,27	-0,56	15,8
	OT	1	34,03	1,18+	1,78
	Genotypen (G)	21	8,90	1,05+	3,18
	GO	21	4,69	-1,65	5,92
	GT	19	11,99	2,00	5,92
	GOT	19	8,00	3,84*	5,69
	Restfehler	160	4,15	4,15	
	Heritabilität 47%				
<b>SPAD-Wert</b>	Orte (O)	1	2786,12	63,26**	0,72
	Tester (T)	1	244,07	4,24	20,57
	OT	1	57,65	2,50**	1,02
	Genotypen (G)	21	21,35	4,30**	2,99
	GO	21	4,15	0,77	3,38
	GT	19	2,95	0,17	3,38
	GOT	19	2,61	0,19	4,35
	Restfehler	160	2,42	2,42	
	Heritabilität 81%				
<b>WH (cm)</b>	Orte (O)	1	30637,71	695,06**	3,31
	Tester (T)	1	1993,46	18,91	92,33
	OT	1	1161,64	50,30**	4,69
	Genotypen (G)	21	207,27	39,85**	10,18
	GO	21	47,88	-3,64	15,54
	GT	19	28,24	-13,46	15,54
	GOT	19	55,15	33,10**	13,08
	Restfehler	240	22,05	22,05	
	Heritabilität 77%				

**Forts. Tab. 21**

Merkmal	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
<b>KTMk (dt/ha)</b>	Orte (O)	2	25776,12	585,11**	2,42
	Tester (T)	1	2276,49	32,27+	9,08
	OT	2	146,88	5,25*	3,42
	Genotypen (G)	21	97,07	3,64	10,1
	GO	42	75,20	21,94**	11,33
	GT	19	46,26	4,98	9,25
	GOT	38	31,32	11,21*	12,47
	Restfehler	360	20,11	20,11	
	Heritabilität 23%				
<b>KTS (%)</b>	Orte (O)	2	1110,01	25,22**	0,2
	Tester (T)	1	0,06	-0,02	0,92
	OT	2	1,49	0,06**	0,28
	Genotypen (G)	21	2,99	0,38**	0,98
	GO	42	0,71	0,25**	0,92
	GT	19	0,29	0,03	0,75
	GOT	38	0,21	0,12**	0,82
	Restfehler	360	0,09	0,09	
	Heritabilität 76%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz, +, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10%, 5 %, 1 %,

**Tab. 22 Varianzanalyse des Merkmals Blüte (Tage) der Flint und Dent Testkreuzungen in Wiebrechts-  
hausen im Jahr 2012**

Material	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
<b>FxT<sub>D2</sub></b>	Block (B)	1	2,08	0,04	0,62
	Genotyp (G)	23	8,73	3,83**	2,13
	GB	23	1,06	0,10	2,74
	Restfehler	138	0,96	0,96	
	Heritabilität 88%				
<b>DxT<sub>F2/F3</sub></b>	Tester (T)	1	69,85	2,98**	0,69
	Genotyp (G)	22	7,39	3,07**	2,35
	GT	19	1,26	0,22	2,86
	Restfehler	123	1,04	1,04	
	Heritabilität 83%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, F= Flint, D = Dent, T = Tester, T<sub>D2</sub> = 3-Wege-Dent-Hybride, T<sub>F2</sub> = 3-Wege-Flint-Hybride, T<sub>F3</sub> = Flint Linie, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 1 %

Für beide Materialgruppen ohne Untersaat bestand eine signifikant negative Korrelation zwischen den Merkmalen Blüte und SPAD-Wert und eine signifikant positive zwischen Blüte und KTMk (Tab. 23). D.h. früh blühende Genotypen zeigten hohe SPAD-Werte, aber hatten einen niedrigeren KTMk. So zeigte sich eine signifikant negative Korrelation zwischen WH und SPAD-Wert und eine signifikant positive zwischen WH und KTMk in den Materialgruppen ohne Untersaat. Zudem war eine signifikant negative Korrelation zwischen SPAD-Wert und KTM zu beobachten. Bei den Flint Testkreuzungen ohne Untersaat korrelierte die Jugendentwicklung signifikant positiv mit dem KTMk.

In den Materialgruppen mit Untersaat waren insgesamt wenige Korrelationen signifikant. In dem Flint Material mit Untersaat bestand eine signifikant negative Korrelation zwischen WH und SPAD-Wert, so wie in den Materialgruppen ohne Untersaat. In dem Dent Material mit Untersaat zeigte die WH eine



signifikant negative Korrelation mit dem Unkrautbesatz. Ebenfalls im Dent Material zeigte sich eine signifikant positive Korrelation von SPAD-Wert und Untersaat.

**Tab. 23 Phänotypische Korrelationen der Flint und Dent Testkreuzungen über die Standorte Göttingen und Wiebrechtshausen („Blüte“ nur Wiebrechtshausen, „KTMk“ und „KTS“ zusätzlich in Niederalteich) im Jahr 2012**

FxT <sub>D2</sub>	<b>Blüte (Tage)</b>	0,208						
ohne US sel.	<b>WH (cm)</b>	0,159	0,369					
ohne US	<b>SPAD-Wert</b>	-0,176	-0,723**	-0,599**				
	<b>PAR (%)</b>	-0,004	0,144	0,145	-0,207			
	<b>KTS (%)</b>	-0,398	0,027	-0,022	0,084	0,552**		
	<b>KTMk (dt/ha)</b>	0,456*	0,614**	0,683**	-0,593**	-0,001	-0,163	
DxT <sub>F2/F3</sub>	<b>Blüte (Tage)</b>	-0,236						
ohne US sel.	<b>WH (cm)</b>	0,252	0,207					
ohne US	<b>SPAD-Wert</b>	-0,201	-0,536**	-0,552**				
	<b>PAR (%)</b>	0,116	-0,226	0,228	0,121			
	<b>KTS (%)</b>	0,054	-0,321	-0,336	0,285	0,028		
	<b>KTMk (dt/ha)</b>	0,197	0,428*	0,528**	-0,548**	-0,165	-0,330	
		<b>Jugend.</b>			<b>Chlorophyll</b>			
		<b>(Bonitur)</b>	<b>Blüte (Tage)</b>	<b>WH (cm)</b>	<b>(SPAD)</b>	<b>PAR (%)</b>	<b>KTS (%)</b>	
FxT <sub>D2</sub>	<b>Untersaat (Bonitur)</b>	-0,148						
mit US sel.	<b>WH (cm)</b>	-0,234	0,201					
mit US	<b>SPAD-Wert</b>	-0,050	-0,241	-0,509*				
	<b>KTS (%)</b>	0,057	0,354	0,196	-0,002			
	<b>Unkraut. (Anzahl)</b>	-0,089	0,118	0,049	0,003	-0,043		
	<b>KTMk (dt/ha)</b>	0,145	-0,130	-0,009	-0,203	-0,210	-0,449*	
DxT <sub>F2/F3</sub>	<b>Untersaat (Bonitur)</b>	0,282						
mit US sel.	<b>WH (cm)</b>	0,240	0,084					
mit US	<b>SPAD-Wert</b>	0,366	0,491*	-0,172				
	<b>KTS (%)</b>	0,328	0,270	-0,090	0,051			
	<b>Unkraut. (Anzahl)</b>	-0,359	-0,152	-0,431*	-0,377	0,035		
	<b>KTMk (dt/ha)</b>	-0,072	-0,010	0,387	-0,177	-0,201	-0,008	
		<b>Jugend.</b>	<b>Untersaat</b>		<b>Chlorophyll</b>		<b>Unkraut.</b>	
		<b>(Bonitur)</b>	<b>(Bonitur)</b>	<b>WH (cm)</b>	<b>(SPAD)</b>	<b>KTS (%)</b>	<b>(Anzahl)</b>	

F = Flint, D = Dent, T = Tester, T<sub>D2</sub> = 3-Wege-Dent-Hybride, T<sub>F2</sub> = 3-Wege-Flint-Hybride, T<sub>F3</sub> = Flint Linie, US = Untersaat, sel. = selektiert, Blüte (Tage) wurde nur am Standort Wiebrechtshausen in den Versuchen ohne Untersaat erfasst, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz, Unkraut. = Unkrautbesatz, Jugend. = Jugendentwicklung, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

Im Versuchsjahr 2012 wurden erneut nach einer grafischen Selektion basierend auf KTMk und KTS (beschrieben in Material und Methoden 2.2.7) je Materialgruppe sieben Genotypen selektiert (Tab. 24). Auch in diesem Jahr gab es einige Überschneidungen zwischen den Varianten. Die Dent bzw. Flint Linien aus den selektierten Testkreuzungen sollten dann je Selektionsgruppe, d.h. ohne oder mit Untersaat selektiert, in einem Faktoriell im Winterzuchtgarten gekreuzt werden, um die Experimentalhybriden im Versuchsjahr 2013 prüfen zu können.

**Tab. 24 Selektierte Prüfglieder im Jahr 2012**

Material	Selektionsgruppe	Variante	selektierte Prüfglieder 2012						
FxT <sub>D2</sub>	ohne US	ohne US	41	<b>56</b>	60	<b>62</b>	63	<b>70</b>	<b>90</b>
FxT <sub>D2</sub>	mit US	mit US	<b>56</b>	<b>62</b>	66	<b>70</b>	71	73	<b>90</b>
DxT <sub>F2/F3</sub>	ohne US	ohne US	<b>2</b>	16	17	<b>19</b>	33	<b>58</b>	64
DxT <sub>F2/F3</sub>	mit US	mit US	<b>2</b>	9	13	18	<b>19</b>	<b>58</b>	62

F = Flint, D = Dent, T = Tester, T<sub>D2</sub> = 3-Wege-Dent-Hybride, T<sub>F2</sub> = 3-Wege-Flint-Hybride, T<sub>F3</sub> = Flint Linie, US = Untersaat, in Fett-Schrift sind übereinstimmende Prüfglieder in beiden Varianten markiert.

### 2.3.3 Versuchsjahr 2013

Die Mittelwerte der Merkmale Jugendentwicklung, SPAD-Wert und WH waren in der Variante ohne Untersaat höher als in der Variante mit Untersaat (Tab. 25). Die Blüte erfolgte in der Variante mit Untersaat später, die KTS war dennoch höher. Die Mittelwerte für den KTMk lagen mit Untersaat höher als ohne Untersaat. Die Experimentalhybriden, die mit Untersaat selektiert worden waren, zeigten in beiden Varianten eine etwas schnellere Jugendentwicklung und frühere Blüte sowie eine geringere Menge Untersaat gegenüber den ohne Untersaat selektierten Experimentalhybriden. Mit den Merkmalen C SPAD-Wert und WH verhielt es sich reziprok; bei den ohne Untersaat selektierten waren höhere Werte zu beobachten. In der Variante mit Untersaat war der KTMk der ohne Untersaat selektierten Experimentalhybriden etwas höher. Die KTS unterschied sich nicht wesentlich zwischen den beiden Selektionsgruppen.

Die Wiederholbarkeit lag für alle Merkmale mit Ausnahme des KTMk in der Variante ohne Untersaat höher (Tab. 25). Beim KTMk lag sie für die ohne Untersaat selektierten Experimentalhybriden in der Variante ohne Untersaat und bei den mit Untersaat selektierten in der Variante mit Untersaat bei 57 und 50%, während sie in der jeweils anderen Variante mit 37% und 23% deutlich niedriger war. Die Wiederholbarkeit der Merkmale Untersaat, Blüte und KTS war in der Variante mit Untersaat für die mit Untersaat selektierte Gruppe deutlich niedriger als für die ohne Untersaat selektierte.

Unter konventionellen Anbaubedingungen sind die Mittelwerte der Jugendentwicklung, WH und KTS höher (Tab. 26). Den Mittelwerten für KTM und KTS unter konventionellen Anbaubedingungen lagen Daten von drei Standorten zugrunde. An dem südlichen Standort Niederalteich war die KTS deutlich höher als in Göttingen und Wiebrechtshausen. Die KTM war unter konventionellem Anbau auf gleichem Niveau wie unter ökologischem. Da es sich um verschiedene Standorte handelte, sind die Werte aber nur eingeschränkt vergleichbar. Wie unter den ökologischen Anbaubedingungen zeigten die mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden eine etwas schnellere Jugendentwicklung. Ihre Blattstellung war etwas planophiler und sie zeigten einen leicht höheren KTM. Die WH war wiederum in der Gruppe der ohne Untersaat selektierten Experimentalhybriden höher. Für das Merkmal KTS gab es kaum Unterschiede. Die Heritabilität lag in der Gruppe der ohne Untersaat selektierten Experimentalhybriden zwischen 50 und 90%, und in der Gruppe der mit Untersaat selektierten zwischen 35 und 93%.

**Tab. 25 Mittelwerte der ohne und mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden unter ökologischen Anbaubedingungen am Standort Göttingen im Jahr 2013**

	Parameter	Jugendentwicklung (Bonitur)	Untersaat (Bonitur)	SPAD-Wert	Blüte (Tage)	WH (cm)	KTMk (dt/ha)	KTS (%)
Exp.Hyb.	Wiederholbarkeit (%)	58		46	65	85	57	89
ohne US selektiert	Grenzdifferenz	1,20		3,77	2,57	12,32	19,63	1,09
ohne US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>4,84</b>		<b>52,98</b>	<b>87,5</b>	<b>290,32</b>	<b>107,71</b>	<b>66,47</b>
Exp.Hyb.	Wiederholbarkeit (%)	66		49	72	81	37	90
mit US selektiert	Grenzdifferenz	1,11		3,75	2,00	12,77	22,61	1,03
ohne US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>5,17</b>		<b>52,28</b>	<b>86,78</b>	<b>285,07</b>	<b>107,84</b>	<b>66,45</b>
Exp.Hyb.	Wiederholbarkeit (%)	53	31	43	41	68	23	87
ohne US selektiert	Grenzdifferenz	1,37	2,04	4,08	4,27	15,85	26,45	1,12
mit US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>4,40</b>	<b>5,30</b>	<b>51,02</b>	<b>88,22</b>	<b>272,62</b>	<b>120,59</b>	<b>66,64</b>
Exp.Hyb.	Wiederholbarkeit (%)	43	5	44	19	64	50	64
mit US selektiert	Grenzdifferenz	1,43	2,44	4,34	3,82	15,12	26,99	1,62
mit US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>4,69</b>	<b>5,17</b>	<b>49,98</b>	<b>87,30</b>	<b>267,05</b>	<b>118,73</b>	<b>66,69</b>

Exp.Hyb. = Experimentalhybriden, US = Untersaat, Grenzdifferenz bei 5% Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz

**Tab. 26 Mittelwerte der ohne und mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden unter konventionellen Anbaubedingungen über die Orte Göttingen und Einbeck („KTM“ und „KTS“ zusätzlich in Niederaltich) im Jahr 2013**

	Parameter	Jugendentwicklung (Bonitur)	Blattstellung (Bonitur)	WH (cm)	KTM (dt/ha)	KTS (%)
Exp.Hyb.	Heritabilität (%)	52	81	50	53	90
ohne US selektiert	Grenzdifferenz	1,26	1,21	20,22	12,10	0,80
	<b>Mittelwert</b>	<b>6,05</b>	<b>5,30</b>	<b>301,56</b>	<b>117,33</b>	<b>69,37</b>
Exp.Hyb.	Heritabilität (%)	45	79	35	44	93
mit US selektiert	Grenzdifferenz	1,37	1,14	20,21	11,25	0,73
	<b>Mittelwert</b>	<b>6,26</b>	<b>5,90</b>	<b>295,54</b>	<b>122,91</b>	<b>69,14</b>

Exp.Hyb.=Experimentalhybriden, US= Untersaat, Grenzdifferenz bei 5% Irrtumswahrscheinlichkeit, WH=Wuchshöhe, KTM=Korntrockenmasseertrag, KTS=Korntrockensubstanz

In der Varianzanalyse für die Versuche unter ökologischen Anbaubedingungen zeigte sich für alle Merkmale ein signifikanter Unterschied zwischen den Varianten mit  $P = 1\%$  bzw. für das Merkmal Blüte mit  $P = 5\%$  (Tab. 27). Für jedes Merkmal waren zudem hoch signifikante genotypische Unterschiede zu beobachten. Eine signifikante Interaktion von Varianten und Genotypen innerhalb der Selektionsgruppen gab es nur für den KTS. Zwischen den Selektionsgruppen zeigte sich bei den Merkmalen Jugendentwicklung, SPAD-Wert und Blühzeitpunkt ein signifikanter Unterschied mit  $P = 5\%$  und bei WH mit  $P = 1\%$ . Für KTMk und KTS gab es keine signifikante Varianz zwischen den Selektionsgruppen. Eine signifikante Interaktion von Variante und Selektionsgruppe ergab sich nicht. Die Heritabilität für die einzelnen Merkmale lag zwischen 69 und 92 %.

Für das Merkmal Untersaat war ein schwach signifikanter Unterschied zwischen den Genotypen zu beobachten, allerdings nicht zwischen den Selektionsgruppen (Tab. 28). Die Heritabilität dieses Merkmals lag bei 32 % (Tab. 28). Die Wiederholbarkeit bei Betrachtung der einzelnen Materialgruppen war in der Selektionsgruppe ohne Untersaat mit 31 % deutlich höher als in der mit Untersaat selektierten Gruppe mit 5 % (Tab. 25).

Bei den Versuchen unter konventionellen Anbaubedingungen zeigte sich für alle Merkmale ein hoch signifikanter Ortseffekt sowie eine hochsignifikante Varianz zwischen den Genotypen (Tab. 29). Für die Merkmale Blattstellung und WH war zudem ein schwach signifikanter Unterschied zwischen den Selektionsgruppen zu verzeichnen. Eine schwach signifikante Interaktion von Ort und Selektionsgruppe zeigte sich beim KTM. Bei der WH gab es eine ebenfalls schwach signifikante Interaktion von Ort und Genotypen innerhalb der Selektionsgruppen. Über beide Selektionsgruppen gerechnet lag die Heritabilität zwischen 49 und 92 %.

**Tab. 27 Varianzanalysen der ohne und mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden über die Varianten ohne und mit Untersaat unter ökologischen Anbaubedingungen am Standort Göttingen im Jahr 2013**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Jugendentwicklung (Bonitur)</b>	Variante (V)	1	5,2381	0,0839**	0,16
	Selektionsgruppe (S)	1	0,9264	0,0121*	0,16
	Genotyp (G) innerhalb S	56	1,1762	0,4869**	0,9
	VS	1	0,0088	-0,0065	0,23
	VG innerhalb S	56	0,2024	0,0066	1,24
	Restfehler	112	0,1959	0,1959	
	Heritabilität 83%				
<b>SPAD-Wert</b>	Variante (V)	1	126,5939	2,0701**	0,57
	Selektionsgruppe (S)	1	11,8124	0,1571*	0,57
	Genotyp (G) innerhalb S	56	7,9842	2,798**	3,1
	VS	1	0,4899	-0,0633	0,8
	VG innerhalb S	56	2,3881	0,4836	3,87
	Restfehler	112	1,9045	1,9045	
	Heritabilität 70%				
<b>Blüte (Tage)</b>	Variante (V)	1	9,0279	0,128*	0,43
	Selektionsgruppe (S)	1	7,0615	0,0952*	0,43
	Genotyp (G) innerhalb S	56	5,9108	2,2802**	2,33
	VS	1	0,1624	-0,0396	0,6
	VG innerhalb S	56	1,3505	0,0577	3,19
	Restfehler	112	1,2929	1,2929	
	Heritabilität 77%				
<b>WH (cm)</b>	Variante (V)	1	7561,4226	125,5922**	1,86
	Selektionsgruppe (S)	1	462,628	7,2789**	1,86
	Genotyp (G) innerhalb S	56	317,7938	145,9511**	10,19
	VS	1	1,0379	-0,8285	2,63
	VG innerhalb S	56	25,8916	2,2007	13,64
	Restfehler	112	23,6908	23,6908	
	Heritabilität 92%				
<b>KTMk (dt/ha)</b>	Variante (V)	1	3939,4595	64,2408**	3,38
	Selektionsgruppe (S)	1	102,6509	0,2940	3,38
	Genotyp (G) innerhalb S	56	278,6564	96,8236**	18,51
	VS	1	31,9665	-1,7681	4,78
	VG innerhalb S	51	85,0093	17,7505	23,05
	Restfehler	88	67,2587	67,2587	
	Heritabilität 69%				
<b>KTS (%)</b>	Variante (V)	1	4,5628	0,0684**	0,25
	Selektionsgruppe (S)	1	0,0289	-0,0072	0,25
	Genotyp (G) innerhalb S	56	3,7253	1,6327**	1,36
	VS	1	0,0471	-0,0138	0,35
	VG innerhalb S	51	0,4599	0,2816**	1,19
	Restfehler	88	0,1784	0,1784	
	Heritabilität 88%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

**Tab. 28 Varianzanalyse des Merkmals Untersaat (Bonitur) am Standort Göttingen im Jahr 2013**

Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
Selektionsgruppe (S)	1	0,09	-0,03	0,48
Genotyp innerhalb S	56	0,86	0,27+	2,19
Restfehler	56	0,60	0,60	

Heritabilität 31%

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, + = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %

**Tab. 29 Varianzanalysen der ohne und mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden unter konventionellen Anbaubedingungen über die Orte Göttingen und Einbeck („KTM“ und „KTS“ zusätzlich in Niederaltreich) im Jahr 2013**

Merkmal	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
<b>Jugendentwicklung (Bonitur)</b>	Orte (O)	1	72,7019	1,2048**	0,24
	Selektionsgruppe (S)	1	0,7443	0,0124	
	Genotyp innerhalb S	56	0,8156	0,2011**	1,29
	SO	1	0	-0,0138	
	OG:S	56	0,4135	-0,1706	2,14
	Restfehler	112	0,5841	0,5841	
	Heritabilität 49%				
<b>Blattstellung (Bonitur)</b>	Orte (O)	1	3,8276	0,0583**	0,21
	Selektionsgruppe (S)	1	6,0368	0,0993+	0,65
	Genotyp innerhalb S	56	1,68	0,6755**	1,15
	SO	1	0,0795	-0,0083	0,3
	OG:S	56	0,329	-0,6304	2,74
	Restfehler	112	0,9594	0,9594	
	Heritabilität 80%				
<b>WH (cm)</b>	Orte (O)	1	12079,7758	199,7058**	3,61
	Selektionsgruppe (S)	1	313,3656	5,1386+	5,21
	Genotyp innerhalb S	56	192,047	47,3102**	19,77
	SO	1	5,0504	-3,0792	5,11
	OG:S	56	97,4266	25,0006+	23,85
	Restfehler	112	72,426	72,426	
	Heritabilität 49%				
<b>KTM (dt/ha)</b>	Orte (O)	2	3423,0204	56,2025**	2,58
	Selektionsgruppe (S)	1	780,0964	7,31306	7,08
	Genotyp innerhalb S	56	102,1903	17,1072**	11,54
	SO	2	121,9248	2,3685+	3,65
	OG:S	112	50,8687	-36,3948	26,08
	Restfehler	168	87,2635	87,2635	
	Heritabilität 50%				
<b>KTS (%)</b>	Orte (O)	2	1165,3196	19,4183**	0,17
	Selektionsgruppe (S)	1	1,5816	0,0152	0,30
	Genotyp innerhalb S	56	2,5958	0,7921**	0,76
	SO	2	0,2126	-0,0002	0,24
	OG:S	112	0,2194	-0,6999	2,68
	Restfehler	168	0,9193	0,9193	
	Heritabilität 92%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTS = Komtrockensubstanz, +, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 1 %

Bei Betrachtung der Versuche unter ökologischen Anbaubedingungen war die Jugendentwicklung über beide Selektionsgruppen und Varianten signifikant negativ mit der Blüte korreliert, d.h. Genotypen mit einer schnellen Jugendentwicklung blühten früher (Tab. 30). Bei den Experimentalhybriden, die in der Variante ohne Untersaat selektiert wurden, zeigte sich zudem eine signifikant negative Korrelation zwischen Jugendentwicklung und WH, d.h. dass Genotypen mit einer schnellen Jugendentwicklung eine geringere WH erreichten. Zwischen Jugendentwicklung und KTMk hingegen zeigte sich in der Variante ohne Untersaat eine signifikant positive Korrelation. In dieser Variante zeigte sich bei dieser Selektionsgruppe auch eine signifikant positive Korrelation zwischen KTS und WH sowie eine signifikant negative zwischen KTS und KTMk. Auch der Blühzeitpunkt war hier signifikant negativ mit dem KTMk korreliert. Der SPAD-Wert zeigte in der Variante ohne Untersaat eine signifikante negative Korrelation mit dem Merkmal Blüte in der Gruppe ohne Untersaat selektierter Experimentalhybriden und in der Gruppe mit Untersaat selektierter eine signifikant negative Korrelation mit dem Merkmal KTS. In der Variante mit Untersaat waren KTS und KTMk bei den mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden signifikant negativ miteinander korreliert.

Bei den Versuchen unter konventionellen Anbaubedingungen zeigte sich für beide Selektionsgruppen eine signifikant positive Korrelation von KTM und Blattstellung (Tab. 31). Für die ohne Untersaat selektierten Experimentalhybriden gab es zudem eine signifikant positive Korrelation von KTM und Jugendentwicklung, ebenso wie zwischen Jugendentwicklung und Blattstellung. Die Jugendentwicklung war darüber hinaus in dieser Selektionsgruppe signifikant negativ mit WH korreliert. In beiden Selektionsgruppen gab es signifikant negative Korrelationen zwischen KTM und KTS.



**Tab. 30 Phänotypische Korrelationen der ohne und mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden unter ökologischen Anbaubedingungen am Standort Göttingen im Jahr 2013**

Exp.Hyb.	SPAD-Wert	0,096					
ohne US sel.	Blüte (Tage)	-0,589**	-0,569**				
ohne US	WH (cm)	-0,506**	-0,077	0,333			
	KTS (%)	-0,070	-0,129	0,169	0,528**		
	KTMk (dt/ha)	0,405*	0,013	-0,465*	-0,323	-0,420*	
<hr/>							
Exp.Hyb.	SPAD-Wert	-0,130					
mit US sel.	Blüte (Tage)	-0,697**	0,040				
ohne US	WH (cm)	-0,241	-0,001	-0,062			
	KTS (%)	0,243	-0,508**	-0,281	0,322		
	KTMk (dt/ha)	0,322	0,001	-0,289	-0,001	-0,169	
<hr/>							
		<b>Jugend. (Bonitur)</b>	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	<b>Blüte (Tage)</b>	<b>WH (cm)</b>	<b>KTS (%)</b>	
<hr/>							
Exp.Hyb.	Untersaat (Bonitur)	-0,256					
ohne US sel.	SPAD-Wert	0,002	-0,063				
mit US	Blüte (Tage)	-0,538**	0,190	-0,360			
	WH (cm)	-0,403*	0,296	-0,309	0,322		
	KTS (%)	-0,263	-0,152	-0,088	0,219	0,297	
	KTMk (dt/ha)	0,158	0,009	0,172	-0,344	-0,045	-0,369
<hr/>							
Exp.Hyb.	Untersaat (Bonitur)	-0,353					
mit US sel.	SPAD-Wert	-0,177	-0,054				
mit US	Blüte (Tage)	-0,510**	-0,077	-0,049			
	WH (cm)	-0,180	0,239	-0,215	0,111		
	KTS (%)	0,039	-0,094	-0,284	-0,155	0,265	
	KTMk (dt/ha)	0,077	-0,130	0,289	-0,083	0,113	-0,486*
<hr/>							
		<b>Jugend. (Bonitur)</b>	<b>Untersaat (Bonitur)</b>	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	<b>Blüte (Tage)</b>	<b>WH (cm)</b>	<b>KTS (%)</b>

Exp.Hyb. = Experimentalhybriden, US = Untersaat, sel. = selektiert, WH = Wuchshöhe, KTS = Korntrockensubstanz, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, Jugend. = Jugendentwicklung, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

**Tab. 31 Phänotypische Korrelationen der ohne und mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden unter konventionellen Anbaubedingungen über die Orte Göttingen und Einbeck („KTM“ und „KTS“ zusätzlich in Niederaltich) im Jahr 2013**

Exp.Hyb.	Blattstellung (Bonitur)	0,415*				
ohne US selektiert	WH (cm)	-0,414*	-0,129			
	KTM (dt/ha)	0,422*	0,425*	-0,300		
	KTS (%)	-0,058	-0,204	0,106	-0,639**	
<hr/>						
Exp.Hyb.	Blattstellung (Bonitur)	0,228				
mit US selektiert	WH (cm)	-0,202	0,076			
	KTM (dt/ha)	0,225	0,600**	0,132		
	KTS (%)	0,265	-0,305	-0,137	-0,503**	
<hr/>						
		<b>Jugend. (Bonitur)</b>	<b>Blattstellung (Bonitur)</b>	<b>WH (cm)</b>	<b>KTM (dt/ha)</b>	

Exp.Hyb. = Experimentalhybriden, US = Untersaat, WH = Wuchshöhe, KTM = Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz, Jugend. = Jugendentwicklung, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

Bei dem Vergleich der KTMk und KTS der Experimentalhybriden, die ohne und mit Untersaat selektiert worden waren, zeigte sich weder in der Variante ohne Untersaat (Abb. 3) noch in der Variante mit Untersaat (Abb. 4) eine klare Überlegenheit einer Selektionsgruppe über die andere.

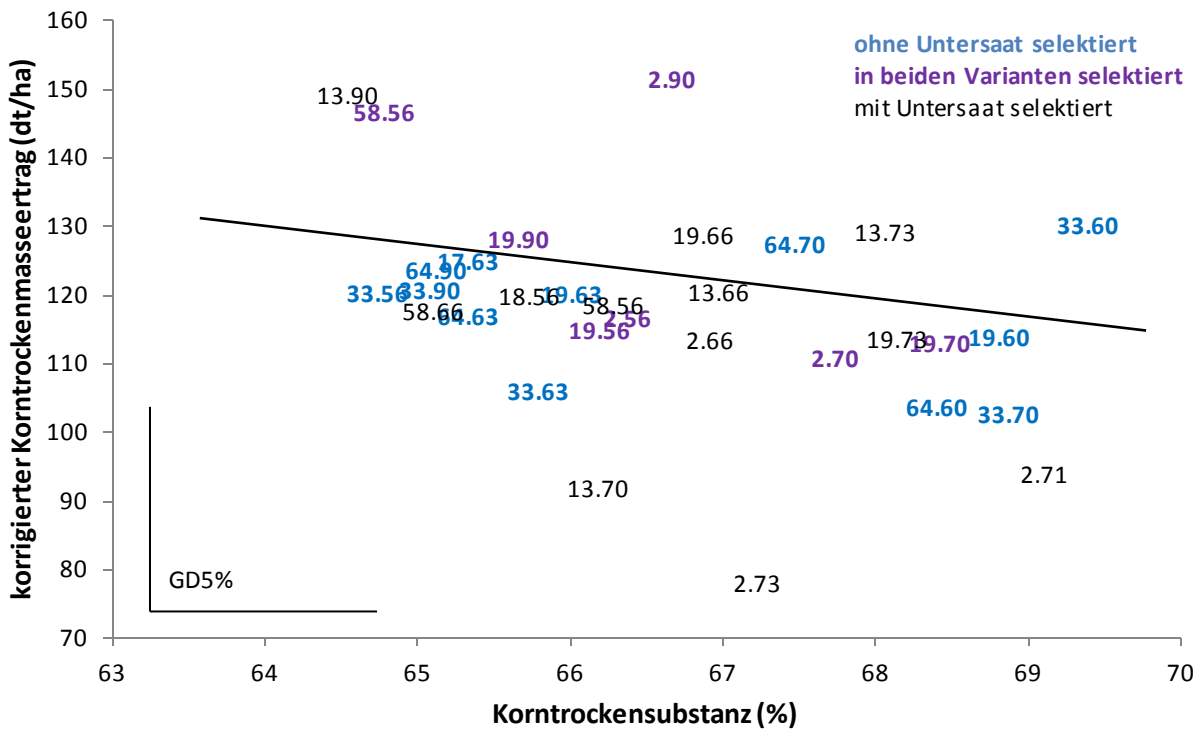


Abb. 3 Vergleich der ohne und mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden in der Variante ohne Untersaat am Standort Göttingen im Jahr 2013

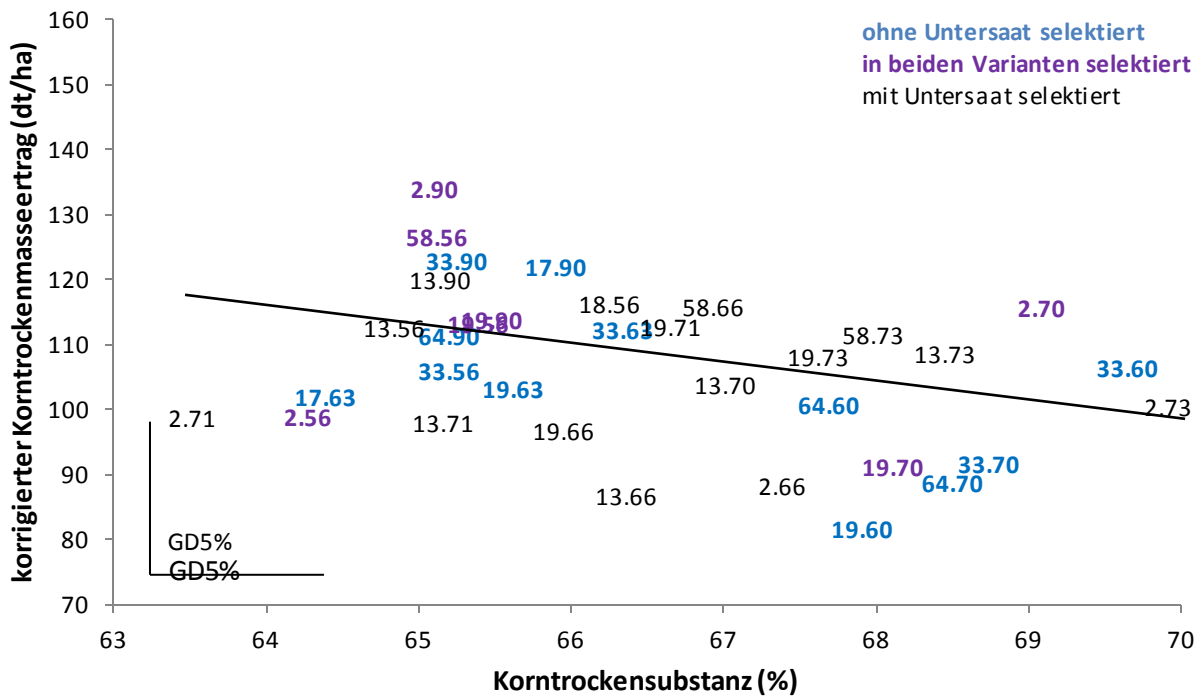


Abb. 4 Vergleich der ohne und mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden in der Variante mit Untersaat am Standort Göttingen im Jahr 2013

### 2.3.4 C/N-Analyse

Die N-Gehalte (%) waren bei der Untersaat mit im Mittel 2,35 % am höchsten, während die N-Gehalte im Mais in der Variante ohne Untersaat sowohl im Spross als auch im Kolben mit 0,90 und 1,17 % höher waren als in der Variante mit Untersaat mit 0,82 und 1,12 % (Tab. 32). Im Kolben war der N-Gehalt höher als in der Restpflanze. Der C-Gehalt war in der Untersaat geringer als im Mais. Bei den Maispflanzen unterschied er sich zwischen den Varianten ohne und mit Untersaat nicht wesentlich. Insgesamt war das C/N-Verhältnis in der Untersaat deutlich am kleinsten mit 16,97 %, und fiel für den Maisspross mit Untersaat mit 54,89 % weiter aus als ohne Untersaat mit 49,57 %. Für den Kolben unterschied sich das C/N-Verhältnis wenig, mit Untersaat war es bei 38,52 %, ohne Untersaat bei 37,35 %.

Im Jahr 2011 war der N-Gehalt im Spross der Flint-Testkreuzungen mit Untersaat in Göttingen mit 0,66 % sehr niedrig gegenüber den anderen Versuchen und Orten mit Werten von 0,80 und 0,85 % (Tab. 32). Bei den Dent-Testkreuzungen in Wiebrechtshausen unterschieden sich die N-Gehalte der Maispflanzen ohne und mit Untersaat hingegen kaum. Auch 2012 gab es in Wiebrechtshausen zwischen den Versuchen 159/157 mit/ohne Untersaat keinen Unterschied für den N-Gehalt im Spross. Der N-Gehalt im Kolben war dagegen in der Variante ohne Untersaat deutlich höher.

**Tab. 32 Ergebnisse der C/N-Analysen 2011-2013 (Mittelwerte über 3-5 Prüfglieder)**

Jahr	Ort	Versuch	Untersaat			Mais mit Untersaat						Mais ohne Untersaat					
			N%	C%	C/N	Spross			Kolben*			Spross			Kolben*		
			N%	C%	C/N	N%	C%	C/N	N%	C%	C/N	N%	C%	C/N	N%	C%	C/N
2011	Göttingen	152/151	2,01	40,53	20,65	0,66	43,46	66,92	1,14	42,98	37,82	0,83	43,24	54,92	1,23	43,01	35,35
		154/153	2,44	40,20	16,94	0,80	43,28	57,81	1,18	43,03	36,64	0,85	42,97	52,01	1,18	43,04	36,68
	Wiebrecht.	152/151	1,77	40,10	22,96	0,80	43,87	55,50	1,14	42,67	37,46	0,84	43,83	52,64	1,25	42,77	34,35
		154/153	1,99	38,35	19,29	0,85	43,78	52,56	1,19	42,77	36,31	0,85	43,56	52,60	1,18	42,62	36,71
2012	Göttingen	159/157	2,70	37,01	14,01	0,70	43,10	63,67	0,99	42,47	43,03	0,78	42,83	54,98	0,98	42,42	43,70
		160/158	2,62	37,12	14,46	0,75	42,61	57,44	1,01	42,37	42,04	0,82	42,61	52,64	0,97	42,54	43,83
	Wiebrecht.	159/157	2,63	35,78	13,89	0,95	42,98	46,22	1,16	42,83	37,37	0,95	42,73	46,41	1,25	43,08	34,66
		160/158	2,39	35,10	15,00	0,99	42,87	43,98	1,09	42,55	39,27	1,13	42,46	38,02	1,21	43,10	35,76
2013	Göttingen	141/140	2,59	39,92	15,57	0,91	44,43	49,89	1,22	44,44	36,72	1,07	44,20	41,87	1,27	44,31	35,11
<b>Mittel</b>			<b>2,35</b>	<b>38,23</b>	<b>16,97</b>	<b>0,82</b>	<b>43,38</b>	<b>54,89</b>	<b>1,12</b>	<b>42,90</b>	<b>38,52</b>	<b>0,90</b>	<b>43,16</b>	<b>49,57</b>	<b>1,17</b>	<b>42,99</b>	<b>37,35</b>

C=Kohlenstoff, N=Stickstoff, Wiebrecht. = Wiebrechtshausen, \* 2011 wurde der komplette Kolben (Körner und Spindel) vermahlen und analysiert, 2012 und 2013 nur die Körner

## 2.4 Diskussion

### 2.4.1 Bemerkungen zum Versuch

#### 2.4.1.1 Untersaat als Unkrautsimulation

Durch die Mischung aus Winterroggen, Wegwarte und Buchweizen sollten unterschiedliche Wuchstypen repräsentiert werden. In anderen Studien wurden als Unkrautsimulation in Mais Sonnenblumen (Goldstein et al. 2007) bzw. Winterweizen (Cerrudo et al. 2012) eingesät, wenn nicht die natürliche Verunkrautung genutzt wurde. Die Sonnenblumen waren wenig geeignet, da sie unter dem Mais nicht gut wuchsen, während sich mit dem Winterweizen unter konventionellen Bedingungen eine gleichmäßige Unkrautsimulation herstellen ließ. In unterschiedlichen Studien wurde beschrieben, dass dikotyle Unkräuter (Cumberland et al. 1971) oder aber Gräser (James et al. 2000) einen größeren Effekt auf den Maisertrag hatten. Im vorliegenden Versuch sollte die Wirkung einer Mischung unterschiedlicher Unkrautgruppen simuliert werden.

Es waren aber nicht alle Mischungspartner der Untersaat in den Parzellen entsprechend der angestrebten Bestandesdichte vertreten. So dominierte trotz der zunächst erfolgreichen Etablierung sämtlicher Mischungspartner mit fortschreitender Vegetation der Buchweizen. Der Roggen war in allen Versuchsjahren ca. vier Wochen nach Auflaufen der Untersaat kaum noch zu sehen, während die Wegwarte im Versuchsjahr 2013, nachdem es nach der Aussaat eine längere Trockenperiode gegeben hatte, einen höheren Anteil in der Mischung als in den Jahren zuvor verzeichnete. Obwohl schon im ersten Versuchsjahr 2011 der Buchweizen in der Untersaatmischung dominierte, wurde dennoch diese Mischung beibehalten um die Versuchsbedingungen möglichst konstant zu halten.

Trotz Einsaat dieser kontrollierten Unkrautsimulation ist es nicht gänzlich gelungen den Unkrautdruck über das ganze Versuchsfeld gleichmäßig zu halten. Obwohl vor der Aussaat der Untersaat eine intensive mechanische und manuelle Unkrautbekämpfung stattgefunden hat, war es nicht gelungen die natürliche Verunkrautung in der Variante mit Untersaat auszuschließen, während dies in der Variante ohne Untersaat weitestgehend gelang. Nach der Einsaat der Untersaat lief weiteres Unkraut auf, das dann nur noch schwer zu bekämpfen war. Der natürliche Unkrautdruck war, wie auch von Ghaouti et al. (2016), Cerrudo et al. (2012) und Saito (2014) beschrieben, von Ort zu Ort und Jahr zu Jahr bzw. Feld zu Feld unterschiedlich und auch innerhalb eines Versuches trat das Unkraut nicht gleichmäßig auf (Tab. 20 und 21). Die vorherrschende Unkrautart in Wiebrechtshausen war Weißer Gänsefuß (*Chenopodium album*) und in Göttingen besonders im Jahr 2011 Ackersenf (*Sinapis arvensis*) und später auch Acker-Schachtelhalm (*Equisetum arvense*). An beiden Standorten trat punktuell in Nestern Ackerkratzdistel (*Cirsium arvense*) auf.

Die Untersaat selbst war ebenfalls nicht völlig gleichmäßig über die jeweiligen Versuche hinweg. So zeigten sich teilweise signifikante Unterschiede nicht nur zwischen Orten sondern auch zwischen Wiederholungen und Blöcken. Zudem war der Versuchsfehler hoch und die Heritabilität des Merkmals mit Werten zwischen 0 und 38 % sehr gering (Tab. 7,8, 20, 21 und 28). Um eine bessere Vergleichbarkeit insbesondere der Varianten zu haben, wäre es eventuell besser gewesen die Varianten ohne und mit Untersaat nicht als getrennte Versuche anzulegen, sondern zusammen in einer Spalt-Anlage. Dies war aus versuchstechnischen Gründen aber nicht möglich. Dadurch, dass bei einer Gitteranlage die Parzellen-

werte mit den Blockeffekten adjustiert werden, ließen sich Unterschiede in der Untersaat und dem Boden innerhalb eines Versuches teilweise ausgleichen.

#### **2.4.1.2 Fehlstellen innerhalb der Maisbestände und Korrektur des Kornertrags**

Eine Schwierigkeit in diesem Projekt waren die vielen Fehlstellen innerhalb der Maisbestände, zum Teil standen deutlich weniger als die angestrebten 96 Maispflanzen in einer Parzelle. Im ersten Versuchsjahr 2011 führte Vogelfraß in Wiebrechtshausen zu Fehlstellen. Am Standort Göttingen und Niederalteich gab es 2011 und 2012 keine Probleme mit fehlenden Maispflanzen. In Wiebrechtshausen fehlten 2012 durchschnittlich ca. 30 % der Pflanzen. Im Jahr 2013 fehlten sowohl in Göttingen als auch in Wiebrechtshausen fast 50 % der Maispflanzen (Daten nicht gezeigt). In Wiebrechtshausen war der Mais zudem sehr schlecht entwickelt. Die Witterungsbedingungen im Jahr 2013 waren für Mais insgesamt sehr schwierig. Die Versuchsfläche in Wiebrechtshausen stand vor der Aussaat mehrere Tage unter Wasser, während der Versuch in Niederalteich nach der Aussaat überflutet wurde und nicht mehr weitergeführt werden konnte. In Wiebrechtshausen führte die Nässe zu einem sehr ungleichmäßigen Feldaufgang. In Folge der kühlen Witterung wuchs der Mais kaum, das Unkraut aufgrund des geringeren Wärmebedürfnisses hingegen sehr schnell, so dass es kaum möglich war die Versuche bis zur Einsaat der Untersaat unkrautfrei zu halten. Nachdem die Untersaat eingesät worden war, folgte eine langanhaltende Trockenperiode, die insbesondere der Untersaat in Wiebrechtshausen, aber auch dem Mais zusetzte. Die Versuche in Wiebrechtshausen im Jahr 2013 waren daraufhin nicht mehr auswertbar.

Gründe für die vielen Fehlstellen lagen neben Vogelfraß und schwierigen Witterungsbedingungen in der Saatgutqualität. Die Produktion des Saatgutes der Testkreuzungen und Experimentalhybriden erfolgte in Winterzuchtgärten der KWS SAAT SE in Chile und Puerto Rico. Unter den dortigen Klimaverhältnissen kam es aufgrund blühbiologisch ungünstiger Bedingungen sowie technischen Schwierigkeiten bei der Produktion des Saatgutes zu Problemen mit der Saatgutqualität. Generell empfiehlt Schmidt (2008) den Einsatz von Dreiwege- und Doppelhybriden mit heterozygoten Saateitern für den Ökolandbau. Bei der Nutzung von ingezüchteten Linien als Saateitern sei die Saatgutqualität tendenziell schlechter, da die Linien unter Inzuchtdepression leiden und damit ihre Wüchsigkeit und Krankheitsresistenz eingeschränkt ist. Dies führe besonders unter ökologischen Anbaubedingungen mit vermehrtem Unkrautdruck und dem Verzicht auf Pflanzenschutzmitteln zu Problemen wie geringerem Kornertrag und schlechterer Saatgutqualität. In dem vorliegenden Projekt wurden zur Herstellung von Hybriden zunächst Linien aus dem Flint und Dent Genpool selektiert. Diese wurden nicht aufgrund ihrer Eigenleistung, sondern aufgrund ihrer Leistung in Kreuzung mit verschiedenen Testern selektiert. Daher mussten Linien als Saateitern verwendet werden, die für die Bedingungen in den Winterzuchtgärten besonders anfällig sind, was teilweise zu einer schlechten Saatgutqualität führte. Diese wirkte sich unter den widrigen Wachstumsbedingungen 2013 umso deutlicher aus und führte zu den sehr vielen Fehlstellen.

Der Kornertrag, der als Selektionsmerkmal dienen sollte, war signifikant positiv mit der Anzahl Pflanzen/Parzelle korreliert und besonders 2012 und 2013 zeigten sich genotypische Varianzen für die Anzahl Pflanzen/Parzelle (Daten nicht gezeigt). Diese Varianz bezog sich aber nicht auf genetische Unterschiede in der Leistungsfähigkeit, sondern auf die Saatgutproduktionsbedingungen und unterschiedliche Saatgutqualität der verwendeten Genotypen. Im Versuchsjahr 2012 waren häufig signifikant negative Korrelationen zwischen der Anzahl Pflanzen/Parzelle und der KTS bei den Flint nicht aber den Dent Testkreuzungen zu beobachten. Eine späte Abreife führte bei den Flint Linien als Saateitern in Puerto Rico im Winter

2011/2012 zu einer schlechten Saatgutqualität. Die geplanten Prüfungen von Flint Linien x Dent Linien Tester konnten aufgrund von Saatgutmangel gar nicht angelegt werden. Es wurden nur die Kreuzungen Flint Linien x Dent Dreiwege-Hybride getestet. Dass die Dent Linien davon nicht so stark betroffen waren, könnte daran gelegen haben, dass sie eventuell besser an die Bedingungen in Puerto Rico angepasst sind als das europäische Flint Material. Möglicherweise hatte es aber mit dem konkreten Standort in Puerto Rico zu tun. Im vorherigen Jahr zeigten sich weder für die Flint noch für die Dent Testkreuzungen signifikante Korrelationen von Anzahl Pflanzen/Parzelle und KTS, die Ausfälle waren aber auch nicht so hoch. Im Jahr 2013 zeigten sich ebenfalls keine signifikanten Korrelationen zwischen den Merkmalen, allerdings wurde das Saatgut für die Experimentalhybriden mit den Dent Linien als Saateltern produziert. Es gab keinen signifikanten Unterschied in der Anzahl Pflanzen/Parzelle zwischen den Selektionsgruppen oder Varianten in Göttingen.

Um den Kornertrag weiterhin als Selektionsmerkmal nutzen zu können, wurde er bezüglich der Anzahl Pflanzen/Parzelle wie in Material und Methoden 2.2.4 beschrieben korrigiert, da die Anzahl fehlender Pflanzen nicht auf den Genotyp an sich, sondern auf Vogelfraß und Probleme bei der Saatgutqualität zurückzuführen war. Wenn der Kornertrag nicht korrigiert worden wäre, wären Genotypen, deren Saatgut sich problemlos im Winterzuchtgarten produzieren lässt, selektiert worden und nicht unkrauttolerante Genotypen.

Anstelle des Parzellenertrages, bzw. des daraus errechneten KTMk in dt/ha, den Einzelpflanzenenertrag zur Selektion zu verwenden wäre nicht sinnvoll gewesen, da bei Mais die Nachbarpflanzen den Ertrag einer fehlenden Pflanze zum Teil kompensieren können. Der Einzelpflanzenenertrag wäre bei den Genotypen mit Fehlstellen gegenüber solchen mit wenigen Fehlstellen in der Parzelle erhöht gewesen.

Ein Beispiel für den Zusammenhang von Anzahl Pflanzen/Parzelle und Kornertrag, der mit verschiedenen Faktoren je fehlender Pflanze korrigiert wurde, wird in Tab. 33 gegeben. Es war eine starke positive Korrelation zwischen dem unkorrigierten KTM und der Anzahl Pflanzen/Parzelle zu erkennen. Je mehr der KTM je fehlender Pflanze korrigiert wurde, d.h. je stärker fehlende Pflanzen ausgeglichen wurden, desto geringer wurde die Korrelation (Korrekturfaktor 0.1 – 0.5) und verkehrte sich schließlich in eine immer stärkere negative Korrelation (Korrekturfaktor 0.6 – 1.0). Für die weiteren Verrechnungen wurde dann der KTM korrigiert mit dem Korrekturfaktor genutzt, bei dem die phänotypische Korrelation zwischen dem KTMk und der Anzahl Pflanzen die geringste nicht signifikante Ausprägung aufwies (hier Korrekturfaktor 0.6). Bei den übrigen Versuchen bzw. Materialgruppen stellten sich die Korrelationen ähnlich dar.

**Tab. 33 Phänotypische Korrelation von Anzahl Pflanzen/Parzelle mit Korntrockenmasseertrag (KTM) nach Korrektur mit verschiedenen Faktoren (KTMk) je fehlender Pflanze am Beispiel der Flint Testkreuzungen in der Variante mit Untersaat in Wiebrectshausen 2011**

KTM/KTMk	Korrekturfaktor	
KTMk	1,0	-0,546 **
KTMk	0,9	-0,456 **
KTMk	0,8	-0,344 **
KTMk	0,7	-0,209 *
KTMk	0,6	-0,053
KTMk	0,5	0,112
KTMk	0,4	0,273 **
KTMk	0,3	0,417 **
KTMk	0,2	0,536 **
KTMk	0,1	0,631 **
KTM	nicht korrigiert	0,705 **

**Anzahl Pflanzen/Parzelle**

Für die unterschiedlichen Standorte, Varianten und Materialgruppen waren jeweils unterschiedliche Faktoren am besten für die Korrektur der fehlenden Pflanzen geeignet (Tab. 5). In den Varianten mit und ohne Untersaat standen zwar in den Jahren 2011 und 2013 die gleichen Genotypen, dennoch kam es teilweise zu unterschiedlichen Korrekturfaktoren in den Varianten. Dies lässt sich zum einen dadurch erklären, dass die Varianten in nebeneinanderliegenden, aber getrennten Versuchen getestet wurden, es können z.B. Bodenunterschiede vorhanden gewesen sein. Des Weiteren profitierten nicht nur die Maispflanzen vom größeren Angebot an Licht, Wasser und Nährstoffen sondern auch die Untersaat. In den Parzellen, in denen weniger Maispflanzen standen, kam es teilweise zu einem verstärkten Wachstum der Untersaat oder zu einer zusätzlichen Spätverunkrautung. Im Versuchsjahr 2013 waren die Korrekturfaktoren in den Varianten mit Untersaat höher als in denen ohne Untersaat (Tab. 5). Die fehlenden Maispflanzen mussten also zu einem höheren Teil ausgeglichen werden, weil die vorhandenen Maispflanzen, ihren Kornertrag nicht so gut kompensieren konnten. Dieser Zusammenhang war in den Versuchen 2011 nicht konsistent. Im Jahr 2012 wurden in den Versuchen ohne und mit Untersaat nicht dieselben Genotypen getestet, daher sind sie nur eingeschränkt vergleichbar. Die Höhe der Korrekturfaktoren zeigte auch für die Materialgruppen kein einheitliches Bild.

Durch die Ertragskorrektur lässt sich eine höhere Aussagekraft der Versuche erzielen. Die Heritabilität des KTMk schwankte zwischen 23 % bei den Dent Testkreuzungen mit Untersaat 2012 (Tab. 21) und 83 % bei den Flint Testkreuzungen ohne Untersaat ebenfalls 2012 (Tab. 18). Im Versuchsjahr 2013 erreichte der KTMk eine Heritabilität von 69 % (Tab. 27), was für das Merkmal Kornertrag noch im üblichen, wenn auch nicht hohen Bereich liegt.



## 2.4.2 Kornertrag als indirektes Merkmal für Unkrauttoleranz

Im vorliegenden Versuch sollte die Unkrauttoleranz der Genotypen durch den Vergleich des Kornertrages, bzw. des Fehlstellen-korrigierten Kornertrages (KTMk), ohne und mit Konkurrenz durch die unkrautsimulierende Untersaat erfasst werden. Genotypen, die trotz Konkurrenz durch die Untersaat einen hohen KTMk erreichten, werden als unkrauttolerant angesehen.

Für das Merkmal KTMk ließen sich signifikante Unterschiede zwischen den Genotypen mit Ausnahme der Dent Testkreuzungen mit Untersaat im Jahr 2012 (Tab. 21) feststellen. Zudem gab es im ersten Versuchsjahr signifikante Unterschiede zwischen den Varianten ohne und mit Untersaat an den einzelnen Orten (Tab. 9-12), wobei der KTMk mit Untersaat geringer war (Tab. 6). Die Untersaat stellte somit eine Konkurrenz für den Mais dar. Im zweiten Versuchsjahr war der KTMk zwar mit Untersaat geringer, aber die Varianten waren nicht direkt vergleichbar, da nicht dieselben Genotypen mit und ohne Untersaat getestet wurden (Tab. 17). Die Flint und Dent Testkreuzungen wurden nur in der Variante angebaut, in der sie im Jahr zuvor auch selektiert worden waren, damit bei gleichem Versuchsumfang mehr Wiederholungen je Versuch durchgeführt werden konnten um dadurch den Versuchsfehler zu verringern. Im dritten Versuchsjahr zeigte sich ebenfalls ein signifikanter Unterschied zwischen den Varianten (Tab. 27), wobei der KTMk in der Variante mit Untersaat höher war als in der ohne Untersaat (Tab. 25). Dies lässt sich aber nicht auf das Anbauverfahren zurückführen, sondern zeugt eher von Bodenunterschieden zwischen den Versuchen.

Es zeigte sich 2011 eine signifikant negative Korrelation zwischen KTMk und Untersaat, d.h. je höher die Menge der Untersaat war, desto niedriger war der KTMk, bzw. je weniger Untersaat in der Parzelle wuchs, desto höher war der KTMk, mit Ausnahme der Flint Testkreuzungen in Göttingen (Tab. 15). Für das Flint Material zeigte sich über die Orte betrachtet eine signifikante genotypische Varianz für das Merkmal Untersaat (Tab. 8). Die Menge der Untersaat wurde durch die Maisgenotypen beeinflusst. Allerdings konnte die Unterdrückung der Untersaat am Standort Göttingen nicht in mehr KTMk umgesetzt werden. Es bestand hier keine signifikante Korrelation zwischen Untersaat und KTMk. In den Folgejahren trat keine signifikante Korrelation von KTMk und Untersaat auf.

Im Jahr 2012 zeigte sich eine signifikant negative Korrelation von KTMk und Unkrautbesatz bei den Flint Testkreuzungen über die Orte (Tab. 23). Bei den Dent Testkreuzungen war eine signifikante genotypische Varianz für den Unkrautbesatz, also eine Beeinflussung des Unkrautbesatzes durch den Mais (Tab. 21), festzustellen. Aber es gab keine Korrelation zwischen KTMk und Unkrautbesatz. Die Maisgenotypen, die die Unkräuter besser unterdrückten, konnten also keinen höheren KTMk realisieren. Die Heritabilität lag für den Unkrautbesatz bei 47 % und für den KTMk nur bei 23 % (Tab. 17), weshalb der Nachweis einer signifikanten Korrelation schwierig ist. Zwischen den Merkmalen Untersaat und Unkrautbesatz zeigte sich keine signifikante Korrelation (Tab. 23). Allerdings war bei den Flint Testkreuzungen die Heritabilität des Merkmals Unkrautbesatz 0 % und bei den Dent Testkreuzungen lag die Heritabilität des Merkmals Untersaat bei 0 % (Tab. 17).

Im Ausgangsmaterial des ersten Versuchsjahres zeigte sich nur für die Flint Testkreuzungen in Göttingen eine schwach signifikante Interaktion zwischen Genotyp und Variante für das Merkmal KTMk (Tab. 9). Daraus erklärt sich auch, dass in beiden Varianten teilweise die gleichen Genotypen selektiert wurden. Bei den Flint Testkreuzungen waren neun von 22 bzw. bei den Dent Testkreuzungen elf von 22 Genoty-

pen identisch (Tab. 16), da KTMk und KTS als Selektionsmerkmale dienten. Auch im zweiten Versuchsjahr wurden in den beiden Varianten zu großen Teilen die gleichen Genotypen selektiert. Bei den Flint Testkreuzungen waren es vier von sieben bzw. bei den Dent Testkreuzungen drei von sieben (Tab. 24).

Im letzten Versuchsjahr 2013 gab es keine signifikanten Unterschiede für den KTMk zwischen den Selektionsgruppen und es zeigte sich keine signifikante Interaktion zwischen Genotypen und Varianten (Tab. 27). Die mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden waren den ohne Untersaat selektierten weder mit noch ohne Untersaat im KTMk überlegen. Von den 20 Experimentalhybriden, die ohne Untersaat selektiert worden waren, bzw. den 22, die mit Untersaat selektiert worden waren, waren sieben Genotypen in beiden Varianten selektiert worden (Tab. 2). Allerdings konnten nur ca. die Hälfte der vorgesehenen Experimentalhybriden geprüft werden, da es Probleme bei der Saatgutherstellung gab. Das schränkt die Aussagefähigkeit des letzten Versuchsjahres ein.

Für die Experimentalhybriden 2013 zeigte sich, ebenso wie für die Flint Testkreuzungen 2011, eine signifikante genotypische Varianz für das Merkmal Untersaat (Tab. 8 und 28). Die Menge der Untersaat wurde in diesen Versuchen durch die Maisgenotypen beeinflusst. Es zeigte sich aber keine signifikante Korrelation zwischen den Merkmalen Untersaat und KTMk (Tab. 30). Bei Betrachtung der einzelnen Selektionsgruppen in 2013 zeigte sich dieser Unterschied nur bei den Experimentalhybriden, die ohne Untersaat selektiert worden waren (Daten nicht gezeigt). Die Wiederholbarkeit der Experimentalhybriden, die ohne Untersaat selektiert worden waren, lag bei 32 % im Vergleich zu 5% bei den mit Untersaat selektierten und die Heritabilität bei den Flint Testkreuzungen 2011 lag bei 33 % im Vergleich zu 16 % bei den Dent Testkreuzungen. In den Versuchen 2012 lag die Heritabilität bei den Flint Testkreuzungen, die mit Untersaat selektiert worden waren, zwar auch bei 38 %, aber es konnte dennoch keine signifikante genotypische Varianz festgestellt werden (Tab. 20). Möglicherweise lag das am Einfluss des verwendeten Dent Testers. Es könnte aber auch darauf hindeuten, dass die Testkreuzungen im zweiten Versuchsjahr und die Experimentalhybriden 2013, die schon mit Untersaat selektiert worden waren, sämtlich eine ähnlich gute Unkrauttoleranz bzw. Unkrautunterdrückungsvermögen aufwiesen, während diese bei dem Material im ersten Jahr und den Experimentalhybriden, die ohne Untersaat selektiert worden waren, unterschiedlich ausfiel. Allerdings war der Versuchsfehler für die mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden deutlich höher, und damit die Aussagekraft des Versuches geringer.

Ford und Mt. Pleasant (1994), Tollenaar et al. (1994b) und Silva et al. (2010) fanden keine Unterschiede bei den Unkräutern hinsichtlich Anzahl, Bodenbedeckungsgrad, Biomasse und/oder Trockenmasse unter verschiedenen Maissorten. Während Silva et al. (2010) auch keine signifikanten genotypischen Unterschiede im Komertrag der von ihnen untersuchten Maissorten unter Konkurrenz mit Unkraut beobachteten, konnten Tollenaar et al. (1994b) signifikante Unterschiede zwischen Hybriden feststellen. Auch Ford und Mt. Pleasant (1994) fanden eine signifikante Interaktion von Maishybriden und Unkrautkontrolle und folgerten daraus, dass verschiedene Hybriden möglicherweise tatsächlich eine unterschiedliche Unkrauttoleranz besitzen. Ihr Vorteil bestünde aber nicht darin, dass Unkrautwachstum zu reduzieren, sondern ihr Ertragsniveau durch bessere Nutzung von Wasser und Nährstoffen, die durch die konkurrierenden Unkräuter limitiert werden, beizubehalten. Nach Goldberg und Landa (1991) bestünde die Konkurrenzfähigkeit dann nicht im Konkurrenzeffekt (competitive effect), also der Fähigkeit Unkraut zu unterdrücken, sondern in der Konkurrenzerwiderung (competitive response), der Fähigkeit sich nicht selbst durch Unkräuter unterdrücken zu lassen.

### 2.4.3 Wechselwirkungen zwischen Charakteristika der Maispflanzen und der Untersaat

Für die Merkmale Jugendentwicklung, Blüte, SPAD-Wert, WH und KTS zeigten sich signifikante genotypische Unterschiede (Tab. 13, 14, 18-22, 27 und 29). Sie unterschieden sich ebenfalls signifikant zwischen den Varianten ohne und mit unkrutsimulierender Untersaat mit Ausnahme der KTS in Wiebrechtshausen 2011 (Tab. 9-12 und 29). In der Variante mit Untersaat waren überwiegend die Jugendentwicklung langsamer, die Blüte später und die Werte für SPAD, WH und KTS niedriger (Tab. 6 und 25). Die Entwicklung der Maispflanzen mit Untersaat war verzögert. Tollenaar et al. (1994b) stellten ebenso eine Verzögerung von Blüte und Abreife bei hohem Unkrautdruck fest, die unter Bedingungen mit wenig N noch verstärkt wurde. Auch Cerrudo et al. (2012) beobachteten bei einer späten Unkrautkontrolle ab dem 10-Blatt-Stadium ein verzögertes Erscheinen der Blätter, eine Reduktion der finalen Blattanzahl sowie eine verzögerte Blüte und folgerten, dass durch Unkrautkonkurrenz die vegetative Phase verlängert wird.

Die SPAD-Werte stehen in Zusammenhang mit dem N-Gehalt der Maispflanzen. Daher weisen geringe SPAD-Werte auf eine Konkurrenz um N durch die Untersaat hin. Das bestätigen auch die Ergebnisse aus der C/N-Analyse (Tab. 32). Im Mittel waren die N-Gehalte in Spross und Kolben der Maispflanzen in der Variante mit Untersaat geringer als in der ohne Untersaat. Auch in Untersuchungen von Tollenaar et al. (1994b) war der Chlorophyllgehalt bzw. die SPAD-Werte mit Unkraut geringer, was wiederum verstärkt wurde durch Bedingungen mit wenig N. Ford und Mt. Pleasant (1994) sowie Silva et al. (2010) stellten wie in der vorliegenden Untersuchung eine geringere WH unter Konkurrenz mit Unkraut fest. Die Untersaat stellte somit eine Konkurrenz für den Mais dar.

Im Jahr 2013 war die KTS in der Variante mit Untersaat ebenso wie der KTMk höher als ohne Untersaat (Tab. 25). Möglicherweise hatten auch auf die KTS die Bedingungen des Versuchs, wie Bodengegebenheiten oder das Mikroklima, einen größeren Einfluss als die Variante.

Die Experimentalhybriden, die mit Untersaat selektiert worden waren, unterschieden sich von den ohne Untersaat selektierten Experimentalhybriden signifikant durch eine schnellere Jugendentwicklung und frühere Blüte sowie geringere SPAD-Werte und WH in beiden Varianten (Tab. 25 und 27). Die WH war auch unter konventionellen Bedingungen für die mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden etwas geringer, während sich für die Jugendentwicklung keine signifikanten Unterschiede zeigten (Tab. 26 und 29, der SPAD-Wert und Blühzeitpunkt waren hier nicht ermittelt worden).

Allgemein werden für den Anbau von Mais im Ökologischen Landbau Sorten mit schneller Jugendentwicklung empfohlen, weil diese eine höhere Konkurrenzkraft gegenüber Unkräutern besäßen (Benke und Martens 2001, Köpke 2000). Im vorliegenden Projekt konnte nur für die Flint Testkreuzungen ohne Untersaat 2012 und die ohne Untersaat selektierten Experimentalhybriden in der Variante ohne Untersaat sowie unter konventionellen Bedingungen 2013 zwischen der Jugendentwicklung und KTMk eine signifikant positive Korrelation beobachtet werden (Tab. 23 und 31, im ersten Versuchsjahr wurde die Jugendentwicklung nicht bonitiert). Nur in diesen Versuchen konnten Genotypen mit einer schnelleren Jugendentwicklung auch einen höheren KTMk realisieren. In der Variante mit Untersaat gab es keine signifikante Korrelation von Jugendentwicklung und KTMk. Und lediglich bei den Flint Testkreuzungen mit Untersaat 2012 am Standort Wiebrechtshausen konnte eine signifikant negative Korrelation zwi-

schen Jugendentwicklung und Untersaat festgestellt werden (Daten nicht gezeigt). In der vorliegenden Untersuchung führte eine schnellere Jugendentwicklung insgesamt nicht zu einer Reduktion der Untersaat oder einem höheren KTMk unter Konkurrenz durch Untersaat.

Zwischen dem SPAD-Wert und KTMk zeigten sich 2011 eher lose, mal positive, mal negative Korrelationen (Tab. 15). Im Jahr 2012 war die Korrelation in den Materialgruppen ohne Untersaat signifikant negativ (Tab. 23). Genotypen zeigten ohne Untersaat mit höherem KTMk geringere SPAD-Werte. Im letzten Versuchsjahr waren keine signifikanten Korrelationen zu beobachten (Tab. 30). Für die Dent Testkreuzungen in Göttingen zeigte sich 2011 eine signifikant negative Korrelation zwischen SPAD-Wert und Menge der Untersaat, d.h. wo viel Untersaat wuchs, war der SPAD-Wert der Maispflanzen niedrig (Tab. 15). Im Jahr 2012 war bei den Dent Testkreuzungen über die Orte, genau entgegengesetzt zu den Ergebnissen aus dem Vorjahr am Standort Göttingen, eine signifikant positive Korrelation von SPAD-Werten mit der Untersaat zu verzeichnen (Tab. 23). Das lässt sich möglicherweise dadurch erklären, dass Testkreuzungen geprüft wurden. Die unterschiedliche Richtung der Korrelation zwischen SPAD-Wert und WH könnte daher durch die verschiedenen Tester bedingt sein. Im Jahr 2013 zeigte sich keine signifikante Korrelation zwischen SPAD-Wert und Menge der Untersaat (Tab. 30). Dass sich selten signifikante Korrelationen zwischen SPAD-Wert und der bonitierten Untersaat zeigten, obwohl insgesamt die SPAD-Werte mit Untersaat niedriger waren, könnte auch ein Hinweis auf unterschiedliche Konkurrenzfähigkeit der Maisgenotypen aufgrund unterschiedlicher N-Nutzungseffizienz sein, wie von Ford und Mt. Pleasant (1994) vermutet wurde.

Die WH war 2011 häufig und 2012 in den Versuchen ohne Untersaat signifikant positiv mit dem KTMk korreliert, während sich im letzten Versuchsjahr keine signifikanten Korrelationen zu KTMk/KTM feststellen ließen (Tab. 15, 23, 30 und 31). Zwischen WH und Untersaat zeigte sich eine signifikant negative Korrelation für die Dent Testkreuzungen in Wiebrechtshausen 2011 (Tab. 15). Im Jahr 2012 zeigte sich zwischen WH und Unkrautbesatz eine signifikant negative Korrelation bei den Dent Testkreuzungen mit Untersaat. Die WH der Maispflanzen könnte durch mehr Untersaat bzw. Unkrautbesatz reduziert worden sein, oder Genotypen mit größerer WH könnten die Untersaat bzw. Unkräuter reduziert haben. Callaway (1992) beschrieb, dass übereinstimmend für viele Nutzpflanzenarten eine hohe WH die Unkrauttoleranz erhöhe, wie auch Niemann (2000). Von Ford und Mt. Pleasant (1994) wurde keine signifikante Korrelation zwischen WH und Unkrautparametern festgestellt, während Silva et al. (2010) eine Interaktion von WH und Unkrautkontrolle beobachteten. Sie schlossen, dass einige Maissorten durch Unkrautkonkurrenz nicht in der WH beeinträchtigt wurden, also unkrauttolerant sind. Allerdings gingen sie nicht davon aus, dass Maissorten durch hohe WH Unkraut unterdrücken konnten, dass also kein Konkurrenzeffekt sondern eine Konkurrenzerwiderung nach Goldberg und Landa (1991) bestand.

#### 2.4.4 Beschattung als Faktor der Unkrauttoleranz

Ford und Mt. Pleasant (1994) vermuteten, dass eine schnelle Keimung und darauf folgend rasche Etablierung eines Blätterdachs, das auflaufende Unkräuter beschattet, die Konkurrenz durch Unkräuter zurückdrängen könnte. Von Niemann (2000) wurden die Merkmale Deckungsgrad und Wachstumsgeschwindigkeit, von Callaway (1992) ein hoher Blattflächenindex (BFI) und rascher Bestandsschluss, als Einzelmerkmale des komplexen Merkmals Unterdrückung beschrieben. Insbesondere große, breitblättrige Maispflanzen mit vielen horizontal ausgerichteten Blättern könnten den Lichteinfall bis zum Boden verringern (Ford und Mt. Pleasant 1994). Auch Köpke (2000) empfahl generell Sorten mit planophiler Blatthaltung, da sie insbesondere bei Reihenkultur wie z.B. Mais Unkraut besser unterdrücken könnten, da sie die Reihenzwischenräume besser beschatten würden.

Die Bonitur der Blattstellung wurde im Jahr 2013 im Versuch unter konventionellen Bedingungen durchgeführt, da die Pflanzen innerhalb einer Parzelle dort gleichmäßiger entwickelt waren. Es gab signifikante Unterschiede zwischen den Orten, aber auch zwischen den Genotypen innerhalb der Selektionsgruppen und den Selektionsgruppen an sich (Tab. 29). Bei den Experimentalhybriden, die mit Untersaat selektiert worden waren, waren die Blätter planophiler ausgerichtet (Tab. 25). Die Heritabilität war mit 80 % sehr hoch. In beiden Materialgruppen war die Blattstellung signifikant positiv mit der KTM korreliert und für die ohne Untersaat selektierten Experimentalhybriden zeigte sich eine ebenfalls signifikant positive Korrelation zwischen Blattstellung und Jugendentwicklung (Tab. 31). Ein Zusammenhang zwischen Blattstellung und Menge der Untersaat konnte nicht untersucht werden, aber, da sich signifikante genotypische Unterschiede zeigten, wäre es lohnenswert dieses Merkmal in Bezug auf Unkrauttoleranz weiter zu untersuchen.

Cerrudo et al. (2012) erklärten den beobachteten Komertragsverlust bei später Unkrautkontrolle (nach dem 10 Blatt-Stadium) durch eine verminderte GTM, zunächst aufgrund einer verzögerten Blatterscheinungsrate und später aufgrund einer Reduzierung der PAR durch das Unkraut und daraus folgend einer verminderten Trockenmassezunahme, die zu einem Rückgang der Anzahl Körner und des Korngewichts führte. In vielen Studien wurde von einem verringerten BFI unter Konkurrenz mit Unkraut berichtet (Ford und Mt. Pleasant 1994, Bosnic und Swanton 1997, Silva et al. 2010). Tollenaar et al. (1994a) erklärten den geringeren BFI bei hohem Unkrautdruck vor allem durch eine Reduzierung der Blattgröße. Dadurch sei die Durchlassrate von photosynthetisch aktiver Photonen Flux Dichte (PPFD bzw. PFD) mit Unkrautdruck höher (11,8 mit Unkraut gegenüber 7,7 % ohne Unkraut), und stehe dem Unkraut zur Verfügung bzw. werde nicht durch die Maispflanzen genutzt. Ein geringerer BFI während und 2-3 Wochen nach der weiblichen Blüte reduziere die Anzahl Körner und während der Kornfüllung das Korngewicht (Rajcan und Swanton 2001). Auch Silva et al. (2010) beobachteten, dass ca. 10 % PFD die Blätter unter 1 m Höhe erreichen, in der sich wie auch in der Studie von Tollenaar et al. (1994a), die meisten Unkräuter befanden. Sie beschrieben daher allerdings die direkte Konkurrenz um PFD zwischen Mais und Unkräutern als gering, zumal das meiste Licht von den jüngeren Blättern oberhalb des Kolbens abgefangen werde. Der Buchweizen in der Untersaatmischung erreicht teilweise eine Höhe von über 140 cm und könnte so eine größere Konkurrenz dargestellt haben.

In der vorliegenden Untersuchung wurde im Jahr 2012 die Interzeption der PAR in den Versuchen ohne Untersaat gemessen um festzustellen, ob sich die Menge PAR, die abgefangen, bzw. transmittiert wird zwischen den Maisgenotypen unterscheidet. Da das Material nur in der Variante, in der es selektiert

worden war geprüft wurde, war kein Vergleich der PAR in der Variante ohne und mit Untersaat möglich. Bei Messungen in der Variante mit Untersaat wäre keine Unterscheidung zwischen Interzeption der Maispflanzen oder der Untersaat möglich gewesen. Für die Interzeption der PAR zeigten sich signifikante Unterschiede zwischen den Orten, aber es konnten keine signifikanten genotypischen Unterschiede festgestellt werden (Tab. 18 und 19). Die Heritabilität des Merkmals lag zwischen 0 und 19 %. Möglicherweise ließen sich keine genotypischen Unterschiede feststellen, weil es sich bei dem Material um Testkreuzungen handelte, die einzelnen Linien also jeweils in Kreuzung mit dem gleichen Tester geprüft wurden.

In anderen Untersuchungen zur Konkurrenz von Mais und Unkräutern war die Überlegung, dass nicht nur die direkte Konkurrenz um Licht zu einer Ertragsreduktion durch verminderte Photosyntheseleistung führt, sondern dass durch eine Beschattung der Maiskeimlinge bzw. Jungpflanzen deren generelle Entwicklung beeinflusst wird. Rajcan und Swanton (2001) beschreiben, dass beschattete Blätter ein höherer Anteil Strahlung im Bereich von 730-740nm (Far Red, FR) erreicht, weil die beschattenden Blätter vor allem Licht im Bereich von 660-670nm (Red, R) absorbieren. Daher ist das Verhältnis FR/R im unteren Blätterdach bzw. bei den beschatteten Blättern höher als im ankommenden Licht oberhalb des Pflanzenbestandes. Pflanzen könnten aufgrund des FR/R Verhältnisses Nachbarpflanzen wahrnehmen, und reagieren auf die Konkurrenz mit vermehrter Allokation von Ressourcen in die Blatt- und Stängelentwicklung und weniger in die Wurzelbildung. Das passt zu Beobachtungen von Silva et al. (2010), dass Mais mit Unkraut eine geringere Wurzeltrockenmasse entwickelte, was die Wasseraufnahmefähigkeit oder auch die Aufnahme von Nährstoffen vermindern könnte. Untersuchungen von Page et al. (2009) bestätigten eine verringerte Blatterscheinungsrate sowie BFI, wenn das FR/R Verhältnis erhöht wurde. Und zwar am meisten, wenn die Maispflanzen schon beim Feldaufgang diesem ausgesetzt sind. Nach Rajcan und Swanton (2001) könnte diese Theorie gut erklären, warum Verunkrautung im frühen Stadium des Mais, in dem ein Mangel an Nährstoffen noch nicht erheblich sein kann, doch zu Ertragseinbußen bei Mais führt.

## 2.5 Fazit

Trotz der Einsaat einer Untersaat ließ sich kein homogener Konkurrenzdruck über den ganzen Versuch herstellen, zumal die natürliche Verunkrautung nicht gänzlich ausgeschlossen werden konnte. Der Konkurrenzdruck war durch die Untersaat dennoch gleichmäßiger, als wenn ausschließlich die natürliche Verunkrautung genutzt worden wäre. Die Untersaat stellte eine Konkurrenz für den Mais dar, wie an den überwiegend geringeren Werten für KTMk, SPAD und WH in der Variante mit Untersaat abzusehen war. Es wäre auch denkbar gewesen die Untersaat früher auszusäen, um dem Mais nicht so viel Vorsprung in der Entwicklung zu geben und noch einen höheren Selektionsdruck zu erzeugen. Dann hätte aber, insbesondere bei für den Mais ungünstiger kühler Witterung im Frühjahr, das Risiko bestanden, dass die Untersaat den Mais überwächst und die Versuche nicht auswertbar gewesen wären.

Die Ertragskorrektur bezüglich der Anzahl Pflanzen mit je nach Versuch und Material unterschiedlichen Korrekturfaktoren hat die Aussagekraft deutlich gegenüber dem unkorrigierten KTM erhöht. Um die Genauigkeit der Versuche weiter zu erhöhen wäre denkbar gewesen mehr Maiskörner je m<sup>2</sup> auszusäen und später zu vereinzeln. Allerdings standen für diese großflächigen Versuche nur begrenzte Saatgutmengen zur Verfügung. Prinzipiell hätte das Saatgut für die Testkreuzungen und Experimentalhybriden auch in Deutschland hergestellt werden können um in diesem speziellen Fall von Linien als Saatelem eine bessere Saatgutqualität zu erreichen, aber dann hätten die Versuche doppelt so lange gedauert, weil nicht jeweils eine Saison im Wintergarten gespart worden wäre.

Es zeigten sich signifikante genotypische Unterschiede für den KTMk unter Konkurrenz durch unkautsimulierende Untersaat, die Genotypen unterschieden sich daher in ihrer Unkrauttoleranz. Es waren aber trotz signifikanter Unterschiede zwischen den Varianten überwiegend keine signifikante Interaktion von Genotypen und Variante zu verzeichnen. In beiden Varianten wurden ca. zur Hälfte die gleichen Genotypen selektiert. Zwischen den Selektionsgruppen im letzten Versuchsjahr zeigte sich ein Unterschied in der Jugendentwicklung und dem Blühzeitpunkt sowie im SPAD-Wert und der WH, die für die mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden schneller und früher bzw. niedriger waren. Für den KTMk zeigte sich kein signifikanter Unterschied. Es ist daher für die Züchtung von Maissorten für den ökologischen Anbau nicht nötig zusätzliche Versuche mit einer Untersaat als Unkrautsimulation anzulegen, zumal die Versuche mit Untersaat erhebliche Mehrkosten und –aufwand durch zusätzlichen Flächenbedarf und Pflegemaßnahmen verursachen.

Es zeigte sich selten eine signifikante genotypische Variation für die Menge Untersaat, also eine Beeinflussung der Menge Untersaat durch die Maisgenotypen. Und wenn doch, dann gab es keine Korrelation zum KTMk. D.h. Genotypen, die die Untersaat unterdrückten, konnten dabei keinen höheren KTMk realisieren.

Eine schnellere Jugendentwicklung führte nicht zu einer erhöhten Unkrauttoleranz, weder im Sinne einer Unterdrückung der Untersaat, noch im Sinne eines höheren KTMk. Ein interessantes Merkmal zur Verbesserung der Unkrauttoleranz könnte die Blattstellung sein. Da in der vorliegenden Untersuchung die Blattstellung nur im konventionellen Versuch ohne Untersaat ermittelt werden konnte, wobei sich für die mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden eine planophilere Blattstellung zeigte, wäre es interessant zu untersuchen, ob sich ein Zusammenhang zwischen Blattstellung und Kornertrag unter Unkrautkonkurrenz ergibt.

Generell ist die Unkrautproblematik in Mais im ökologischen Landbau nicht mit der Sortenwahl allein zu lösen. Wichtige Maßnahmen sind weiterhin die Gestaltung der Fruchtfolge, der Aussaatzeitpunkt, mechanische Unkrautkontrolle (Benke und Martens 2001) sowie ein geringerer Reihenabstand (Murphy et al.1996). Eine weitere Maßnahme können Untersaaten in Mais zur Unkrautunterdrückung sein (Jung 2015).



## Literaturverzeichnis

- Bàrberi P (2002) Weed management in organic agriculture: are we addressing the right issues? *Weed Research*: 42, S. 177-193.
- Beckmann U, Kolbe H (2002) Maisanbau im Ökologischen Landbau, Informationen für Praxis und Beratung. Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft, Dresden.
- Benke M, Martens R (2001) Hohe Ansprüche an Produktionstechnik und Anbaustrategie. In: Deutsches Maiskomitee e.V. (Hrsg.) Mais, Seine Rolle im Ökologischen Landbau. Bonn, S. 12-17.
- Bosnic AC, Swanton CJ (1997) Influence of barnyardgrass (*Echinochloa crus-galli*) time of emergence and density on corn (*Zea mays*). *Weed Science*: 45, S. 276-282.
- Callaway MB (1992) A compendium of crop varietal tolerance to weeds. *American Journal of Alternative Agriculture*: 7, S. 169-180.
- Cavero J, Zaragoza C, Suso ML, Pardo A (1999) Competition between maize and *Datura stramonium* in an irrigated field under semi-arid conditions. *Weed Research*: 39, S. 225-240.
- Cerrudo D, Page ER, Tollenaar M, Stewart G, Swanton CJ (2012) Mechanisms of Yield Loss in Maize Caused by Weed Competition. *Weed Science*: 60, S. 225-232.
- Cumberland GLB, Honore EN, Farrell CA (1971) The Importance of Weeds, and the Correct Timing of Weed Control Measures, in Maize Crops. *Proceedings of the NZ Weed and Pest Control Conference* 24, S. 115-120.
- Debruck J (2001) Mechanischer Pflanzenschutz – Hacke und Striegel gehören zur Grundausrüstung. In: Deutsches Maiskomitee e.V. (Hrsg.) Mais, Seine Rolle im Ökologischen Landbau. Bonn, S. 18-23.
- Didon UME, Boström U (2003) Growth and Development of Six Barley (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare* L.) Cultivars in Response to a Model Weed (*Sinapis alba* L.). *Journal of Agronomy and Crop Science*: 189, S. 409-417.
- Dierauer H (2008) Biomais. Forschungsinstitut für biologischen Landbau, Frick.
- Europäischer Rat (2007) EG-Öko-Basisverordnung VERORDNUNG (EG) Nr. 834/2007 DES RATES vom 28. Juni 2007 über die ökologische/biologische Produktion und die Kennzeichnung von ökologischen/biologischen Erzeugnissen und zur Aufhebung der Verordnung (EWG) Nr. 2092/91, ABl. Nr. L 189 vom 20.07.2007.  
[http://www.bmel.de/SharedDocs/Downloads/Landwirtschaft/OekologischerLandbau/834\\_2007\\_EG\\_Oeko-Basis-VO.html](http://www.bmel.de/SharedDocs/Downloads/Landwirtschaft/OekologischerLandbau/834_2007_EG_Oeko-Basis-VO.html) (23.03.2017).
- Ford GT, Mt. Pleasant J (1994) Competitive Abilities of Six Corn (*Zea mays* L.) Hybrids with Four Weed Control Practices. *Weed Technology*: 8, S. 124-128.

- Ghaouti L, Schierholt A, Link W (2016) Effect of competition between *Vicia faba* and *Camelina sativa* as a model weed in breeding for organic conditions. *Weed Research*: 56, S. 159-167.
- Goldberg DE, Landa K (1991) Competitive Effect and Response: Hierarchies and Correlated Traits in the Early Stages of Competition. *Journal of Ecology*: 79, S. 1013-1030.
- Goldstein W, Ward A, Barber B (2007) Methods to breed field corn that competes better with weeds on organic farms. Organic Farming Research Foundation, Santa Cruz, Kalifornien.
- Hall MR, Swanton CJ, Anderson GW (1992) The Critical Period of Weed Control in Grain Corn (*Zea mays*). *Weed Science*: 40, S. 441-447.
- James TK, Rahman A, Mellisop J (2000) Weed Competition in Maize Crop under Different Timings for Post-Emergence Weed Control. *New Zealand Plant Protection*: 53, S. 269-272.
- Jung R (2015) Entwicklung von Maissorten für den Ökologischen Landbau (Arbeitspaket 1) Schlussbericht FKZ 10OE108 Entwicklung von Untersaaten und Untersaatenmischungen zur Reduzierung des Unkrautdruckes in Mais. <http://orgprints.org/30720/> (15.05.2017).
- Köpke U (2000) Konzept der Unkrautregulierung im ökologischen Landbau. In: Pallut B (Hrsg.) Pflanzenschutz im ökologischen Landbau - Probleme und Lösungsansätze – Drittes Fachgespräch am 2. November 1999 in Kleinmachnow – „Unkrautregulierung im ökologischen Landbau“ [Plant Protection in Organic Farming – Problems and Methods of Resolution – Third Workshop in Kleinmachnow on 2 November 1999 – “weed control in organic farming”] *Berichte aus der Biologischen Bundesanstalt*: 72, S. 57-70.
- Kropff MJ, Vossen FJH, Spitters CJT (1984) Competition between a maize crop and a natural population of *Echinochloa crus-galli* (L.) P.B.. *Netherlands Journal of Agricultural Science*: 32, S. 324-327.
- Mücke M (2015) Ökologischer Landbau: Ergebnisse der Sortenversuche Körnermais und Silomais 2015. <https://www.lwk-niedersachsen.de/index.cfm/portal/6/nav/346/article/28689.html> (08.07.2016).
- Murphy SD, Yakubu Y, Weise SF, Swanton CJ (1996) Effect of Planting Patterns and Inter-row Cultivation on Competition Between Corn (*Zea mays*) and Late Emerging Weeds. *Weed Science*: 44, S. 865-870.
- Niemann P (2000) Sortenwahl – Ein Element zur Unkrautunterdrückung. In: Pallut B (Hrsg.) Pflanzenschutz im ökologischen Landbau - Probleme und Lösungsansätze – Drittes Fachgespräch am 2. November 1999 in Kleinmachnow – „Unkrautregulierung im ökologischen Landbau“ [Plant Protection in Organic Farming – Problems and Methods of Resolution – Third Workshop in Kleinmachnow on 2 November 1999 – “weed control in organic farming”] *Berichte aus der Biologischen Bundesanstalt*: 72, S. 27-34.
- Page ER, Tollenaar M, Lee EA, Lukens L, Swanton CJ (2009) Does the shade avoidance response contribute to the critical period for weed control in maize (*Zea mays*)? *Weed Research*: 49, S. 563-571.
- Rajcan I, Swanton CJ (2001) Understanding maize-weed competition: resource competition, light quality and the whole plant. *Field Crops Research*: 71, S. 139-150.

- Saito K (2014) A screening protocol for developing high-yielding upland rice varieties with superior weed-suppressive ability. *Field Crops Research*: 168, S. 119-125.
- Schmidt W (2008) Die Ökozüchtung bei KWS mit besonderem Focus auf den Mais –Wie große Züchterhäuser Ökozüchtung betreiben. Vortrag. Bioland –Wintertagung, Kloster Plankstetten, 11.-14.02.2008. <https://www.kws.de/produkte/oeko/infothek/> (13.09.2016).
- Schmidt W (2011) persönliche Mitteilung, Dr. Walter Schmidt, KWSSAATSE, 2011.
- Silva PSL, Silva KMB Silva PIB, Oliveira VR, Ferreira JLB (2010) Green Ear Yield and Grain Yield of Maize Cultivars in Competition with Weeds. *Planta Daninha*: 28, S.77-85.
- Systat Software Inc. (2008) SigmaPlot 11 Exact Graphs and Data Analysis, Erkrath.
- Tollenaar M, Dibo AA, Aguilera A, Weise SF, Swanton CJ (1994a) Effect of Crop Density on Weed Interference in Maize. *Agronomy Journal*: 86, S. 591-596.
- Tollenaar M, Nissanka SP, Aguilera A, Weise SF, Swanton CJ (1994b) Effect of Weed Interference and Soil Nitrogen on Four Maize Hybrids. *Agronomy Journal*: 86, S. 596-601.
- Utz HF (2011) PLABSTAT, Ein Computerprogramm zur statistischen Analyse von pflanzenzüchterischen Experimenten, Version 3Awin 14. Juni 2011. Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik der Universität Hohenheim.
- Verschwele A (2014) Unkrautunterdrückung und Unkrauttoleranz bei Weizensorten – relevante Eigenschaften für den Integrierten Pflanzenschutz [Weed suppression and weed tolerance of wheat cultivars - relevant traits for Integrated Pest Management]. In: Nordmeyer H, Ulber L (Hrsg.) Tagungsband 26. Deutsche Arbeitsbesprechung über Fragen der Unkrautbiologie und – bekämpfung, 11.-13. März 2014, Braunschweig [Proceedings 26th German Conference on Weed Biology and Weed Control, March 11-13, 2014, Braunschweig, Germany]. *Julius-Kühn-Archiv*: 443, S. 465-474.

## **3 Blühbiologische Untersuchungen zur Entwicklung offen abblühender Maissorten**

### **3.1 Einleitung und Fragestellung**

Im ökologischen Landbau besteht eine Nachfrage nach samenfestem, nachbaufähigem und genetisch heterogenem Saatgut, daher werden Hybridsorten teilweise abgelehnt (Arncken & Dierauer 2005, Roeckl und Willing 2006). Als Alternative zu Hybriden könnten bei Mais Populationssorten verwendet werden. Das Ertragsniveau alter Landsorten ist mit 30 – 50 % gegenüber einer modernen Hybride sehr niedrig (Eder et al. 2014), da diese züchterisch seit 60 Jahren nicht weiter bearbeitet wurden (Brandolini und Brandolini 2001). Der Zuchtfortschritt der Hybriden ist nicht mehr aufholbar (Eder et al. 2014). Bei der Suche nach konkurrenzfähigen Alternativen für den ökologischen Anbau haben offen abblühende (op) Populationen aus aktuellem Zuchtmaterial viel versprechende Erträge von 80 % des KTM einer modernen Hybride gezeigt (Eder et al. 2014).

Aktuell werden vom Dottenfelderhof, der Getreidezüchtung Peter Kunz (GZPK) und der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) Maispopulationssorten entwickelt. Die Sorte Sankt Michaelis entstand durch Selektion aus langjährigem Nachbau von offen abblühenden Populations-Maissorten (Forschung & Züchtung Dottenfelderhof 2014). Die GZPK nutzen als Ausgangsmaterial moderne Hybriden und auch die LfL nutzt aktuelles Zuchtmaterial.

Für die Herstellung einer Population werden die Ausgangseltern zunächst miteinander gekreuzt, um eine gute Durchmischung und einen gleichmäßigen Anteil aller Eltern an der Population sicherzustellen. Danach blüht die Population offen ab. Ursprünglich gehört Mais zu den Fremdbefruchtern, es gibt aber kein System der Selbstinkompatibilität. Selbstung wird durch die zeitliche Differenz zwischen der männlichen und der weiblichen Blüte gewährleistet (Blühintervall (BI)). Ursprünglich herrschte Protandrie, d.h. die männliche Blüte fand vor der weiblichen statt.

Bei der Entwicklung von Hybridsorten kommt es zu einer Verkürzung des BI. Für die Herstellung von Hybriden müssen zunächst Inzuchtlinien erzeugt werden. Mittlerweile geschieht dies vorwiegend mittels DH-Technik, zuvor wurden Inzuchtlinien in Mais durch Selbstung hergestellt. Wenn das BI aber sehr weit auseinanderliegt, ist es nicht möglich eine Pflanze mit sich selbst zu kreuzen. Daher erfolgte indirekt eine Selektion auf ein geringes BI. Des Weiteren ist es so, dass die weibliche Blüte durch Stress, wie zum Beispiel Trockenheit oder erhöhte Bestandsdichte verzögert und das BI in die Länge gezogen werden kann (Uribelarrea et al. 2002, Pagano et al. 2007, Bolaños und Edmeades 1996). In einer heterogenen Population kann die Bestäubung durch später blühende Pflanzen erfolgen. Hingegen könnte bei einer homogenen Hybridsorte die starke Verzögerung der weiblichen Blüte dazu führen, dass die männliche Blüte bereits vor dem Schieben der Narbenfäden beendet ist und somit keine Körner ausgebildet werden können. Pagano et al. (2007) und Uribelarrea et al. (2002) stellten abhängig von der Bestandsdichte BI von -0,6 bis -2,4 Tagen und von -0,24 bis zu -4,5 Tagen, also Protandrie, in Versuchen mit regionalen Hybriden in der Pampa, Argentinien und dem Mittleren Westen der USA fest. Cerrudo et al. (2012) beobachteten dagegen ein BI von 1,3 bzw. bei später Unkrautkontrolle 2,4 Tagen und somit Protogynie bei modernen Hybriden in Ontario, Canada. In alten Schweizer Landsorten beobachtete Eschholz (2008) mit -2,3 bis -7,5 Tagen ein teilweise deutlich längeres BI. Thiemt (2002) stellte bei mittelfrühen Hybriden

aus dem aktuellen Material der KWS eine sehr kurze zeitliche Differenz zwischen männlicher und weiblicher Blüte von -0,27 und -1,38 Tagen unter Bedingungen mit hoher und geringer N-Versorgung fest.

Bei der Entwicklung von Populationen aus Hybriden könnte daher aufgrund eines kurzen BI spontane Selbstung und damit verbunden Inzuchtdepression und ein Ertragsrückgang auftreten. Um dies zu untersuchen sollten ausgehend von 54 modernen Hybriden, an denen das BI bestimmt wurde, Populationen mit einem kurzen und mit einem langen BI und eine besonders wüchsige Population selektiert werden. Eine mögliche Ertragsreduktion aufgrund von Selbstung in Populationen sollte in einem Vergleichsanbau der Nachkommenschaft der drei Populationen nach einer Generation offenen Abblühens (op-Variante) und der Nachkommenschaft von entfahnten Pflanzen (ef-Variante), bei denen Selbstung ausgeschlossen war, ermittelt werden. Zudem sollte mittels einer Markeranalyse mit SNP-Markern (Single Nucleotide Polymorphism) ein Vergleich der Anzahl homozygoter Loci bei der Nachkommenschaft aus der op-Variante gegenüber der Nachkommenschaft aus der ef-Variante angestellt werden. Wenn Selbstung während des offenen Abblühens stattgefunden hat, ist die Anzahl homozygoter Loci bei der Nachkommenschaft aus der op-Variante erhöht. Aus der Anzahl homo- und heterozygoter Loci lässt sich somit der Inzuchtkoeffizient  $F$  und die Selbstungsrate berechnen. Weiterhin sollte an 20 Hybriden und ihrer Nachkommenschaft aus Selbstung ( $S_1$ ) in einem Vergleichsanbau ermittelt werden, ob der Ertragsrückgang nach Selbstung für die Hybriden unterschiedlich hoch ist.

Für den Aufbau einer Population aus Hybriden könnte es vorteilhaft sein, Hybriden mit einem langen BI als Elter zu verwenden um Selbstung zu vermeiden, oder es könnte vorteilhaft sein, Hybriden mit einem geringeren Leistungsabfall nach Selbstung zu nutzen.

Die Fragestellungen in diesem Projekt lauteten:

1. Kommt es zu einer Verkürzung des Blühintervalls bei modernen Hybriden?
2. Führt dies zu Selbstung und in welchem Ausmaß?
3. Wie hoch sind Inzuchtdepression und Ertragsrückgang nach Selbstung?
4. Welche Strategien ergeben sich daraus für die Entwicklung von Populationssorten?

## 3.2 Material und Methoden

### 3.2.1 Pflanzenmaterial

Das Ausgangsmaterial für alle Versuche waren 54 kommerziell verfügbare Hybriden, bei denen im Jahr 2011 das BI bestimmt wurde (Tab. 34).

Aus diesen Hybriden wurden für die weiteren Untersuchungen je acht Hybriden zur Herstellung verschiedener Populationen selektiert:

- Population 1 (Pop1) bestand aus acht Hybriden, die zur Blüte am wüchsigsten waren (bonitiert und selektiert durch die GZPK)
- Population 2 (Pop2) bestand aus den acht Hybriden mit dem kürzesten BI
- Population 3 (Pop3) bestand aus den acht Hybriden mit dem längsten BI

**Tab. 34 Hybriden für die Blühintervalluntersuchung im Jahr 2011**

Prüfgliednr. Blühintervallversuch	Hybridname	Zulassungsjahr	Züchter	Prüfgliednr. Hybriden-S1 Vergleich
1	Coxximo	2003	RAGT	
2	NK Octet	-	Syngenta	1
3	Pralinia	-	Intersaatzucht	
4	Amadeo	2004	KWS	18
5	Torres	2007	KWS	2
6	Farmflex	2008	Intersaatzucht	17
7	ES Ballades	2005	Euralis	
8	Astor	2003	Saaten-Union	
9	NK Neero	2007	Syngenta	
10	Aspekt	2005	Advanta/Limagrain	14
11	Thimo	2006	Syngenta	
12	Alduna	-	Saaten-Union	
13	DMA12	-	Saaten-Union	
14	Saari	2005	Intersaatzucht	
15	Oldham	1999	Syngenta	3
16	Suzy	2009	Saaten-Union	
17	Sumigo	2006	Saaten-Union	
18	Goldosse	2004	Saaten-Union	9
19	Fernandez	2009	KWS	4
20	Puyol	2009	KWS	10
21	Ricardinio	2008	KWS	11
22	Cassilas	2009	KWS	19
23	Alombo	2004	Intersaatzucht	
24	Aviator	2005	Saaten-Union	
25	Moby	2007	Intersaatzucht	16
26	Yser	2007	DSV	
27	Farmoso	2008	Intersaatzucht	13
28	ES Progress	2007	Euralis	
29	ES Charles	2005	Euralis	
30	Subito	2006	Saaten-Union	5

**Forts. Tab. 34**

<b>Prüfgliednr. Blühintervallversuch</b>	<b>Hybridname</b>	<b>Zulassungsjahr</b>	<b>Züchter</b>	<b>Prüfgliednr. Hybriden-S1 Vergleich</b>
31	Sumaris	2008	Saaten-Union	12
32	Atendo	2003	Saaten-Union	
33	NK Top	2009	Syngenta	6
34	NK Falkone	2007	Syngenta	7
35	Maritimo	2007	Advanta	
36	NK Bull	2004	Syngenta	8
37	Surfer	2008	Saaten-Union	
38	Artist	2007	Saaten-Union	
39	Ayrro	2008	Saaten-Union	15
40	Sudros	2008	Saaten-Union	
41	NK Olympic	-	Syngenta	
42	Padrino	2007	KWS	
43	Ronaldinio	2006	KWS	20
44	Cannavaro	2009	KWS	
45	Surehand	2008	Saaten-Union	
46	Nerissa	2006	Syngenta	
47	Delitop	2003	Syngenta	
48	NK Jasmic	2008	Syngenta	
49	Drim	2007	Syngenta	
50	Aaspeed	2007	Saaten-Union	
51	Bredero	2007	Saaten-Union	
52	EMA04	-	Saaten-Union	
53	Fulbi	2008	Caussade	
54	Sudoku	2008	Saaten-Union	

Prüfgliednr. Blühintervallversuch = Prüfgliednummer in den Untersuchungen zum Blühintervall 2011, Prüfgliednr. Hybriden-S1 = Prüfgliednummer im Vergleich der Hybriden und ihrer Nachkommenschaft aus Selbstung 2012

Die Eltern der Pop1 wurden im Sommer 2011 paarweise reziprok miteinander verkreuzt, die Hybriden für Pop2 und Pop3 wurden im Winterzuchtgarten auf La Palma im Januar 2012 in einem partiellen Diallel jeweils reziprok miteinander verkreuzt. Die Hybriden von Pop2 waren jeweils in fünf Kreuzungen vertreten, die Hybriden der Pop3 in jeweils vier Kreuzungen (Tab. 35, Tab. 36).

**Tab. 35 Kreuzungsschema von Population 2 im Winterzuchtgarten 2012**

Eltern	2	3	4	5	6	7	8
1		X	X	X	X	X	
2			X	X	X	X	X
3				X	X	X	X
4					X	X	X
5						X	X
6							X

**Tab. 36 Kreuzungsschema von Population 3 im Winterzuchtgarten 2012**

Eltern	2	3	4	5	6	7	8
1			X	X	X	X	
2				X	X	X	X
3				X	X	X	X
4					X	X	X
5							X

Das im Winterzuchtgarten gewonnene Saatgut der Populationen wurde 2012 jeweils in Isolationsparzellen ausgesät. Alle Ausgangseltern waren in der Mischung jeweils zu gleichen Anteilen vertreten. In jeder Isolationsparzelle blühte ein Teil der Populationen offen ab, ein anderer Teil wurde entfahnt. Die ef-Variante, bei der also der männliche Blütenstand noch vor der Blüte entfernt worden war, diente als Kontrollvariante, bei der Selbstung ausgeschlossen war. Das Saatgut der op- und ef-Varianten der Populationen wurde für die Versuche zum Ertragsvergleich zwecks Bestimmung der Selbstungsrate in 2013 und 2014 verwendet. An dem Saatgut der op- und ef-Variante der Pop1 wurden zudem die Markeranalysen vorgenommen.

In den Versuchen zum Ertragsvergleich wurden im Jahr 2013 in Göttingen die Sorte Ricardinio und in Wiebrechtshausen die Sorten Ricardinio, Grosso und Panvinio KWS als Standardprüfglieder eingesetzt. Im Jahr 2014 kam zu den drei Hybriden noch die Populationssorte Sankt Michaelis (Dottenfelderhof) als Standard hinzu.

Um den Leistungsrückgang nach Selbstung zu erfassen wurde von 20 Einfach-Hybriden (Tab. 34) S1-Saatgut produziert um die S1-Leistung in einer Ertragsprüfung mit der ihrer Elternhybriden zu vergleichen. Ein Prüfglied konnte nicht in die Auswertung eingehen, da nicht genügend S1-Saatgut vorhanden war.



## 3.2.2 Feldversuche

### 3.2.2.1 Versuchsanlage

Der Versuch zur Bestimmung des BI an den Ausgangshybriden fand im Jahr 2011 an den Standorten Göttingen und Feldbach, CH statt. Die Prüfglieder wurden ohne Wiederholung in zweireihigen, 9 m<sup>2</sup> großen Parzellen bei einem Reihenabstand von 75 cm und einer Saatstärke von 10 Körnern/m<sup>2</sup> im Einzelkornverfahren ausgesät. Um die Selbstungen und Kreuzungen in 2011 herstellen zu können, wurden je Hybride in Feldbach noch zwei weitere Reihen zehn Tage nach Aussaat der ersten zwei Reihen per Hand nachgesät. Die erste Aussaat in Feldbach erfolgte am 06.05.2011, die zweite dann am 16.05.2011. In Göttingen wurde am 13.05.2011 gesät. Da von einem Teil der Hybriden nur gebeiztes Saatgut erhältlich war, wurde der Versuch in Göttingen auf einem Feld unter konventioneller Bewirtschaftung durchgeführt, während in Feldbach eine Ausnahmegenehmigung für den Anbau unter ökologischen Bedingungen vorlag. Ende September wurden in Feldbach die Kolben der Hybriden, die weiterverwendet werden sollten, per Hand geerntet und noch nachgetrocknet. In Göttingen erfolgte keine Ernte. Informationen zu den Standorten sind in Tab. 38 gegeben.

Im Jahr 2012 wurden die Populationen 1, 2 und 3 in räumlicher Isolation zu anderen Maispflanzen angebaut. Als Distanz zu anderen Maisflächen und den anderen Isolationsparzellen wurden mindestens 250 m eingehalten. Jede Population wurde an drei Orten angebaut (Tab. 37). Die Größe der Isolationsparzellen betrug ca. 10x10 m. In Deutschland wurden Anfang Mai 13 Reihen Mais mit einem Abstand von 75 cm per Sästock auf 6 cm Tiefe abgelegt und in der Schweiz wurden Mitte Mai 12 Reihen Mais ebenfalls per Sästock gelegt. Es wurden 10 Körner/m<sup>2</sup> also ca. 1000 Körner/Isolationsparzelle gesät. In den mittleren fünf Reihen Mais wurde gegen Ende des Rispenstehens die Fahne abgeschnitten um Selbstung auszuschließen. Als Bestäuber für diese Pflanzen diente der Mais in den flankierenden Reihen. Die Standorte Göttingen Reinshof und Ballenhausen wurden in dem nachfolgenden Ertragsvergleich der Nachkommenschaft aus den op-Varianten (offen abgeblüht) und ef-Varianten (entfahnt) zu einer Herkunft zusammengefasst. Ebenso wurden die Schweizer Orte als eine Herkunft betrachtet. Am Standort Feldbach wurde der Mais nahezu vollständig von Vögeln aufgefressen und die Parzelle wurde umgebrochen. Die Ernte der Kolben erfolgte in der Schweiz Ende September und an den Standorten in Deutschland Ende Oktober per Hand. Die Kolben wurden getrocknet und später gerebelt.

**Tab. 37 Standorte der Isolationsparzellen der drei Populationen im Jahr 2012**

Population	Standort der Isolationsparzellen
1	Göttingen [Ballenhausen] Deppoldshausen "Dreisch" Hombrechtikon, CH
2	Göttingen Reinshof "vor dem Hofe rechts" Deppoldshausen "Hopfenberg" (Feldbach, CH)
3	Göttingen Reinshof "Tönjeswinkel" Deppoldshausen "Im Lehne" Hombrechtikon [Grüt], CH

(Feldbach, CH)=Standort konnte nicht geerntet werden

**Tab. 38 Beschreibung der Versuchsstandorte**

	Göttingen	Ballenhausen	Deppoldshausen	Feldbach	Hombrechtikon	Einbeck	Löningen
Niederschlag, langj. Mittel (mm)	651	649	645	861	867	644	756
Temperatur, langj. Mittel (°C)	8.7	8.4	7.7	13.8	8.6	8.8	8.7
Höhe über NN (m)	150	200	330	417	464	130	36
Bodenart	schluffiger Lehm	toniger Lehm	Ton	sandiger Lehm	sandiger Lehm	Lehm	lehmyger Sand
Ackerzahl	87	-	46	-	-	80	35

Die Leistungsprüfungen der Populationen im Jahr 2013 wurden an zwei Standorten, Göttingen und Wiebrechtshausen (Tab. 37), durchgeführt. Die Aussaat erfolgte am 06.05.2013 im Einzelkornverfahren. Die Parzellengröße betrug 9 m<sup>2</sup> (1,5 x 6m) und es wurden zwei Reihen Mais mit jeweils 48 Pflanzen (10,66 Pflanzen/m<sup>2</sup>) bei einem Reihenabstand von 75 cm auf ca. 3-5 cm Tiefe abgelegt. Auflaufendes Unkraut wurde sowohl zwischen als auch in den Maisreihen mechanisch und manuell bekämpft. Der Versuch war als randomisierte Blockanlage mit zwei Wiederholungen angelegt. Es wurde die Nachkommenschaft der drei Populationen aus den verschiedenen Herkunftten und den zwei Varianten op und ef sowie in Göttingen ein und in Wiebrechtshausen drei Standards geprüft (Tab. 39). Die Ernte erfolgte mit einem Parzellendrescher in Wiebrechtshausen am 04.11.2013 und in Göttingen am 05.11.2013.

Im Jahr 2014 wurde der Versuch mit fünf Wiederholungen an den drei Standorten Göttingen, Einbeck und Löningen (Tab. 37) wiederholt, da der Versuch in Wiebrechtshausen nicht und der Versuch in Göttingen aufgrund erheblicher Fehlstellen und Schäden durch Wildschweine (Wiebrechtshausen) nur eingeschränkt auswertbar war. Die Versuche konnten aus versuchstechnischen Gründen nur unter konventionellen Bedingungen durchgeführt werden. Die Aussaat erfolgte Ende April mit der gleichen Technik wie zuvor beschrieben. Der Versuch war als doppelte Spaltanlage mit den drei Populationen als Großteilstücken und sechs Kleinteilstücken, den drei bzw. bei Pop2 zwei Herkunftten und den jeweils zwei Varianten op und ef, angelegt. Dazu kamen die vier Standardprüfglieder (Tab. 39). Die Ernte der Versuche in Löningen und Einbeck erfolgte am 07.11. bzw. am 08.11.2014 mit einem Parzellendrescher. In Göttingen wurden am 10.11.2014 die Kolben einzelreihenweise per Hand geerntet und anschließend getrocknet und gerebelt.

**Tab 39 Prüfglieder in der Leistungsprüfung der Populationen im Jahr 2013**

Prüfgliednr.	Population	Herkunft	Variante
1	1	Hombrechtikon (CH)	offen abgeblüht
2	1	Ballenhausen	offen abgeblüht
3	1	Deppoldshausen "Dreisch"	offen abgeblüht
4	1	Hombrechtikon (CH)	entfahnt
5	1	Ballenhausen	entfahnt
6	1	Deppoldshausen "Dreisch"	entfahnt
7	2	Deppoldshausen "Hopfenberg"	offen abgeblüht
8	2	Reinshof "vor dem Hofe rechts"	offen abgeblüht
9	2	Deppoldshausen "Hopfenberg"	entfahnt
10	2	Reinshof "vor dem Hofe rechts"	entfahnt
11	3	Hombrechtikon (Grüt), CH	offen abgeblüht
12	3	Reinshof "Tönjeswinkel"	offen abgeblüht
13	3	Deppoldshausen "Im Lehne"	offen abgeblüht
14	3	Hombrechtikon (Grüt), CH	entfahnt
15	3	Reinshof "Tönjeswinkel"	entfahnt
16	3	Deppoldshausen "Im Lehne"	entfahnt
17	Ricardinio		-
18°	Grosso		-
19°	Panvinio KWS		-
20*	Sankt Michaelis	-	-

° 2013 nur in Wiebrechtshausen, nur im Jahr 2014

Die Versuche zum Ertragsvergleich zwischen den Hybriden und ihrer S1 wurden 2012 und 2013 an den Standorten Göttingen und Wiebrechtshausen (2012 in Wiebrechtshausen Ortsteil Edesheim) durchgeführt. Die Versuche waren als Spaltanlage mit zwei Wiederholungen angelegt, wobei die Hybriden bzw. die S1en die Blöcke bildeten. Die Aussaat erfolgte Anfang Mai zu den zuvor beschriebenen Bedingungen und die Ernte Ende Oktober bzw. Anfang November. Auch hier waren die Versuche im Jahr 2013 nicht auswertbar.

### 3.2.2.2 Erfasste Merkmale

In Tab. 40 sind alle Merkmale, die in den Versuchen zur Blühbiologie und dem Leistungsrückgang nach Selbstung, in den Populationen und bei Hybriden und ihrer Nachkommenschaft aus Selbstung, in den Jahren von 2011-2014 erfasst wurden aufgelistet.

**Tab. 40 Erfasste Merkmale in den Versuchen zum Blühintervall und dem Leistungsrückgang nach Selbstung, in den Populationen und bei Hybriden und ihrer Nachkommenschaft aus Selbstung (S1), in den Jahren 2011-2014**

Jahr	Material	Merkmale					
		Bl (Tage)	Blüte (Tage)	Anzahl Pflanzen	WH (cm)	KFM (kg/9 <sup>2</sup> )	KTS (%)
2011	54 Hybriden	X					
2012	Populationen	X*					
	20 Hybriden/20 S1		X	X	X	X	X
2013	Populationen op/ef		X	X	X	X	X
	20 Hybriden/20 S1		X	X	X	X	X
2014	Populationen op/ef	X°		X°	X°	X	X <sup>+</sup>

Bl: Blühintervall, Differenz zwischen männlicher und weiblicher Blüte in Tagen

Blüte: Tage nach der Aussaat, an denen 25% der Pflanzen je Parzelle die Nabenfäden geschoben hatten

Anzahl Pflanzen zur Ernte

WH: Wuchshöhe in cm

KFM: Kornfrischmasse (kg/9m<sup>2</sup>) bei der Ernte vom Parzellendrescher gewogen

KTS: Korntrockensubstanz (%) bei der Ernte vom Parzellendrescher per NIRS (Nahinfrarotspektroskopie) erfasst

op: Saatgut der offen abgeblühten (open pollinated) Variante in den Isolationsparzellen

ef: Saatgut der entfahnten Variante in den Isolationsparzellen

\*in der nicht entfahnten Variante, an den Standorten in Deutschland

°die Daten wurden nur in den ersten drei Wiederholungen erfasst

<sup>+</sup>in Göttingen wurde die KTS nicht erfasst

### Blühintervall

Um das Bl bei den 54 Hybriden in 2011 zu bestimmen wurden jeweils zehn Pflanzen je Hybride vor der Blüte markiert, an denen später in täglichen Bonituren der Beginn der männlichen Blüte (Pollen schüttet am Hauptast der Rispe), Mitte der männlichen Blüte (Pollen schüttet auch an den Nebenästen), Beginn der weiblichen Blüte (erste Nabenfäden sichtbar) und Mitte der weiblichen Blüte (Nabenfäden im Mittel 4 cm lang) festgehalten wurden. Die Einzelwerte der zehn Pflanzen wurden gemittelt und aus der Differenz (in Tagen) zwischen Beginn männlicher und Beginn weiblicher Blüte wurde das Blühintervall berechnet. Ein negativer Wert bedeutet Protandrie, ein positiver Wert Protogynie. Für die Auswahl der

Eltern für Pop 2 mit kurzem BI und Pop 3 mit langem BI wurden die Mittelwerte je Ort betrachtet und nur solche Hybriden ausgewählt, deren BI an beiden Orten ähnlich war. Wenn z.B. das BI in Hombrechtikon 0,6 Tage betrug und in Göttingen -0,4 Tage, dann war der Mittelwert mit 0,1 Tagen zwar sehr klein, dennoch wurde diese Hybride nicht als Eltern für Population 2 ausgewählt, da die Werte der beiden Orte gegenläufig waren. Für Pop 3 wurden nur Hybriden als Elter ausgewählt, die ein positives BI zeigten.

Bei den Populationen in den Isolationsparzellen in Deutschland wurde ebenfalls das BI bonitiert. Zu diesem Zweck wurden jeweils in vier nicht entfalteten Maisreihen je 12 Pflanzen vor der Blüte markiert und nach obigem Schema das BI erfasst.

Im Jahr 2014 wurde in der Leistungsprüfung der Populationen in drei Wiederholungen an jeweils zehn vor der Blüte markierten Pflanzen je Population und Variante das BI bonitiert.

### **Korntrockenmasseertrag**

Der Korntrockenmasseertrag wurde für einen Korntrockensubstanzgehalt (KTS) von 86% in dt/ha aus Kornfrischmasse (KFM) und gemessenem KTS errechnet. Für den Leistungsvergleich der Populationen am Standort Göttingen 2014 konnte der KTS bei der Ernte nicht genau bestimmt werden, da der Versuch nicht mit dem Parzellendrescher geerntet wurde wie die anderen Versuche. Die Kolben wurden getrocknet bis kein Gewichtsverlust mehr zu verzeichnen war und dann gerebelt und die getrockneten Körner gewogen.

In Parzellen, in denen weniger als 40% der angestrebten Pflanzenzahl von 96 Pflanzen pro Parzelle, also weniger als 38 Pflanzen, standen, wurden der Ertrag und die KTS durch fehlende Werte ersetzt. Für alle übrigen Parzellen wurde der Ertrag wie in 2.2.4 beschrieben korrigiert.

Für jeden Versuch bzw. jede Materialgruppe innerhalb eines Versuches wurde der optimale Korrekturfaktor für den Ausgleich von Fehlstellen anhand der beschriebenen Vorgehensweise separat ermittelt (Tab. 41).

**Tab. 41 Korrekturfaktoren für den Korntrockenmasseertrag zum Ausgleich fehlender Pflanzen in den Versuchen zum Leistungsrückgang nach Selbstung bei Hybriden und ihrer Nachkommenschaft aus Selbstung (S1) (2012) und den Populationen (2014)**

Jahr	Versuch	Material	Korrekturfaktoren	
			Göttingen	Wiebrechtshausen
2012	Hybriden-S1 Vergleich	Hybriden	0.4	0.5
		S1	0.3	0.9
2014	Ertragsvergleich der Populationen	Populationen	0.8	0.7

### 3.2.3 Markeranalysen

An der Pop1 wurden durch die Firma TraitGenetics Markeranalysen zur Bestimmung der Selbstungsrate durchgeführt. Es wurden SNP-Marker (Single Nucleotide Polymorphism) verwendet, die co-dominant sind, wodurch für jeden Locus ersichtlich wird, ob er homozygot oder heterozygot ist. Die Selbstungsrate sollte anhand des Vergleichs der Anzahl homo- und heterozygoter Loci in der offen abgeblühten und der entfahnten Variante, bei der Selbstung ausgeschlossen wurde, bestimmt werden.

Nach einem Vortest mit 50 SNP-Markern an der Pop1 wurden 20 polymorphe Marker ausgewählt, mit denen die Untersuchung durchgeführt wurde. Von je 400 Körnern je Variante und Herkunft, bzw. Standort der Isolationsparzellen, wurden von der Firma TraitGenetics Pflanzen angezogen und DNA isoliert, die daraufhin mit den zuvor ausgewählten 20 Markern mit Hilfe der KASP-Technologie untersucht wurde.

Aus den Genotypfrequenzen wurden die Allelfrequenzen berechnet:

$$p = (P + H/2)/N$$

$$q = (Q + H/2)/N$$

Darin sind:

p	Frequenz der Allele $A_1$
P	Frequenz der Homozygoten $A_1A_1$
H	Frequenz der Heterozygoten $A_1A_2$
N	Populationsgröße
q	Frequenz der Allele $A_2$
Q	Frequenz der Homozygoten $A_2A_2$

Aus den Allelfrequenzen wurden die erwarteten Genotypfrequenzen im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht berechnet:

$$p^2$$

$$2pq$$

$$q^2$$

Der Inzuchtkoeffizient F wurde mittels folgender Gleichung ermittelt:

$$F = (H_0 - H)/H_0$$

Darin sind:

$H_0$	Anteil der (erwarteten) Heterozygoten im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht
H	Anteil der (beobachteten) Heterozygoten

Der Anteil Selbstung wurde mittels folgender Formel berechnet:

$$S = 2 \cdot \Delta F_1$$

und  $S = 2 \cdot \Delta F_2$

Darin sind:

S Anteil Selbstung

$$\Delta F_1 F_{op} - F_{entfahnt}$$

$$\Delta F_2 F_{op} - F_E$$

Dabei gibt  $F_E$  den erwarteten Anteil Inzucht an, der in kleinen Populationen durch Kreuzung mit anderen Pflanzen des gleichen Genotyps auftritt. Bei einer Population ausgehend von acht heterozygoten Genotypen ergibt sich daher:

$$F_E = 1/(2N) \Rightarrow F_E = 1/16$$

### 3.2.4 Statistische Auswertung

Die Verrechnung der erhobenen Daten wurde mit dem Programm PLABSTAT, Version 3Awin (Utz, 2011) durchgeführt. Die Daten der BI-Bonitur 2011 wurden nach folgendem Model mit Orten als zufälligen und Genotypen als fixen Faktoren verrechnet:

$$x_{iko} = \mu + g_i + o_k + go_{ik} + p_{iko} \quad (13)$$

Darin sind:

$x_{iko}$	Wert der o-ten Pflanze innerhalb des i-ten Genotyps am k-ten Standort
$\mu$	Versuchsmittelwert
$g_i$	Effekt des i-ten Genotyps
$o_k$	Effekt des k-ten Standortes
$go_{ik}$	Effekt der Interaktion von i-tem Genotyp und k-tem Standort
$p_{iko}$	Effekt der o-ten Pflanze innerhalb des i-ten Genotyps am k-ten Standort

Für den Ertragsvergleich der Populationen im Jahr 2014 wurde zunächst jeder Ort einzeln als Blockanlage verrechnet um den optimalen Korrekturfaktor für den Komertrag zu finden. Prüfglied und Wiederholung gingen als fixe Faktoren in folgendes Model ein:

$$x_{iq} = \mu + g_i + w_q + gw_{iq} + e_{iq} \quad (14)$$

Darin sind:

$x_{iq}$	adjustierter Mittelwert des i-ten Prüfglieds in der q-ten Wiederholung
$\mu$	Versuchsmittelwert
$g_i$	Effekt des i-ten Prüfglieds
$w_{kq}$	Effekt der q-ten Wiederholung
$gw_{iq}$	Effekt der Interaktion von i-tem Prüfglied und q-ter Wiederholung



Der Leistungsvergleich der offen abgeblühten und entfahnten Populationen 1, 2 und 3 war als doppelte Spaltanlage angelegt. Die drei Populationen stellten die Großteilstücke und die Saatgutherkünfte, also die Standorte der Isolationsparzellen, sowie die jeweils zwei Varianten „offen abgeblüht“ und „entfahnt“ die sechs Kleinteilstücke dar. Da ein Isolationsstandort für die Pop2 ausgefallen war, gab es für Pop2 nur Saatgut aus zwei Herkünften. Daher wurden zwei getrennte Verrechnungen vorgenommen: Alle drei Populationen nur mit den Herkünften Göttingen/Ballenhausen und Deppoldshausen und eine Verrechnung nur von den Pop1 und Pop3 mit allen drei Herkünften. Beide Verrechnungen erfolgten nach dem gleichen Modell, in das Orte als zufällige und die restlichen als fixe Faktoren eingingen:

$$x_{kqrst} = \mu + o_k + w_{kq} + q_r + qo_{kr} + qw_{kqr} + h_s + ho_{ks} + hq_{rs} + hoq_{krs} + hqw_{kqrs} + z_t + zo_{kt} + zq_{rt} + zh_{st} + zoq_{krt} + zhq_{rst} + zoh_{kst} + zhoq_{krst} + zhqw_{kqrst} + e_{kqrst}$$

(15)

Darin sind:

$x_{kqrst}$	adjustierter Mittelwert der r-ten Population der s-ten Saatgutherkunft der t-ten Variante der q-ten Wiederholung am k-ten Standort
$\mu$	Versuchsmittelwert
$o_k$	Effekt des k-ten Standortes
$w_{kq}$	Effekt der q-ten Wiederholung innerhalb des k-ten Standortes
$q_r$	Effekt der r-ten Population
$qo_{kr}$	Effekt der Interaktion von r-ter Population und k-tem Standort
$qw_{kqr}$	Effekt der Interaktion von r-ter Population und q-ter Wiederholung innerhalb des k-ten Standortes
$h_s$	Effekt der s-ten Saatgutherkunft
$ho_{ks}$	Effekt der Interaktion von s-ter Saatgutherkunft und k-tem Standort
$hq_{rs}$	Effekt der Interaktion von s-ter Saatgutherkunft und r-ter Population
$hoq_{krs}$	Effekt der Interaktion von s-ter Saatgutherkunft, k-tem Standort und r-ter Population
$hqw_{kqrs}$	Effekt der Interaktion von s-ter Saatgutherkunft, r-ter Population und q-ter Wiederholung innerhalb des k-ten Standortes
$z_t$	Effekt der t-ten Variante
$zo_{kt}$	Effekt der Interaktion von t-ter Variante und k-tem Standort
$zq_{rt}$	Effekt der Interaktion von t-ter Variante und r-ter Population
$zh_{st}$	Effekt der Interaktion von t-ter Variante und s-ter Saatgutherkunft
$zoq_{krt}$	Effekt der Interaktion von t-ter Variante, k-tem Standort und r-ter Population
$zhq_{rst}$	Effekt der Interaktion von t-ter Variante, s-ter Saatgutherkunft und r-ter Population
$zoh_{kst}$	Effekt der Interaktion von t-ter Variante, k-tem Standort und s-ter Saatgutherkunft
$zhoq_{krst}$	Effekt der Interaktion von t-ter Variante, s-ter Saatgutherkunft, k-tem Standort und r-ter Population
$zhqw_{kqrst}$	Effekt der Interaktion von t-ter Variante, s-ter Saatgutherkunft, r-ter Population und q-ter Wiederholung innerhalb des k-ten Standortes
$e_{kqrst}$	Restfehler

Unterschiede in der Anzahl homozygoter loci zwischen der Nachkommenschaft aus entfahnter und offen abgeblühter Variante der Populationen wurden mit einem  $\chi^2$ -Test überprüft:

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^n \frac{(B_i - E_i)^2}{E_i} \quad (16)$$

Für den Vergleich der Hybriden mit ihrer S1 wurde zunächst mit dem LATTICE Befehl von PLABSTAT eine getrennte Verrechnung der Hybriden und S1 je Ort als einfache Blockanlage vorgenommen um den optimalen Korrekturfaktor für den Komertrag zu finden. Die daraus resultierenden Fehlervarianzen und Mittelwerte wurden für die Verrechnung als Spaltanlage über die Orte genutzt. Die Orte gingen als zufällige und Inzuchtstatusgruppen (Hybriden bzw. S1) und Genotypen (Kombination aus Hybride und deren S1) als fixe Faktoren in folgendes Model ein:

$$x_{ikp} = \mu + o_k + i_p + g_i + o_{i_{kp}} + o_{g_{ik}} + i_{g_{ip}} + o_{i_{g_{ikp}}} + e_{ikp} \quad (17)$$

Darin sind:

$x_{ikp}$	adjustierter Mittelwert des i-ten Genotyps in der p-ten Inzuchtstatus-Gruppe am k-ten Standort
$\mu$	Versuchsmittelwert
$o_k$	Effekt des k-ten Standortes
$i_p$	Effekt der p-ten Inzuchtstatusgruppe (Hybride bzw. S1)
$g_i$	Effekt des i-ten Genotyps (Kombination aus Hybride und deren S1)
$o_{i_{kp}}$	Effekt der Interaktion von k-tem Standort und p-ter Inzuchtstatusgruppe
$o_{g_{ik}}$	Effekt der Interaktion von k-tem Standort und i-tem Genotyp
$i_{g_{ip}}$	Effekt der p-ten Inzuchtstatusgruppe und i-tem Genotyp
$o_{i_{g_{ikp}}}$	Effekt der Interaktion von k-tem Standort, p-ter Inzuchtstatusgruppe und i-tem Genotyp
$e_{ikp}$	Restfehler (aus den einzelnen Gitterverrechnungen)

### 3.3 Ergebnisse

#### 3.3.1 Untersuchungen zum Blühintervall

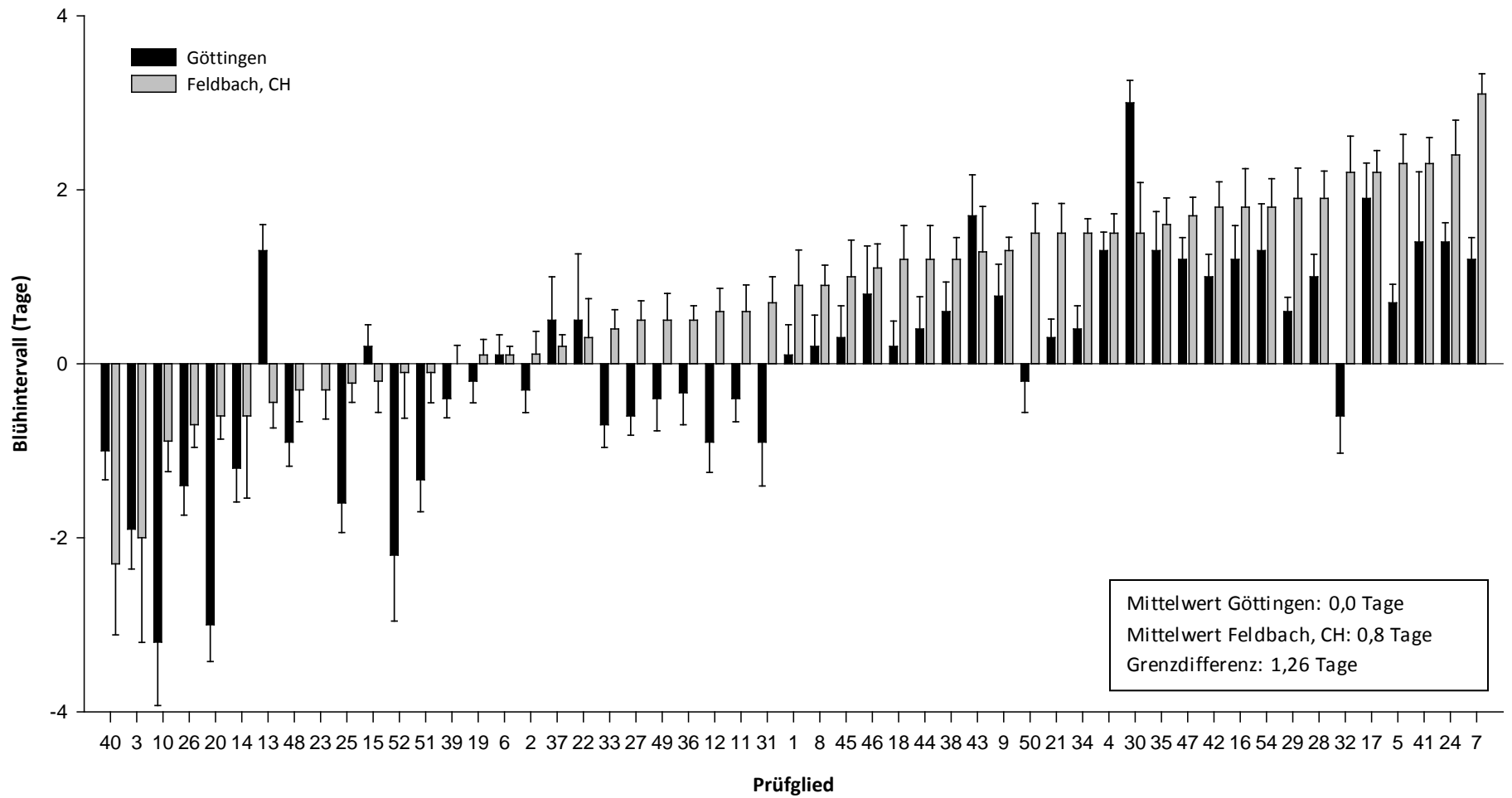
Im Jahr 2011 lag das BI im Mittel in Göttingen bei 0.1 und in Feldbach bei 0.8 Tagen, d.h. die männliche und die weibliche Blüte war in Göttingen etwa zeitgleich, während in Feldbach die weibliche Blüte etwas früher als die männliche stattfand (Abb. 5). Im Mittel beider Orte lag das BI bei 0,45 Tagen. Die Varianzanalyse bestätigte einen signifikanten Unterschied zwischen den Orten (Tab. 42). Auch zwischen den Genotypen gab es einen signifikanten Unterschied sowie eine signifikante Interaktion zwischen beiden Faktoren. Teilweise war das BI an den beiden Orten gegenläufig und die Ergebnisse der einzelnen Pflanzen je Prüfglied sehr unterschiedlich. Die Heritabilität für das Merkmal lag bei 83 %.

**Tab. 42 Varianzanalyse des Blühintervalls an 54 Hybriden über die Standorte Göttingen und Feldbach, CH im Jahr 2011**

Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
Ort (O)	1	140.6434	0.2531**	0.24
Genotyp (G)	53	23.0232	0.9538**	1.26
GO	51	3.9466	0.2418**	1.09
Pflanze innerhalb GO	936	1.5284	1.5284	

**Heritabilität 83%**

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 1 %



**Abb. 5 Mittelwerte und Standardfehler des Blühintervalls von 54 Hybriden für die Standorte Göttingen und Feldbach, CH im Jahr 2011**  
 Grenzdifferenz bei 5% Irrtumswahrscheinlichkeit

Für Pop1, für die von der GZPK die zur Blüte am wüchsigsten Genotypen selektiert worden waren, ergab sich ein mittleres BI der Hybriden von -0,1 Tagen, also quasi eine zeitgleiche männliche und weibliche Blüte (Tab. 43). Für Pop2, die aus den Genotypen mit dem kürzesten BI aufgebaut werden sollte, konnten Hybriden mit einem mittleren BI von 0,1 Tagen und für Pop3, die aus den Genotypen mit dem größten BI bestehen sollte, Hybriden mit einem BI von 1,9 Tagen selektiert werden (Tab. 44 und 45). Bei allen drei Populationen war das BI im Mittel in Feldbach höher als in Göttingen.

**Tab. 43 Mittelwerte der Blühintervalle der Hybriden für Population 1 (zur Blüte am wüchsigsten) 2011**

Prüfgliednr.	Hybridname	Mittel Göttingen	Mittel Feldbach	Mittel beider Orte
1	Coxximo	0.1	0.9	0.5
3	Pralinia	-1.9	-2.0	-2.0
8	Astor	0.2	0.9	0.6
10	Aspekt	-3.2	-0.9	-2.0
14	Saari	-1.2	-0.6	-0.9
15	Oldham	0.2	-0.2	0.0
17	Sumigo	1.9	2.2	2.1
18	Goldosse	0.2	1.2	0.7
<b>Mittel</b>		<b>-0.5</b>	<b>0.2</b>	<b>-0.1</b>

**Tab. 44 Mittelwerte der Blühintervalle der Hybriden für Population 2 (kurzes Blühintervall) 2011**

Prüfgliednr.	Hybridname	Mittel Göttingen	Mittel Feldbach	Mittel beider Orte
2	NK Octet	-0.3	0.1	-0.1
6	Farmflex	0.1	0.1	0.1
15	Oldham	0.2	-0.2	0.0
19	Fernandez	-0.2	0.1	-0.1
22	Cassilas	0.5	0.3	0.4
36	NK Bull	-0.3	0.5	0.1
37	Surfer	0.5	0.2	0.4
39	Ayrro	-0.4	0	-0.2
<b>Mittel</b>		<b>0.0</b>	<b>0.1</b>	<b>0.1</b>

**Tab. 45 Mittelwerte der Blühintervalle der Hybriden für Population 3 (langes Blühintervall) 2011**

Prüfgliednr.	Hybridname	Mittel Göttingen	Mittel Feldbach	Mittel beider Orte
7	ES Ballades	1.2	3.1	2.2
16	Suzy	1.2	1.8	1.5
17	Sumigo	1.9	2.2	2.1
24	Aviator	1.4	2.4	1.9
28	ES Progress	1	1.9	1.5
30	Subito	3	1.5	2.3
35	Maritimo	1.3	1.6	1.5
41	NK Olympic	1.4	2.3	1.9
<b>Mittel</b>		<b>1.6</b>	<b>2.1</b>	<b>1.9</b>

### 3.3.2 Leistungsvergleich und Selbstungsrate in den Populationen

#### Ergebnisse der Feldversuche

Das mittlere BI der Pop3 blieb über die Jahre 2001-2014 ziemlich konstant mit 1,9 – 2,2 Tagen (Tab. 46). Bei Pop1 war das BI im Jahr 2012 mit -0,7 Tagen größer als in den Jahren 2011 und 2014 mit jeweils -0,1 Tagen und bei Pop2 war das BI im Jahr 2014 mit 0,5 Tagen etwas höher als in den Jahren zuvor mit 0,1 und -0,2 Tagen. Bei Pop1 und 3 war das BI bei der Nachkommenschaft aus der entfahrenen Variante etwas höher, bei Pop2 war das BI am Standort Göttingen dagegen bei der Nachkommenschaft aus der entfahrenen Variante etwas geringer und in Einbeck gab es keinen Unterschied. Der Unterschied zwischen den Populationen war im Jahr 2014 bei der Verrechnung aller drei Populationen signifikant bei P=1 % (Tab. 48). In der Varianzanalyse der Pop1 und 3 mit drei Herkünften zeigte sich ein signifikanter Unterschied zwischen den Populationen mit nur P=10 % (Tab. 49). In beiden Verrechnungen war ein signifikanter Unterschied zwischen den Orten mit P=5 % und zwischen den Varianten mit P=10 % zu beobachten. In der Verrechnung von Pop1 und 3 zeigte sich zudem eine signifikante Interaktion von Variante und Herkunft. Die Heritabilität für das Merkmal BI war mit 99 % bzw. 100 % sehr hoch (Tab. 48 und 49).

**Tab. 46 Mittelwerte der Blühintervalle der Populationen 2011, 2012 und 2014**

	Population 1	Population 2	Population 3	
Göttingen 2011	-0,5	0,0	1,6	
Feldbach 2011	0,2	0,1	2,1	
<b>Mittel 2011</b>	<b>-0,1</b>	<b>0,1</b>	<b>1,9</b>	
Göttingen 2012	-0,7	-0,2	1,9	
Deppoldshausen 2012	-0,6	-0,1	2,5	
<b>Mittel 2012</b>	<b>-0,7</b>	<b>-0,2</b>	<b>2,2</b>	
Göttingen 2014	offen abgeblüht	-0,3	0,3	1,5
	entfahnt	-0,4	0,1	2,0
Einbeck 2014	offen abgeblüht	0,1	0,7	1,9
	entfahnt	0,2	0,7	2,2
<b>Mittel 2014</b>	<b>-0,1</b>	<b>0,5</b>	<b>1,9</b>	
<b>Mittel der Jahre</b>	<b>-0,3</b>	<b>0,1</b>	<b>2,0</b>	

2011: Mittel von 10 Pflanzen/Standort, 2012: Mittel von je 12 Pflanzen in 4 Reihen, 2014: Mittel von je 10 Pflanzen in 3 Wiederholungen, gemittelt über die Saatgutherkünfte

In der Tab. 47 sind die Mittelwerte über die Orte für WH und KTMk dargestellt. Die WH war bei den Pflanzen, deren Saatgut aus der op Variante stammte, höher als bei denen, deren Saatgut von entfahrenen Pflanzen kam. Mit dem KTMk verhielt es sich für die Pop1 genauso, während bei Pop2 und 3 der KTMk bei der Nachkommenschaft von entfahrenen Pflanzen, also solchen, bei denen Selbstung ausgeschlossen war, höher lag. Bei der Betrachtung der Pop1, 2 und 3 mit nur zwei Saatgutherkünften zeigten sich für die WH mit P=10 % zwischen den Populationen und Varianten sowie für den Interaktionseffekt von Herkunft x Ort und Herkunft x Population (Tab. 48). Zudem gab es einen signifikanten Unterschied zwischen den Wiederholungen innerhalb Orten und eine signifikante Interaktion von Population x Wiederholungen innerhalb Orten. Bei der Betrachtung der Pop1 und 3 mit allen Saatgutherkünften zeigte sich für das Merkmal WH ein signifikanter Unterschied mit P=10 % für die Saatgutherkünfte und ebenfalls eine signifikante Interaktion mit P=5 % für Herkunft x Population

(Tab. 49). Die Heritabilität für das Merkmal WH war mit 89 % bzw. 96 % sehr hoch (Tab. 48 und 49). Für den KTMk zeigte sich nur ein signifikanter Unterschied bei P=1% für die Orte Göttingen und Einbeck, während die Heritabilität bei 0% lag (Tab. 48 und 49).

**Tab. 47 Mittelwerte der Wuchshöhe und der korrigierten Korntrockenmasseerträge für die Populationen 1, 2 und 3 über die Orte Göttingen und Einbeck im Jahr 2014**

Merkmal	Variante	Population 1	Population 2	Population 3
WH (cm)	offen abgeblüht	306	311	300
	entfahnt	304	306	297
KTMk (dt/ha)	offen abgeblüht	146.92	145.83	142.27
	entfahnt	142.00	151.28	144.59

WH = Wuchshöhe in cm, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse in dt/ha

**Tab. 48 Varianzanalyse der Populationen 1, 2 und 3 für zwei Saatgutherkünfte (Göttingen und Depoldshausen) über die Orte Göttingen und Einbeck im Jahr 2014**

Merkmal	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
BI (Tage)	Orte (O)	1	2.7378	0.0649*	0.34
	Wiederholung in. Orten (W:O)	4	0.498	0.0082	0.6
	Populationen (P)	2	28.5322	1.1822**	0.49
	PO	2	0.1586	-0.0201	0.6
	PW:O	8	0.4	0.0347	0.78
	Herkunft (H)	1	0.0601	-0.0048	1.44
	HO	1	0.2312	-0.0017	0.37
	HP	2	0.1043	-0.0135	0.91
	HPO	2	0.2661	0.0008	0.64
	HPW:O	13	0.2611	0.0422	0.87
	Variante (V)	1	0.4868	0.0135+	0.03
	VO	1	0.0001	-0.0098	0.29
	VP	2	0.461	0.0339	0.41
	VH	1	0.9707	0.0437	1.82
	VPO	2	0.0543	-0.0204	0.5
	VHP	2	0.1702	-0.0032	1.08
	VHO	1	0.184	0.0008	0.41
	VHPO	2	0.1895	0.0042	0.71
	VHPW:O	23	0.1767	0.1767	
	Restfehler	71			
Heritabilität 99%					

**Forts. Tab. 48**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>VarianzkomponenteGD</b>	<b>Merkmal</b>
<b>WH (cm)</b>	Orte (O)	1	360.0139	6.6557	5.96
	Wiederholung in. Orten (W:O)	4	432.8889	26.0399+	10.33
	Populationen (P)	2	1009.7222	37.5278+	12.97
	PO	2	109.0556	-0.9462	10.33
	PW:O	8	120.4097	20.5821*	9.43
	Herkunft (H)	1	506.6806	9.4907	38.47
	HO	1	165.0139	7.0518+	4.44
	HP	2	324.3889	24.4444+	9.79
	HPO	2	31.0556	-1.1709	7.7
	HPW:O	13	38.0812	-22.6285	18.88
	Variante (V)	1	455.0139	12.6358+	1.06
	VO	1	0.125	-4.623	6.29
	VP	2	0.2222	-1.3287	7.06
	VH	1	39.0139	-1.7222	35.44
	VPO	2	16.1667	-11.1952	10.9
	VHP	2	205.5556	15.0278	26.69
	VHO	1	70.0139	-1.4805	8.9
	VHPO	2	115.3889	10.6836	15.42
	VHPW:O	23	83.3382	83.3382	
	Restfehler	71			
Heritabilität 89%					
<b>KTMk (dt/ha)</b>	Orte (O)	1	12278.2278	331.7343**	9.96
	Wiederholung in. Orten (W:O)	4	438.5849	8.5661	17.25
	Populationen (P)	2	249.3503	-4.0743	23.14
	PO	2	347.1325	0.945	17.25
	PW:O	8	335.7922	27.8532	22.88
	Herkunft (H)	1	23.7476	-16.6357	74.73
	HO	1	622.6331	22.1252	10.79
	HP	2	249.6338	12.529	17.5
	HPO	2	99.2853	-20.849	18.68
	HPW:O	13	224.3794	-0.863	31.11
	Variante (V)	1	0.5084	-0.0089	2.73
	VO	1	0.8299	-12.5153	10.37
	VP	2	279.0616	11.8159	20.58
	VH	1	576.1315	29.1914	30.15
	VPO	2	137.2707	-14.8058	17.96
	VHP	2	8.7476	-61.6074	48.32
	VHO	1	50.6856	-19.4911	14.66
	VHPO	2	378.3918	50.7621	25.4
	VHPW:O	23	226.1055	226.1055	
	Restfehler	71			
Heritabilität 0%		0%			

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, BI = Blühintervall, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, +, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5%, 1 %



**Tab. 49 Varianzanalyse der Populationen 1 und 3 für drei Saatgutherkünfte (Göttingen, Deppoldshausen und Hombrechtikon (CH)) über die Orte Göttingen und Einbeck im Jahr 2014**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>BI (Tage)</b>	Orte (O)	1	3.4936	0.0863 *	0.41
	Wiederholung in. Orten (W:O)	4	0.5667	0.015	0.71
	Populationen (P)	1	71.0035	1.9681+	1.16
	PO	1	0.1513	-0.0131	0.58
	PW:O	4	0.3871	0.0315	0.54
	Herkunft (H)	2	0.2531	-0.0122	0.92
	HO	2	0.5463	0.029+	0.38
	HP	2	0.3097	0.0223	0.36
	HPO	2	0.0425	-0.0259	0.54
	HPW:O	18	0.1979	-0.0141	0.99
	Variante (V)	1	0.8235	0.0224+	0.39
	VO	1	0.0168	-0.0116	0.33
	VP	1	0.51	0.0168	1.93
	VH	2	0.3267	0.0267 *	0.14
	VPO	1	0.2069	-0.0021	0.46
	VHP	2	0.2621	0.0204	0.93
	VHO	2	0.0067	-0.0366	0.57
	VHPO	2	0.1396	-0.0288	0.81
	VHPW:O	22	0.226	0.226	
	Restfehler	71			
Heritabilität 100%					
<b>WH (cm)</b>	Orte (O)	1	517.3472	8.8897	9.19
	Wiederholung in. Orten (W:O)	4	372.9306	14.6343	15.92
	Populationen (P)	1	793.3472	21.2562	15.88
	PO	1	28.125	-9.3997	13
	PW:O	4	197.3194	25.1463 *	8.27
	Herkunft (H)	2	826.0139	32.4444+	8.55
	HO	2	47.3472	0.0755	5.84
	HP	2	192.2639	12.9769	10.62
	HPO	2	36.5417	-1.6499	8.27
	HPW:O	18	46.4414	-14.5457	18.02
	Variante (V)	1	95.6806	2.571	5.29
	VO	1	3.125	-4.0227	6.01
	VP	1	15.125	0.7099	6.49
	VH	2	153.9306	10.0741	10.1
	VPO	1	2.3472	-8.1317	8.5
	VHP	2	58.625	-10.9537	27.7
	VHO	2	33.0417	-7.0819	10.41
	VHPO	2	124.3472	16.2715	14.72
	VHPW:O	22	75.5328	75.5328	
	Restfehler	71			
Heritabilität 96%					

**Forts. Tab. 49**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>KTMk (dt/ha)</b>	Orte (O)	1	15079.4757	414.9479**	7.78
	Wiederholung in. Orten (W:O)	4	193.0171	4.3054	13.48
	Populationen (P)	1	18.9934	-6.5621	47.84
	PO	1	255.2292	6.3265	11
	PW:O	4	141.3526	-13.8233	18.17
	Herkunft (H)	2	149.2219	-5.9364	21.21
	HO	2	291.6957	5.6169	12.85
	HP	2	264.9153	-4.8184	31.56
	HPO	2	322.7361	16.4073	18.17
	HPW:O	18	224.2925	-1.7598	31.3
	Variante (V)	1	30.3161	0.3581	12.5
	VO	1	17.4246	-11.6882	10.43
	VP	1	235.2281	1.6138	60.81
	VH	2	172.6541	8.5189	14.74
	VPO	1	206.1803	-2.4035	14.76
	VHP	2	37.3572	-49.1988	45.3
	VHO	2	70.4274	-26.2308	18.07
	VHPO	2	332.5502	34.9127	25.56
	VHPW:O	22	227.8121	227.8121	
	Restfehler		71		
<b>Heritabilität 0%</b>					

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, BI = Blühintervall, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, +, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5%, 1 %

## Markeranalysen

Bei dem Vergleich der Anzahl homozygoter Loci in der Nachkommenschaft der op-Variante gegenüber der Nachkommenschaft aus der ef-Variante, in der Selbstung ausgeschlossen war, ergab sich im Mittel ein signifikanter Unterschied (Tab. 50). In der Nachkommenschaft aus der op-Variante waren mehr Loci homozygot. Bei Betrachtung der Nachkommenschaften der verschiedenen Saatgutherkünfte zeigte sich nur für Deppoldshausen ein signifikanter Unterschied in der Anzahl homozygoter und heterozygoter Loci.

**Tab. 50 Vergleich der Anzahl homozygoter und heterozygoter loci in der Nachkommenschaft der offen abgeblühten und entfahnten Varianten der Population 1**

Saatgutherkunft	Variante	Anzahl		$\chi^2$ -Test
		homozygote Loci	heterozygote Loci	
Göttingen	offen abgeblüht	4833	3061	n.s.
	entfahnt	4726	3167	
Deppoldshausen	offen abgeblüht	4916	2960	*
	entfahnt	4619	3299	
Hombrechtikon (CH)	offen abgeblüht	4720	3155	n.s.
	entfahnt	4671	3264	
<b>Mittel</b>	<b>offen abgeblüht</b>	<b>4823</b>	<b>3059</b>	*
	<b>entfahnt</b>	<b>4672</b>	<b>3243</b>	

\* = signifikant unterschiedlich nach  $\chi^2$ -Test bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von 5 %; getestet wurde der Unterschied zwischen offen abgeblüht und entfahnt innerhalb einer Saatgutherkunft bzw. im Mittel

Die Inzuchtkoeffizienten F waren für die Nachkommenschaft aus der op-Variante höher als bei der Nachkommenschaft aus der ef-Variante (Tab. 51). Der Anteil Selbstung bei der Nachkommenschaft aus der offen abgeblühten Variante betrug bei der Berechnung mit der tatsächlich festgestellten Differenz zwischen  $F_{op} - F_{entfahnt}$  im Mittel 7,84 % und bei der Berechnung mit dem erwarteten  $F_E$  für die Nachkommenschaft aus der entfahnten Variante von 1/16 betrug er 8,26 %. Für die verschiedenen Saatgutherkünfte waren die Anteile Selbstung sehr unterschiedlich.

**Tab. 51 Selbstungsrate in der Nachkommenschaft der offen abgeblühten und entfahnten Varianten der Population 1**

Saatgutherkunft	Variante	Inzuchtkoeffizient F	$\Delta F_1$	$\Delta F_2$	Selbstung (%)	Selbstung (%)
			$(F_{op} - F_{entfahnt})$	$(F_{op} - F_E)$	in op ( $\Delta F_1$ )	in op ( $\Delta F_2$ )
Göttingen	op	0,1015	0,0181	0,039	3,62 %	7,8 %
	entfahnt	0,0834				
Deppoldshausen	op	0,1422	0,0887	0,0797	17,74 %	15,94 %
	entfahnt	0,0535				
Hombrechtikon (CH)	op	0,0731	0,0109	0,0106	2,18 %	2,12 %
	entfahnt	0,0622				
<b>Mittel</b>	<b>op</b>	<b>0,1056</b>	<b>0,0392</b>	<b>0,0431</b>	<b>7,84 %</b>	<b>8,62 %</b>
	<b>entfahnt</b>	<b>0,0664</b>				

$F_E = F_{\text{erwartet}}, F = 1/(2N) \Rightarrow F = 1/16$ , op = offen abgeblüht

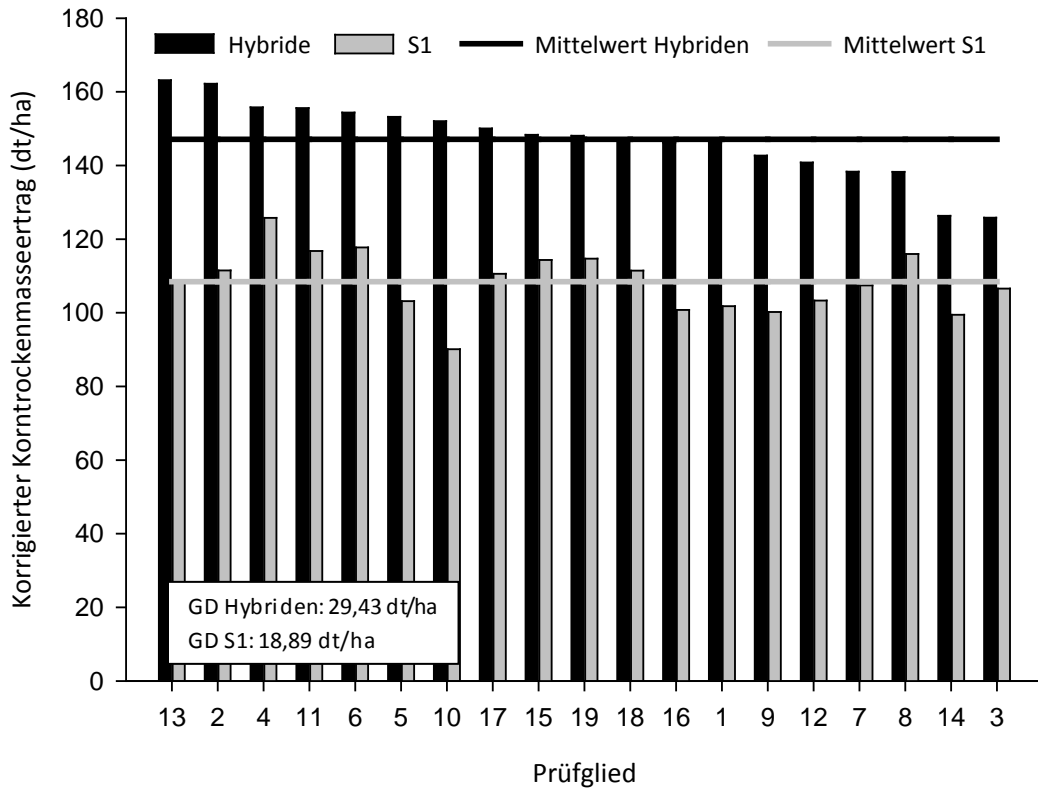
### 3.3.3 Leistungsvergleich von Hybriden und ihrer Nachkommenschaft aus Selbstung

Im Mittel über die beiden Standorte Göttingen und Wiebrectshausen war die Blüte bei den S1 etwas später und die WH sowie die KTS etwas niedriger (Tab. 52). Der KTMk lag bei den Hybriden bei 147,09 dt/ha und bei den S1 bei 108,44 dt/ha. Das entspricht einem Leistungsrückgang von 26,3 % nach Selbstung. In Abb. 6 sind die KTMk aller Hybriden und ihrer S1 über zwei Orte gemittelt dargestellt. Es zeigten sich signifikante Unterschiede zwischen den Hybriden und der S1 sowie zwischen den Orten mit P=10 % für die Merkmale WH, KTMk und KTS (Tab. 53). Für Blüte, WH und KTS konnten signifikante genotypische Unterschiede mit P=1% festgestellt werden, nicht jedoch für den KTMk. Für WH und KTS war eine signifikante Interaktion von Genotyp und Inzuchtstatusgruppe mit P=5 % bzw. P=1 %, sowie für Blüte und KTS eine signifikante Interaktion von Genotyp und Ort mit P=1 % festzustellen. Für den Blühzeitpunkt gab es zudem eine mit P=5% signifikante Interaktion von Inzuchtgruppe und Ort. Die Heritabilität lag bei 37% für die Blüte, 59 % für die WH, 22 % für den KTMk und 83 % für die KTS.

**Tab. 52 Mittelwerte der Hybriden und ihrer Nachkommenschaft aus Selbstung (S1) über die Standorte Göttingen und Wiebrectshausen im Jahr 2012**

Material	Parameter	Blüte (Tage)	WH (cm)	KTMk (dt/ha)	KTS (%)
<b>Hybriden</b>	Heritabilität	73.17	90.83	5.98	85.72
	Grenzdifferenz	5.39	13.02	29.43	1.28
	<b>Mittelwert</b>	<b>80.75</b>	<b>297</b>	<b>147.09</b>	<b>64.41</b>
<b>S1</b>	Heritabilität	71.88	78.79	42.01	94.76
	Grenzdifferenz	5.55	20.56	18.89	1.21
	<b>Mittelwert</b>	<b>81.46</b>	<b>260</b>	<b>108.44</b>	<b>63.42</b>

Grenzdifferenz bei 5% Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTMk = korrigierte Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz



**Abb. 6 Korntrockenmasseerträge der Hybriden und ihrer Nachkommenschaft aus Selbstung (S1) im Mittel über die Orte Göttingen und Wiebrechtshausen im Jahr 2012**

GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit

**Tab. 53 Varianzanalysen zum Vergleich der Hybriden und ihrer Nachkommenschaft aus Selbstung über die Orte Göttingen und Wiebrechtshausen im Jahr 2012**

Merkmal	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
<b>Blüte (Tage)</b>	Ort (O)	1	1870.1184	49.0751+	6.69
	Inzuchtstatusgruppe (I)	1	9.5921	0.1139	6.69
	IO	1	5.2632	0.2346*	0.61
	Genotyp* (G)	18	48.1338	8.8406**	5.31
	GO	18	12.7712	5.9832**	1.88
	GI	18	1.2727	0.2339	1.88
	GIO	18	0.8048	-0.7708	3.54
	Restfehler	70	1.5757	1.5757	
Heritabilität 37%					
<b>WH (cm)</b>	Ort (O)	1	16680.8012	434.7833+	36.76
	Inzuchtstatusgruppe (I)	1	25787.2633	674.4270+	36.76
	IO	1	159.0369	5.3659	5.15
	Genotyp* (G)	18	730.4409	163.3518**	13.04
	GO	18	77.0336	9.9746	15.87
	GI	18	139.5829	41.2493*	15.87
	GIO	18	57.0844	-27.7842	25.98
	Restfehler	70	84.8685	84.8685	
Heritabilität 59%					
<b>KTMk (dt/ha)</b>	Ort (O)	1	6620.1444	173.7665+	12.02
	Inzuchtstatusgruppe (I)	1	27921.3837	734.3254+	12.02
	IO	1	17.0174	-4.3706	6.85
	Genotyp* (G)	18	249.1148	18.8115	19.59
	GO	18	173.8690	36.9053	21.10
	GI	18	128.6285	14.2851	21.10
	GIO	17	100.0584	25.3382	24.39
	Restfehler	69	74.7202	74.7202	
Heritabilität 22%					
<b>KTS (%)</b>	Ort (O)	1	55.1918	1.4515+	0.54
	Inzuchtstatusgruppe (I)	1	18.7265	0.4919+	0.54
	IO	1	0.0348	-0.0040	0.23
	Genotyp* (G)	18	8.3432	1.9412**	1.13
	GO	18	0.5783	0.2335**	0.70
	GI	18	0.6378	0.2633**	0.70
	GIO	17	0.1112	-0.0691	1.20
	Restfehler	69	0.1803	0.1803	
Heritabilität 83%					

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe, KTM = Korntrockenmasse, KTS = Korntrockensubstanz, Genotyp\* = Kombination aus Hybride und deren S1, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

## 3.4 Diskussion

### 3.4.1 Blühintervall

Die 54 Hybriden, die im Jahr 2011 untersucht wurden, zeigten in Göttingen ein BI von 0,1 und in Feldbach, CH von 0,8 Tagen (Tab. 42). Im Mittel über beide Orte lag das BI bei 0,45 Tagen. Die weibliche Blüte fand etwas früher als die männliche statt (Protogynie). Das BI war ähnlich kurz wie das von Thiemt (2002) bei aktuellen mittelfrühen Hybriden festgestellte BI von -0,27 Tagen. Allerdings herrschte dort Protandrie vor. Das BI moderner Hybriden ist tatsächlich deutlich verkürzt gegenüber dem BI von z.B. alten Schweizer Landsorten, die im Mittel ein BI von -4,1 Tagen aufwiesen (Eschholz 2008). Somit ist Selbstung möglich.

Zwischen den Hybriden zeigten sich signifikante genetische Unterschiede für das BI und eine hohe Heritabilität mit 83 % (Tab. 42). Aus ihnen wurden Pop2 mit einem sehr kurzen BI von 0,1 Tagen und Pop3 mit dem vergleichsweise langen BI von 1,9 Tagen sowie Pop1 aus den zur Blüte wüchsigsten Hybriden (BI -0,1 Tage) selektiert (Tab. 43-45). Das BI war in den Jahren 2011, 2012 und 2014 an den Orten und im Jahr 2014 für die Varianten unterschiedlich, aber im Mittel über die Jahre blieb es relativ konstant mit -0,3; 0,1 und 2,0 Tagen für die Populationen 1, 2 und 3 (Tab. 46). Im Jahr 2014 war die Heritabilität 99 bzw. 100 % bei Verrechnung aller drei Populationen mit zwei Saatgutherkünften bzw. zwei Populationen mit allen drei Saatgutherkünften (Tab. 48 und 49). Auch Thiemt (2002) fand eine ähnlich hohe Heritabilität von 97 %.

Der Unterschied im BI zwischen Pop2 (0,1 Tage) und Pop3 (2,0 Tage) erscheint nicht sehr groß im Vergleich der von Eschholz (2008) gefundenen Differenzen (2,3 bis 7,5 Tage). Aber, da Protogynie vorlag, bedeutet ein Unterschied von 2 Tagen, dass die Narbenfäden 2 Tage lang von Pollen anderer Pflanzen bestäubt werden können, bevor die Pflanze selbst Pollen schüttet.

### 3.4.2 Selbstungsrate und Inzuchtdepression

Beim Vergleich homozygoter und heterozygoter Loci waren mehr homozygote Loci bei der Nachkommenschaft aus der op-Variante gegenüber der aus der ef-Variante festzustellen (Tab. 50). Es kam zu Selbstung. Allerdings wurde bei Betrachtung der einzelnen Saatgutherkünfte der Unterschied nur für die Herkunft Deppoldshausen signifikant.

Die Inzuchtkoeffizienten waren dementsprechend in der Nachkommenschaft aus der op-Variante höher als in der Nachkommenschaft aus der ef-Variante (Tab. 51). Der beobachtete Inzuchtkoeffizient der Nachkommenschaft aus der ef-Variante entsprach mit im Mittel 0,0664 ungefähr dem erwarteten Inzuchtkoeffizienten einer Population ausgehend von acht heterozygoten Genotypen von 0,0625. Der beobachtete Inzuchtkoeffizient der Nachkommenschaft aus der op-Variante unterschied sich vom erwarteten je nach Saatgutherkunft. Für die Herkunft Göttingen war er mit 0,0834 höher und für Deppoldshausen mit 0,0535 niedriger. Daher waren auch die aus den Inzuchtkoeffizienten errechneten Selbstungsraten unterschiedlich, je nachdem, ob der beobachtete oder der erwartete Inzuchtkoeffizient für die Rechnung verwendet wurde. Die Mittelwerte für die Selbstungsrate von 7,84 und 8,62 % nach dem beobachteten und erwarteten Inzuchtkoeffizienten unterschieden sich nicht sehr stark, aber für die

Herkunft Göttingen erhöhte sich die Selbstungsrate von 3,62 auf 7,8 %, während sie sich für Deppoldshausen von 17,74 auf 15,94 % verringerte.

Der Inzuchtkoeffizient in einer kleinen Population unter Ausschluss von Selbstung entspricht nur dann der Formel  $F_E = 1/(2N)$ , also hier 0,0625, wenn alle Eltern gleichzeitig blühen und gleich viel Pollen in die Population einbringen. Das ist nicht immer der Fall, insbesondere Witterungsbedingungen können die Blüte beeinflussen. Darüber hinaus kann es sein, dass nicht alle Genotypen gleich viel Pollen produzieren. Genotypen, die mehr Pollen produzieren, werden mit einigen Generationen offenen Abblühens einen größeren Anteil der Population ausmachen als andere, die weniger Pollen produzieren.

Die im Versuch beobachtete Selbstungsrate von 7,84 % war etwas höher als die von Purseglove (1972) für tropischen Mais beschriebene Rate von 5 % und stimmt mit der vom DMK (2017) beschriebenen Fremdbefruchtung von über 90 % überein. Weitere konkrete Vergleichsdaten liegen nicht vor.

Bei dem Leistungsvergleich der Nachkommenschaft der Populationen 1, 2 und 3 aus der op- und der ef-Variante zeigte sich für alle Populationen entgegen der Erwartung eine höhere WH bei der Nachkommenschaft aus der op-Variante (Tab. 47). Bei der Verrechnung aller drei Populationen mit nur zwei Herkünften war der Unterschied zwischen den Varianten schwach signifikant (Tab. 48). Die Heritabilität war mit 89 bzw. 96 % sehr hoch (Tab. 48 und 49). Der KTMk war bei Pop2 und 3 bei der Nachkommenschaft aus der ef-Variante höher, während bei Pop1 der KTMk bei der Nachkommenschaft aus der op-Variante höher war (Tab. 47). In den Varianzanalysen zeigten sich lediglich hoch signifikante Ortseffekte (Tab. 48 und 49). Es wäre zu erwarten gewesen, dass der KTMk und auch die WH bei der Nachkommenschaft aus der ef-Variante höher gewesen wären, da hier keine Inzuchtdepression auftreten konnte. Es gab allerdings Probleme bei der Saatgutqualität bei dem Saatgut, das aus den Isolationsparzellen in Deutschland stammte, die zu erheblichen Fehlstellen bei den Maispflanzen führte. Insbesondere das Saatgut der ef-Varianten hatte eine schlechtere Qualität, die zu vermehrten Fehlstellen führte. Ein direkter Zusammenhang mit dem Entfarnen ist allerdings nicht erklärlich. Trotz einer Ertragskorrektur bezüglich der Anzahl Pflanzen war die Heritabilität des Merkmals KTMk 0 % (Tab. 48 und 49). Dennoch war zu beobachten, dass der Ertragsrückgang bei der Nachkommenschaft aus der op-Variante bei Pop2 mit dem kurzen BI mit 3,6 % höher war als bei Pop3 mit dem langen BI mit 1,6 %.

Bei dem Vergleich des KTMk der Hybriden und ihrer S1 war ein signifikanter Unterschied zwischen den beiden Inzuchtstatusgruppen zu beobachten (Tab. 53). Im Mittel über alle Genotypen belief sich der Ertragsrückgang auf 26,3 %. Es zeigte sich nur bei den Merkmalen Blüte, WH und KTS nicht aber bei dem KTMk ein signifikanter Unterschied zwischen den Genotypen. Auch in diesem Versuch gab es viele Fehlstellen bei den Maispflanzen und der Ertrag musste korrigiert werden. Die Heritabilität des KTMk war mit 22 % bei den Genotypen innerhalb ihrer Inzuchtstatusgruppe sehr niedrig. Auch wenn die Unterschiede im KTMk zwischen den Genotypen nicht signifikant waren, sind in Abb. 6 unterschiedlich hohe Ertragsrückgänge der S1en gegenüber den Hybriden zu erkennen. Der maximale Ertragsrückgang betrug 40,7 % der Hybridleistung und der minimale 15,3 %.

Bei einem mittleren Anteil von 7,84 % Pflanzen einer Population, die aus Selbstung stammen, und einem Ertragsrückgang von 26,3 % nach Selbstung würde dies in der gesamten Population zu einem Ertragsrückgang von 2,06 % führen. Bei der geringsten festgestellten Selbstungsrate von 2,18 % käme es



zu einem Ertragsrückgang von 0,57 % in der gesamten Population und bei der höchsten festgestellten Selbstungsrate von 17,74 % zu einem Rückgang von 4,67 %.

Ertragsunterschiede zwischen 0,57 und 4,67 % sind in Feldversuchen nur schwer eindeutig zu erfassen. Um das Ausmaß der Inzuchtdepression zwischen der Nachkommenschaft aus der op-Variante gegenüber der Nachkommenschaft aus der ef-Variante in Populationen mit kurzem und längerem BI erfassen zu können, müssten die Feldversuche sehr umfangreich sein um den Versuchsfehler sehr gering zu halten. Zudem ist davon auszugehen, dass heterozygote Pflanzen zum Teil den Leistungsrückgang der Pflanzen aus Selbstung kompensieren können, wenn diese in ihrer Wüchsigkeit allgemein schwächer sind und somit weniger Ressourcen wie Wasser und Nährstoffe verbrauchen, die dann den Heterozygoten mehr zur Verfügung stehen.

### 3.5 Fazit

- Das Blühintervall von modernen Hybriden ist mit 0,45 Tagen deutlich verkürzt. Die männliche und weibliche Blüte findet größtenteils zeitgleich statt, daher kann spontane Selbstung auftreten.
- Die Selbstungsrate ist mit 7,84 % im Mittel dennoch gering.
- Auch bei einem deutlichen Ertragsrückgang der S1 gegenüber den Hybriden von 26,3 % ergibt sich für die ganze Population nur ein Ertragsrückgang von 1 – 5 %.

Um die Inzuchtdepression durch Selbstung dennoch zu verringern besteht eine Möglichkeit darin, Hybriden mit geringem Leistungsrückgang in der S1 bei hoher Eigenleistung der Hybride zur Erstellung einer Population auszuwählen, um so den Ertragsrückgang nach Selbstung zu minimieren. Die andere Möglichkeit besteht darin, Hybriden mit einem hohem BI als Ausgangsmaterial für eine Population zu nutzen. Es ist aber nicht klar, wie erfolgreich diese Strategie ist, da das BI von Ort zu Ort und Jahr zu Jahr etwas schwankt, und nicht untersucht ist, wieviel Selbstung sich bei welcher Höhe des BI verhindern lässt. Weiterhin könnten zur Produktion von Populationssaatgut die Saateltern entfahnt werden, um Selbstung und damit verbundenen Ertragsrückgang auszuschließen.

Zur Ermittlung der Selbstungsrate hat sich die Verwendung von genetischen Markern sehr bewährt. Um die Selbstungsrate in Feldversuchen durch den Ertragsrückgang in der Nachkommenschaft aus der op-Variante der Population gegenüber der ef-Variante genau ermitteln zu können, müssten äußerst umfangreiche Feldversuche durchgeführt werden, die kaum realistisch sind..

## Literaturverzeichnis

- Arncken C, Dierauer H (2005) Hybridsorten im Bio-Getreide? Perspektiven und Akzeptanz der Hybridzüchtung für den Bio-Anbau. Schlussbericht, Juni 2005, Coop Naturaplan-Fonds Biosaatgutprojekt Modul 1.4. Forschungsinstitut für biologischen Landbau, Frick.
- Bolaños J, Edmeades GO (1996) The importance of the anthesis-silking interval in breeding for drought tolerance in tropical maize. *Field Crops Research*: 48, S. 65-80.
- Brandolini A, Brandolini A (2001) Classification of Italian maize (*Zea mays* L.) germplasm. In: FAO und IPGRI (Hrsg.) *Plant Genetic Resources Newsletter*: 26. Rom, S. 1-11.
- Cerrudo D, Page ER, Tollenaar M, Stewart G, Swanton CJ (2012) Mechanisms of Yield Loss in Maize Caused by Weed Competition. *Weed Science*: 60, S. 225-232.
- Deutsches Maiskomitee e.V. (2017) Morphologie – Kolben.  
<http://www.maiskomitee.de/web/public/Fakten.aspx/Z%C3%BCchtung/Morphologie/Kolben>  
(20.05.2017).
- Eder B, Büttner B, Schweizer G, Eder J (2014) Maislandsorten in Bayern: Historie, Leistungsvermögen und Züchtungsforschung [Bavarian maize landraces: history, agronomic traits and breeding activities]. In: Vereinigung der Planenzüchter und Saatgutkauleute Österreichs (Hrsg.) *Zukünftiges Saatgut - Produktion, Vermarktung, Nutzung und Konservierung [Future Seed - production, marketing, use and conservation]* Tagungsband der 65. Jahrestagung der Vereinigung der Planenzüchter und Saatgutkauleute Österreichs 25.-26. November 2014, Raumberg-Gumpenstein, S. 67-70.
- Eschholz TW (2008) Genetic diversity and relationships of Swiss Flint maize (*Zea mays* L. ssp. *mays*) landraces. Diss ETH No. 17715, Zürich.
- Forschung & Züchtung Dottenfelderhof (2014) Züchtungsbeschreibung Futter-/Silomais SANKT MICHAELIS.  
<http://www.dottenfelderhof.de/forschung-zuechtung/getreide-zuechtungsforschung/futtermais.html>  
(21.05.2017).
- Pagano E, Cela S, Maddonni GA, Otegui ME (2007) Intra-specific competition in maize: Ear development, flowering dynamics and kernel set of early-established plant hierarchies. *Field Crops Research*: 102, S. 198-209.
- Purseglove J (1972) *Tropical Crops. Monocotyledons 1*. Longman Group Limited, London.
- Roeckl C, Willing O (2006) Eine Aufgabe für alle, Ökologische Saatgutzüchtung und ihre Voraussetzungen. In: AgrarBündnis e.V. (Hrsg.) *Der kritische Agrarbericht 2006*, Konstanz, S. 139-144.

Thiemt EM (2002) Untersuchungen zur Bedeutung der Stickstoffeffizienz für die Ertragssicherheit bei Mais. Diss. Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik der Universität Hohenheim, Stuttgart-Hohenheim. Diss. Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik der Universität Hohenheim, Stuttgart-Hohenheim.

Uribelarrea M, Cárcova J, Otegui ME, Westgate ME (2002) Pollen Production, Pollination Dynamics, and Kernel Set in Maize. *Crop Science*: 42, S. 1910-1918.

Utz HF (2011) PLABSTAT, Ein Computerprogramm zur statistischen Analyse von pflanzenzüchterischen Experimenten, Version 3Awin 14. Juni 2011. Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik der Universität Hohenheim.

## 4 Zusammenfassung

Entgegen seiner besonderen Eignung als Futterpflanze bei der tierischen Veredlung als auch als Marktf Frucht wird Mais im ökologischen Landbau bisher nur in sehr geringem Umfang angebaut. Ein Grund für die geringere Anbaubedeutung von Mais im Ökolandbau sind höhere Ansprüche an die Produktionstechnik und die Anbaustrategie als in der konventionellen Landwirtschaft. Es müssen vermehrt der Stand in der Fruchtfolge, die Sortenwahl und die mechanische Unkrautkontrolle beachtet werden, da es sonst zu erheblichen Ertragseinbußen kommen kann. Für den Ökolandbau gelten insbesondere eine gute Keimfähigkeit, eine schnelle Jugendentwicklung auch bei niedrigeren Temperaturen, um durch frühen Reihenschluss den Unkrautdruck zu mindern, und eine hohe Toleranz gegenüber Nährstoffdefizitsituationen als essentiell. Die größte Schwierigkeit beim Anbau von Mais unter ökologischen Bedingungen stellt aber die Konkurrenz durch Unkraut dar.

Ein weiterer Grund für die geringe Verbreitung von Mais im Ökolandbau liegt darin, dass Hybridsorten teilweise abgelehnt werden, da sie nicht nachaufähig sind. Als Alternative zu Hybriden könnten bei Mais Populationsorten verwendet werden. Als Eltern für die Populationsorten bietet sich die Verwendung von Hybriden an, da das Ertragspotential von alten Landsorten zu niedrig ist. Bei modernen Hybriden ist allerdings das Blühintervall verkürzt. Durch die geringere Differenz zwischen männlicher und weiblicher Blüte kann Selbstung möglicherweise nicht mehr verhindert werden, so dass es in einer offen abblühenden Population zu Selbstung und dadurch zu Inzuchtdepression und Ertragsrückgang kommen kann, da Mais kein Selbstinkompatibilitätssystem besitzt wie viele andere Fremdbefruchter.

Bei der Selektion auf Unkrauttoleranz stellt sich das Problem, dass die natürlichen Unkräuter sehr heterogen über die Ackerfläche verteilt sind. Dadurch wird kein homogener Selektionsdruck ausgeübt, unter dem unkrauttolerante Maishybriden selektiert werden könnten. Im vorliegenden Versuch sollte mit der Einsaat einer Untersaat bestehend aus Winterroggen (*Secale cereale*), Wegwarte (*Cichorium intybus*) und Buchweizen (*Fagopyrum esculentum*) in den Mais ein homogener Konkurrenzdruck erzeugt werden. Im Jahr 2011 wurden dazu 90 Dent und 90 Flint Linien in Kreuzung mit einem Tester in einer Variante ohne und einer mit unkrautsimulierender Untersaat an zwei Orten mit je zwei Wiederholungen geprüft. Je Variante wurden die Kreuzungen mit den höchsten Komerträgen selektiert. Der Kornertrag galt als Maß für Toleranz gegenüber Unkrautdruck. Im zweiten Versuchsjahr wurden diese Linien in Kreuzung mit einem anderen Tester in der Variante, in der sie selektiert worden waren an drei Orten mit vier Wiederholungen wieder geprüft und die je Variante ertragsstärksten Genotypen selektiert. Im dritten Versuchsjahr 2013 wurden Experimentalhybriden aus den Dent x Flint Linien, die vorher selektiert worden waren, jeweils ohne und mit Untersaat an einem Ort mit zwei Wiederholungen geprüft, um festzustellen, ob die Selektion mit Untersaat zu unkrauttoleranteren Genotypen geführt hat als die Selektion ohne Untersaat.

Generell waren in der Variante mit Untersaat die SPAD-Werte und die N Gehalte im Mais niedriger, die Untersaat stellte somit eine Konkurrenz für den Mais dar. Für die Wüchsigkeit der Untersaat waren überwiegend keine signifikanten genotypischen Unterschiede zu beobachten. Die Genotypen konnten die Untersaat nicht unterschiedlich stark unterdrücken. Es zeigten sich aber signifikante genotypische Unterschiede im Kornertrag unter Konkurrenz durch die Untersaat. Die Genotypen unterschieden sich in ihrer Unkrauttoleranz. Die Gruppe der Experimentalhybriden, die mit Untersaat selektiert worden waren, zeigte eine schnellere Jugendentwicklung, frühere Blüte und geringere SPAD-Werte sowie Wuchshöhe

als die andere Gruppe. Es konnte aber keine signifikante Korrelation zwischen Jugendentwicklung und Kornertrag und ebenfalls überwiegend keine zwischen Jugendentwicklung und Wüchsigkeit der Untersaat beobachtet werden. Eine schnellere Jugendentwicklung führte nicht zu einem höheren Kornertrag unter Konkurrenz durch die Untersaat und es konnte, entgegen der Vermutung, auch nicht die Untersaat besser unterdrückt werden. Die Blattstellung, die allerdings nur in einem Versuch unter konventionellen Bedingungen an den Experimentalhybriden bonitiert werden konnte, war bei den mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden planophiler als bei den ohne Untersaat selektierten. Es zeigten sich signifikante genotypische Unterschiede bei einer Heritabilität von 80%. Es wäre sinnvoll das Merkmal Blattstellung in Bezug auf Unkrauttoleranz direkt zu untersuchen.

Es konnte kein signifikanter Unterschied im Kornertrag zwischen den Selektionsgruppen festgestellt werden. Im Ausgangsmaterial 2011 zeigte sich nur bei den Flint Testkreuzungen am Standort Göttingen eine signifikante Interaktion von Genotyp x Variante und es wurden in beiden Varianten zu ca. 50% die gleichen Genotypen selektiert. Daher ist eine Selektion mit Untersaat als Unkrautsimulation nicht notwendig um leistungsfähige Genotypen für den ökologischen Landbau zu entwickeln. Trotz Einsaat einer Untersaat war der Konkurrenzdruck nicht über den ganzen Versuch einheitlich und die Bekämpfung der natürlichen Verunkrautung war in der Variante mit Untersaat sehr schwierig. Die Unkrautproblematik in Mais im ökologischen Landbau ist nicht mit der Sortenwahl zu lösen. Wichtige Maßnahmen sind vor allem die Gestaltung der Fruchtfolge sowie die mechanische oder thermische Unkrautkontrolle. Mögliche weitere Maßnahmen sind ein geringerer Reihenabstand oder geeignete Untersaaten in Mais zur Unkrautunterdrückung.

Um eine mögliche Inzuchtdepression und Ertragsrückgang aufgrund von auftretender Selbstung bei der Nutzung von Hybriden als Eltern für offen abblühende Populationen zu untersuchen, wurde an 54 modernen Maishybriden das Blühintervall, d.h. die Differenz zwischen männlicher und weiblicher Blüte bestimmt. Im Mittel lag es bei nur 0,45 Tagen und war damit gegenüber alten Landsorten deutlich verkürzt. Daher kann spontane Selbstung auftreten. Aus den 54 Hybriden wurden drei Populationen selektiert; eine mit einem kurzen und eine mit einem langen BI und eine besonders wüchsige Population. Die Populationen wurden jeweils aus acht Hybriden aufgebaut, die zunächst miteinander gekreuzt wurden um eine gute Durchmischung zu erreichen. Das Saatgut dieser Kreuzungen wurde, zu gleichen Anteilen jeder Kreuzung, in Isolationsparzellen an drei Standorten je Population ausgesät. In den Isolationsparzellen blühte ein Teil offen ab, während ein anderer Teil der Pflanzen entfahnt wurde um Selbstung auszuschließen.

Die Nachkommenschaft aus der offen abgeblühten Variante und die Nachkommenschaft aus der entfahnten Variante der drei Populationen wurde in einem Vergleichsanbau an zwei Orten mit drei Wiederholungen auf eine mögliche Ertragsreduktion aufgrund von Selbstung geprüft. Zudem wurde mittels einer Analyse mit SNP-Markern (Single Nucleotide Polymorphism) ein Vergleich der Anzahl homozygoter Loci bei der Nachkommenschaft aus der offen abgeblühten Variante gegenüber der Nachkommenschaft aus der entfahnten Variante der Population aus den wüchsigsten Hybriden durchgeführt. Die aus den Markerdaten ermittelten Inzuchtkoeffizienten waren bei der Nachkommenschaft aus der offen abgeblühten Variante höher. Die daraus berechnete Selbstungsrate lag im Mittel bei 7,84% und schwankte stark je nach Standort der Isolationsparzelle in der das Saatgut gewonnen wurde zwischen 2,18 und 17,74%. Im Ertragsvergleich unterschied sich der Kornertrag weder zwischen der Nachkommenschaft

aus den offen abgeblühten oder den entfahnten Varianten noch zwischen den Populationen mit kurzem (0,1 Tage) oder langem (2,0 Tage) Blühintervall signifikant. Allerdings waren die Versuche aufgrund von vielen Fehlstellen durch schlechte Saatgutqualität sehr ungenau.

Bei der Untersuchung von 20 Hybriden und ihrer Nachkommenschaft aus Selbstung (S1) zeigte sich ein deutlicher Ertragsrückgang bei der S1 gegenüber den Hybriden von 26,3 % im Mittel. Der Ertragsrückgang war bei den einzelnen S1 unterschiedlich hoch und variierte zwischen 15,3 und 40,7 %. Aber auch der erhebliche Ertragsrückgang nach Selbstung würde sich in einer Population kaum auswirken. Bei einer Selbstungsrate von 7,84 %, wäre der Ertragsrückgang in der ganzen Population nur 2,06 % und damit in Feldversuchen kaum nachweisbar.

Um die Inzuchtdepression durch Selbstung zu verringern besteht eine Möglichkeit darin, Hybriden mit geringem Leistungsrückgang in der S1 bei hoher Eigenleistung der Hybride zur Erstellung einer Population auszuwählen. Die andere Möglichkeit besteht darin, Hybriden mit einem großen Blühintervall als Ausgangsmaterial für eine Population zu nutzen. Es ist aber nicht klar, wie erfolgreich diese Strategie ist, da das Blühintervall von Ort zu Ort und Jahr zu Jahr etwas schwankt, und nicht untersucht ist, wieviel Selbstung sich bei welcher Höhe des Blühintervalls verhindern lässt. Weiterhin könnten zur Produktion von Populationssaatgut die Saateltern entfahnt werden, um Selbstung und damit verbundenen Ertragsrückgang auszuschließen.

## 5 Anhang

**Tab. 1A Beschreibung der Versuchsstandorte und Aussaat – sowie Erntedaten**

	Göttingen	Wiebrechtshausen	Niederalteich	Grucking	Einbeck
Niederschlag, langj. Mittel (mm)	651	745	696	844	644
Temperatur, langj. Mittel (°C)	9.2	8.4	8.9	8.5	8.8
Höhe über NN (m)	160	140	312	463	130
Bodenart	schluffiger Lehm	toniger Schluff	sandiger Lehm	Lehm	Lehm
Ackerzahl	87	77	53	75	80
Wirtschaftsweise	ökologisch/konventionell	ökologisch	ökologisch/konventionell	ökologisch	konventionell
Vorfrucht (2010)	Grünbrache/ k.A.	Klee gras	-	-	-
Aussaatdatum Mais 2011	11.05.2011/ -	02.05.2011	-	-	-
Aussaatdatum Untersaat 2011	01.06.2011/ -	31.05.2011	-	-	-
Erntedatum Mais 2011	27.10.2011/ -	28.10.2011	-	-	-
Vorfrucht (2011)	Grünbrache/ k.A.	Klee gras	k.A.	k.A.	-
Aussaatdatum Mais 2012	10.05.2012/ -	04.05.2012	29.04.2012/ -	01.05.2012	-
Aussaatdatum Untersaat 2012	12.06.2012/ -	11.06.2012	30.05.2012/ -	-	-
Erntedatum Mais 2012	01.11.2012/ -	29.10.2012	19.10.2012/ -	-	-
Vorfrucht (2012)	Sommerwicke/ k.A.	Karotten	k.A.	-	k.A.
Aussaatdatum Mais 2013	06.05.2013/08.05.2013	06.05.2013	25.04.2013/25.04.2013	-	05.05.2013
Aussaatdatum Untersaat 2013	13.06.2013/ -	19.06.2013	- / -	-	-
Erntedatum Mais 2013	05.11.2013	04.11.2013	- /24.10.2013	-	04.11.2013

k.A. es liegen keine Angaben vor

## 6 Danksagung

Ich möchte ganz herzlich Prof. Dr. Heiko C. Becker für die Betreuung meiner Arbeit danken. Vielen Dank für deine Unterstützung, deine Geduld bei Besprechungen zu dritt und deine bestärkenden Worte!

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

Vielen Dank an die KWS SAAT SE und an Dr. Walter Schmidt und Dr. Henriette Burger für die Unterstützung des Projektes und die Ideengebung, und für viele begeisternde Fachgespräche.

Vielen Dank an die Getreidezüchtung Peter Kunz: an Peter Kunz, Almuth Müllner, Anjana Pregitzer und Florian Burkard für die tatkräftige Unterstützung, Rat und Ideen und eine lustige Zeit.

Für die Hilfe in allen praktischen Belangen der Versuche möchte ich herzlich Thomas Seibold und weiterhin Regina Martsch und Barbara Hohlmann danken. Vielen Dank an meinen Projektkollegen Rüdiger Jung!

Bei Stephanie Esemann möchte ich mich für ihr großes Engagement während ihrer Masterarbeit bedanken. Vielen Dank an Florian Augustin und Svenja Bänsch für ihre Hilfe als Hiwis.

Ein ganz großer Dank gebührt dem Feldpersonal, ohne das die Versuche nicht durchführbar gewesen wären. Vielen Dank für die Hilfe beim Unkrauthacken!

Ganz besonders möchte ich Christopher Hoppe, meinem ersten Maiskollegen und Bürokompan, für seinen Einsatz in meinen Versuchen, seine stete Hilfsbereitschaft und immer gute Laune danken!

Insgesamt möchte ich mich bei allen Mitarbeitern des Instituts bedanken für eine tolle Arbeitsatmosphäre, dafür dass es jederzeit möglich ist zu allen mit Fragen zu kommen und für das Interesse an jedem Projekt und zugehörigem DoktorandIn. Insbesondere möchte ich mich bei Antje Schierholt für Unterstützung und Rat und Schokolade in der Endphase der Arbeit bedanken.

Meinen Arbeitskollegen und Freunden, den „älteren“ wie Lishia, Nina, Sebastian, Ariana, Haiko, Edy, Rosi, Gregor, Winda, Michael, Siyang und den „neueren“ wie Luisa, Daniel, Mathias, Jan, Eva und Lisa möchte ich für eine tolle Zeit danken!

Janina, Marlena und Talea, vielen Dank für eure Bestärkung und Motivation!

Meinen Lieben, Burkhard, Lorenz und Willem, vielen Dank für euer Verständnis und eure Geduld, gerade in den letzten Wochen!



## 7 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, 20. Mai 2017

A handwritten signature in blue ink, appearing to read 'Dr. Steu'.

2. Hiermit erkläre ich eidesstattlich, dass diese Dissertation selbständig und ohne unerlaubte Hilfe angefertigt wurde.

Göttingen, 20. Mai 2017

A handwritten signature in blue ink, appearing to read 'Dr. Steu'.