



**Selektion von Stangenbohnsensorten (*Phaseolus vulgaris* L.)
für den Mischanbau mit Mais**

Göttingen, Mai 2018

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

vorgelegt von
Mathias Starke
geboren in Meißen

D7

1. Referent: Prof. Dr. Heiko C. Becker
2. Korreferent: Prof. Dr. Gunter Backes

Tag der mündlichen Prüfung: 19.07.2018

Inhaltsverzeichnis

Inhaltsverzeichnis	I
Abkürzungsverzeichnis	III
Tabellenverzeichnis	IV
Abbildungsverzeichnis	VII
1 Einleitung	1
1.1 Maisanbau in Deutschland	1
1.2 Mais im Misanbau mit der Stangenbohne	3
1.2.1 Geschichte des Mais/Bohnen-Misanbaus	3
1.2.2 Vorteile eines Misanbausystems	5
1.3 Aktueller Forschungsstand	6
1.4 Zielsetzung dieser Arbeit	7
2 Feldversuche zur Selektion von Stangenbohnsorten	10
2.1 Einleitung	10
2.2 Material und Methoden	10
2.2.1 Versuchsaufbau	10
2.2.2 Pflanzenmaterial	12
2.2.3 Standorte	14
2.2.4 Aussaat und pflanzenbauliche Maßnahmen	15
2.2.5 Erfasste Merkmale	16
2.2.6 Statistische Auswertung	20
2.3 Ergebnisse	25
2.3.1 Erstes Feldversuchsjahr 2015	25
2.3.2 Zweites Feldversuchsjahr 2016	47
2.3.3 Drittes Feldversuchsjahr 2017	58
2.3.4 Vergleich der Feldversuchsjahre	73
2.4 Diskussion	77
2.4.1 Trockenmasseerträge	77
2.4.2 Produktivität des Misanbaus: Rohproteingehalte und -erträge	79

2.4.3	Weitere erfasste Merkmale	82
2.4.4	Verbesserung pflanzenbaulicher Maßnahmen	84
2.4.5	Empfehlungen zur Wahl geeigneter Sorten	86
3	Genomweite Assoziationsstudie mit <i>Phaseolus vulgaris</i> L.....	89
3.1	Einleitung	89
3.2	Material und Methoden	91
3.2.1	Pflanzenmaterial	91
3.2.2	Genotypisierung der Bohnen	92
3.2.3	Phänotypisierung der Bohnen	92
3.2.4	Statistische Auswertung und GWAS	97
3.3	Ergebnisse	101
3.3.1	Populationsstruktur	101
3.3.2	Agronomische Merkmale der Stangenbohnenakzessionen	104
3.3.3	Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen	109
3.3.4	Toleranz gegenüber leichten Frostnächten im Primärblattstadium	112
3.3.5	Phasingehalt	116
3.4	Diskussion	120
3.4.1	Agronomische Merkmale	122
3.4.2	Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen	123
3.4.3	Toleranz gegenüber leichten Frostnächten im Primärblattstadium	125
3.4.4	Phasingehalt	127
4	Schlussfolgerungen	130
5	Zusammenfassung	132
6	Literaturverzeichnis	135
7	Anhang	149
8	Danksagung	167
9	Erklärungen	168
10	Lebenslauf	169

Abkürzungsverzeichnis

ABT	Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse in %
BIBeg	Beginn der Blüte der Stangenbohnen in Tage nach Aussaat
BIEnd	Ende der Blüte der Stangenbohnen in Tage nach Aussaat
EKF	Entwicklung der Keimfähigkeit über alle Boniturtermine
frBM	frühe visuelle Bonitur der Biomasse der Stangenbohnen
frSPAD	früher Zeitpunkt der SPAD-Messung (ca. 1 Monat vor Erntetermin)
KF6	Keimfähigkeit nach 6 Tagen unter suboptimalen Temperaturen
KF10	Keimfähigkeit nach 10 Tagen unter suboptimalen Temperaturen
KF13	Keimfähigkeit nach 13 Tagen unter suboptimalen Temperaturen
KF17	Keimfähigkeit nach 17 Tagen unter suboptimalen Temperaturen
RankBeg	Beginn des Rankens der Stangenbohnen in Tage nach Aussaat
spBM	späte visuelle Bonitur der Biomasse der Stangenbohnen zum Erntetermin
spSPAD	später Zeitpunkt der SPAD-Messung (direkt vor dem Erntetermin)
TME-B	Bohnen-Trockenmasseertrag in dt/ha
TME-G	Gesamt-Trockenmasseertrag in dt/ha
TME-M	Mais-Trockenmasseertrag in dt/ha
TnA	Tage nach Aussaat
TSG-B	Bohnen-Trockensubstanzgehalt in %
TSG-G	Gesamt-Trockensubstanzgehalt in %
TSG-M	Mais-Trockensubstanzgehalt in %

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Übersicht über den Versuchsaufbau in den einzelnen Versuchsjahren.	11
Tabelle 2: Die in den Feldversuchen verwendeten Maissorten bzw. -experimentalhybriden. Die fett gedruckte Sorte wurde in allen drei Versuchsjahren genutzt.	12
Tabelle 3: Die in den Feldversuchen verwendeten Stangenbohnenakzessionen. Die fett gedruckten Sorten wurden in allen drei Versuchsjahren genutzt.	13
Tabelle 4: Die in die Versuchsauswertung aufgenommenen Standorte.	14
Tabelle 5: Übersicht über die Saatzeitpunkte von Mais und Stangenbohnen sowie Erntetermine des Mais in den einzelnen Versuchsjahren.	15
Tabelle 6: Übersicht über Minima, Mittelwerte und Maxima aller erfassten Merkmale über beide Standorte und beide Datensätze des ersten Versuchsjahres 2015.	26
Tabelle 7: Ergebnisse der ANOVA für die Ertragsmerkmale über beide Standorte des Versuchsjahres 2015.	27
Tabelle 8: Ergebnisse der ANOVA für die Ertragsmerkmale der Kombinationen von 8 Maissorten mit 4 Stangenbohnsorten des Versuchsjahres 2015.	29
Tabelle 9: Ergebnisse der ANOVA für die Ertragsmerkmale der Kombinationen von 4 Maissorten mit 12 Stangenbohnsorten des Versuchsjahres 2015.	30
Tabelle 10: Mittelwerte der Trockenmasseerträge und Trockensubstanzgehalte der einzelnen Maissorten über 4 verschiedene Stangenbohnsorten des Versuchsjahres 2015.	32
Tabelle 11: Mittelwerte aller erfassten Merkmale der einzelnen Stangenbohnsorten über 4 verschiedene Maissorten des Versuchsjahres 2015 am Standort Einbeck.	37
Tabelle 12: Mittelwerte aller erfassten Merkmale der einzelnen Stangenbohnsorten über 4 verschiedene Maissorten des Versuchsjahres 2015 am Standort Göttingen.	38
Tabelle 13: Effekte der allgemeinen und spezifischen Kombinationsfähigkeit der einzelnen Mais/Bohnen-Kombinationen aus dem Feldversuchsjahr 2015 über beide Standorte.	39
Tabelle 14: Korrelationskoeffizienten der Mischanbauten aus 8 Maissorten mit 4 Stangenbohnsorten.	40
Tabelle 15: Korrelationskoeffizienten der Mischanbauten aus 4 Maissorten mit 12 Stangenbohnsorten.	41
Tabelle 16: Übersicht über Minima, Mittelwerte und Maxima aller erfassten Merkmale des zweiten Versuchsjahres 2016. Die Mittelwerte sind separat für beide Saattermine der Stangenbohnen aufgeführt.	48
Tabelle 17: Ergebnisse der ANOVA für die Ertragsmerkmale des Versuchsjahres 2016.	49
Tabelle 18: Effekte der allgemeinen und spezifischen Kombinationsfähigkeit der einzelnen Mais/Bohnen-Kombinationen über beide Saattermine aus dem Feldversuchsjahr 2016.	52

Tabelle 19: Korrelationskoeffizienten der Mischanbauten aus dem zweiten Versuchsjahr 2016. Die Ergebnisse sind getrennt nach dem Saattermin der Stangenbohnen aufgeführt.....	54
Tabelle 20: Übersicht über Minima, Mittelwerte und Maxima aller erfassten Merkmale des dritten Versuchsjahres 2017 über alle Umwelten.....	58
Tabelle 21: Ergebnisse der ANOVA für die Ertragsmerkmale über alle Umwelten des Versuchsjahres 2017.....	59
Tabelle 22: Ergebnisse der ANOVA für die Ertragsmerkmale über die Standorte Einbeck und Göttingen des Versuchsjahres 2017.....	61
Tabelle 23: Mittelwerte aller getesteten Sorten über alle fünf Umwelten des Versuchsjahres 2017... ..	62
Tabelle 24: Effekte der allgemeinen und spezifischen Kombinationsfähigkeit der einzelnen Mais/Bohnen-Kombinationen über alle Umwelten aus dem Feldversuchsjahr 2017.....	63
Tabelle 25: Korrelationskoeffizienten der Mischanbauten aus dem dritten Versuchsjahr 2017.....	64
Tabelle 26: Ergebnisse der ANOVA für den Rohproteingehalt der gesamten Bohnenpflanze über alle Stangenbohnsorten und alle Umwelten des Versuchsjahres 2017.....	69
Tabelle 27: Rohproteingehalte der Mischanbauten bzw. des Mais-Reinanbaus in % über alle drei getesteten Maissorten aus dem dritten Feldversuchsjahr 2017.....	71
Tabelle 28: Rohproteinerträge der Mischanbauten bzw. des Mais-Reinanbaus in dt/ha über alle drei getesteten Maissorten aus dem dritten Feldversuchsjahr 2017.....	72
Tabelle 29: Korrelationskoeffizienten ausgewählter Merkmale aus allen drei Versuchsjahren.....	75
Tabelle 30: Minima, Mittel, Maxima und Heritabilitäten für die im Feld erhobenen Merkmale.....	105
Tabelle 31: Beschreibung der nach FDR-Adjustierung signifikant mit den im Feld erfassten Merkmalen sowie mit dem Wuchstyp assoziierten SNP-Marker.....	108
Tabelle 32: Beschreibung der fünf SNP-Marker mit den niedrigsten p-Werten für die Bewertung der Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen.....	112
Tabelle 33: Heritabilitäten der Boniturmerkmale bei Berücksichtigung einer unterschiedlichen Anzahl an Wiederholungen. Der höchste Wert eines jeden Boniturzeitpunktes ist fett gedruckt.....	113
Tabelle 34: Beschreibung der fünf SNP-Marker mit den niedrigsten p-Werten für die Bestimmung der Frosttoleranz im Primärblattstadium mit der Electrolyte Leakage-Methode.....	116
Tabelle 35: Beschreibung der nach FDR-Adjustierung signifikant mit dem Phasingehalt assoziierten SNP-Marker.....	118
Tabelle 36: Ergebnisse der ANOVA aller weiteren erfassten Merkmale des ersten Datensatzes über beide Standorte des Versuchsjahrs 2015.....	149
Tabelle 37: Ergebnisse der ANOVA aller weiteren erfassten Merkmale des zweiten Datensatzes über beide Standorte des Versuchsjahrs 2015.....	150
Tabelle 38: Ergebnisse der ANOVA aller weiteren erfassten Merkmale des Versuchsjahres 2016..	151
Tabelle 39: Ergebnisse der ANOVA aller weiteren erfassten Merkmale über alle Umwelten des Versuchsjahres 2017.....	152

Tabelle 40: Beschreibung der genotypisierten Bohnenakzessionen sowie deren Merkmalsausprägungen.....	155
Tabelle 41: Ergebnisse der Varianzanalyse für die im Feld erhobenen Merkmale der Stangenbohnenakzessionen.	165
Tabelle 42: Beschreibung der fünf SNP-Marker mit den niedrigsten p-Werten für die Bestimmung der Frosttoleranz im Primärblattstadium in der Klimakammer.	166

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Entwicklung der Maisanbaufläche in Deutschland von 2006 bis 2016 sowie deren Nutzungsart (FNR 2017).....	1
Abbildung 2: Prozentualer Anteil des Maisanbaus an der Ackerfläche für Deutschland auf Kreisebene 2010 (DMK 2010).....	2
Abbildung 3: Mais-Versuchspartellen mit moderatem Beikrautbesatz (linke Parzelle) und einer großen Menge an Stangenbohnen (rechte Parzelle) in Witzenhausen, 2015.....	4
Abbildung 4: Mais/Bohnen-Parzelle kurz nach Auflaufen der Mais- und Bohnenpflanzen (Göttingen, 2016).....	11
Abbildung 5: Boxplots des Mais-, Bohnen- und Gesamt-Trockenmasseertrages der Mais/Bohnen-Kombinationen dargestellt anhand der Unterschiede der Maissorten. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).....	34
Abbildung 6: Boxplots des Mais-, Bohnen- und Gesamt-Trockenmasseertrages der Mais/Bohnen-Kombinationen dargestellt anhand der Unterschiede der Stangenbohnenarten. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).....	35
Abbildung 7: Darstellung des Bohnen-Trockenmasseertrages in Abhängigkeit des Mais-Trockenmasseertrages. Die unterschiedlichen Maissorten werden dabei mit unterschiedlichen Farben gekennzeichnet (rot = Fabregas, blau = KXB5171, grau = KXB5172, gelb = KXB5173, braun = Walterinio KWS, schwarz = Fernandez, violett = KWS Figaro, grün = Frederico KWS).	42
Abbildung 8: Darstellung des Bohnen-Trockenmasseertrages in Abhängigkeit des Mais-Trockenmasseertrages. Die verschiedenen Stangenbohnenarten werden dabei mit unterschiedlichen Farben gekennzeichnet (schwarz = SAT510, rot = SAT511, violett = SAT513, hellgrün = SAT514, blau = SAT515, grau = SAT516, braun = SAT517, orange = SAT518, gelb = SAT519, magenta = SAT520, braun = SAT522, dunkelgrün = WAV512).	43
Abbildung 9: Vergleich des Gesamt-Trockenmasseertrages der verschiedenen Anbausysteme. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).....	44
Abbildung 10: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile von 4 Maissorten angebaut in Kombination mit 12 Stangenbohnenarten sowie im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m ² (BDN) und 10 Pflanzen/m ² (BDH) am Standort Einbeck, 2015.	45
Abbildung 11: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile von 4 Maissorten angebaut in Kombination mit 12 Stangenbohnenarten sowie im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m ² (BDN) und 10 Pflanzen/m ² (BDH) am Standort Göttingen, 2015.	45

Abbildung 12: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile von 8 Maissorten angebaut in Kombination mit 4 Stangenbohnsorten sowie im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m ² (BDN) und 10 Pflanzen/m ² (BDH) am Standort Einbeck, 2015.	46
Abbildung 13: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile von 8 Maissorten angebaut in Kombination mit 4 Stangenbohnsorten sowie im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m ² (BDN) und 10 Pflanzen/m ² (BDH) am Standort Göttingen, 2015.	46
Abbildung 14: Boxplots des Mais-, Bohnen- und Gesamt-Trockenmasseertrages der Mais/Bohnen-Kombinationen dargestellt anhand der Unterschiede der Maissorten und dem Saatzeitpunkt der Stangenbohnen aus dem zweiten Versuchsjahr 2016. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).....	50
Abbildung 15: Boxplots des Mais-, Bohnen- und Gesamt-Trockenmasseertrages der Mais/Bohnen-Kombinationen dargestellt anhand der Unterschiede der Stangenbohnsorten und dem Saatzeitpunkt der Stangenbohnen aus dem zweiten Versuchsjahr 2016. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).....	51
Abbildung 16: Boxplots des Gesamt-Trockenmasseertrages der einzelnen Anbausysteme aus dem zweiten Versuchsjahr 2016. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).....	55
Abbildung 17: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile der Mais/Bohnen-Kombinationen mit dem frühen Saattermin der Stangenbohnen sowie des Maises im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m ² (BDN) und 10 Pflanzen/m ² (BDH).	56
Abbildung 18: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile der Mais/Bohnen-Kombinationen mit dem späten Saattermin der Stangenbohnen sowie des Maises im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m ² (BDN) und 10 Pflanzen/m ² (BDH).	56
Abbildung 19: Boxplots der Bohnen- sowie Gesamt-Trockenmasseerträge der einzelnen Umwelten im dritten Feldversuchsjahr 2017. EIN-0 = Standort Einbeck ohne Stickstoffdüngung, EIN-N = Standort Einbeck mit Stickstoffdüngung, GOE-0 = Standort Göttingen ohne Stickstoffdüngung, GOE-N = Standort Göttingen mit Stickstoffdüngung, WIE = Wiebrechtshausen. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).....	60
Abbildung 20: Boxplots des Gesamt-Trockenmasseertrages der einzelnen Anbausysteme aus dem dritten Versuchsjahr 2017. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).....	65
Abbildung 21: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile der Mais/Bohnen-Kombinationen sowie des Maises im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m ² (BDN) und 10 Pflanzen/m ² (BDH) am Standort Einbeck ohne Stickstoffdüngung.	66

- Abbildung 22:** Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile der Mais/Bohnen-Kombinationen sowie des Maises im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² (BDN) und 10 Pflanzen/m² (BDH) am Standort Einbeck mit Stickstoffdüngung..... **67**
- Abbildung 23:** Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile der Mais/Bohnen-Kombinationen sowie des Maises im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² (BDN) und 10 Pflanzen/m² (BDH) am Standort Göttingen ohne Stickstoffdüngung. **67**
- Abbildung 24:** Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile der Mais/Bohnen-Kombinationen sowie des Maises im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² (BDN) und 10 Pflanzen/m² (BDH) am Standort Göttingen mit Stickstoffdüngung..... **68**
- Abbildung 25:** Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile der Mais/Bohnen-Kombinationen sowie des Maises im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² (BDN) und 10 Pflanzen/m² (BDH) am Standort Wiebrechtshausen. **68**
- Abbildung 26:** Boxplots der Rohproteingehalte aller getesteten Stangenbohnsorten aus dem Feldversuchsjahr 2017 über alle 5 Umwelten. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit). **70**
- Abbildung 27:** Boxplots der Rohproteingehalte in allen 5 Umwelten aus dem Feldversuchsjahr 2017 über alle getesteten Stangenbohnsorten. EIN-0 = Standort Einbeck ohne Stickstoffdüngung, EIN-N = Standort Einbeck mit Stickstoffdüngung, GOE-0 = Standort Göttingen ohne Stickstoffdüngung, GOE-N = Standort Göttingen mit Stickstoffdüngung, WIE = Wiebrechtshausen. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit)..... **70**
- Abbildung 28:** Relative Rohproteinerträge der Mischanbauten im Vergleich zum Mais-Reinanbau mit hoher Bestandesdichte (BDH) aus dem Feldversuchsjahr 2017, EIN-0 = Standort Einbeck ohne Stickstoffdüngung, EIN-N = Standort Einbeck mit Stickstoffdüngung, GOE-0 = Standort Göttingen ohne Stickstoffdüngung, GOE-N = Standort Göttingen mit Stickstoffdüngung, WIE = Wiebrechtshausen..... **73**
- Abbildung 29:** Mittelwerte der Stangenbohnsorten in den einzelnen Versuchsjahren, berechnet über alle Maissorten und alle ausgewerteten Standorte bzw. Umwelten. Für 2016 gingen nur Daten des frühen Saattermins der Bohnen ein. Die gezeigten Fehlerindikatoren geben den Standardfehler des Mittelwertes an. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit). **74**
- Abbildung 30:** Niederschlagsmengen am Standort Göttingen, 2015 (WetterOnline 2018). Aufgerufen am 26.02.18 **85**
- Abbildung 31:** Belegung eines Topfes mit 4 verschiedenen Bohnenakzessionen zur Aussaat (a) und zum Zeitpunkt, an dem die Töpfe in die Klimakammer gestellt wurden (b). **94**
- Abbildung 32:** Beispiele für die durchschnittliche Benotung der Bohnenpflanzen über alle drei erfassten Merkmale nach einer Frostnacht auf der Skala von 1 bis 4. **95**

Abbildung 33: Klimakammerprogramm für die Frostversuche. In Schwarz ist der Temperaturverlauf, in Gelb die Lichtintensität dargestellt.....	95
Abbildung 34: DeltaK-Diagramm des gesamten Bohnensets (N = 276) und des Stangenbohnsensets (N = 177) für die Anzahl der Subpopulationen von K = 1–10 basierend auf den Ergebnissen der STRUCTURE-Analyse.	101
Abbildung 35: Hauptkomponentenanalyse der Stangenbohnenakzessionen dargestellt anhand der Einteilung in die durch STRUCTURE ermittelten Subpopulationen.....	102
Abbildung 36: Hauptkomponentenanalyse aller genotypisierten Bohnenakzessionen dargestellt anhand des Wuchstyps.	102
Abbildung 37: Hauptkomponentenanalyse aller genotypisierten Bohnenakzessionen dargestellt anhand des Biostatus der Akzessionen laut IPK Datenbank.	103
Abbildung 38: Hauptkomponentenanalyse aller genotypisierten Bohnenakzessionen dargestellt anhand der Herkunft nach Regionen.	104
Abbildung 39: Häufigkeitsverteilungen der visuellen Bonitur der Biomasse sowie des Rank- und Blühbeginns der Stangenbohnenakzessionen.....	105
Abbildung 40: Manhattan Plot für den Beginn der Blüte der Stangenbohnen. Die grüne Linie zeigt die Signifikanzschwelle nach einfacher Bonferroni-Korrektur mit $p = 0,05$. Die Analyse beruht auf den Daten von 173 Stangenbohnenakzessionen.....	106
Abbildung 41: Manhattan Plot für die späte Bonitur der Biomasse der Stangenbohnen. Die Analyse beruht auf den Daten von 173 Stangenbohnenakzessionen.....	106
Abbildung 42: Manhattan Plot für die Bonitur der Fädigkeit der Stangenbohnen. Die grüne Linie zeigt die Signifikanzschwelle nach einfacher Bonferroni-Korrektur mit $p = 0,05$. Die Analyse beruht auf den Daten von 173 Stangenbohnenakzessionen.....	107
Abbildung 43: Manhattan Plot für den Wuchstyp der Bohnen. Die grüne Linie zeigt die Signifikanzschwelle nach einfacher Bonferroni-Korrektur mit $p = 0,05$. Die Analyse beruht auf den Daten von 177 Stangenbohnenakzessionen sowie 34 Buschbohnenakzessionen.	107
Abbildung 44: Übersicht der Keimfähigkeit der Stangenbohnen in %. Die Akzessionen werden jeweils durch eine blaue und rote Säule dargestellt und wurden aufsteigend nach ihrer Keimfähigkeit nach 17 Tagen unter suboptimalen Temperaturen angeordnet.....	109
Abbildung 45: Häufigkeitsverteilungen der erfassten Merkmale zur Bestimmung der Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen.	110
Abbildung 46: Manhattan Plot für die Keimfähigkeit nach 17 Tagen unter suboptimalen Temperaturen. Die Analyse beruht auf den Daten von 177 Stangenbohnenakzessionen.	111
Abbildung 47: Manhattan Plot für die Entwicklung der Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen. Die Analyse beruht auf den Daten von 177 Stangenbohnenakzessionen.	111
Abbildung 48: Häufigkeitsverteilungen der visuellen Bonitur des Turgordrucks in der Klimakammer nach der ersten, zweiten und dritten Frostnacht.	113

Abbildung 49: Häufigkeitsverteilungen der Messwerte des Electrolyte Leakage-Tests nach der ersten, zweiten und dritten Frostnacht.	114
Abbildung 50: Manhattan Plot für die Electrolyte Leakage-Messung nach der ersten Frostnacht. Die grüne Linie zeigt die Signifikanzschwelle nach einfacher Bonferroni-Korrektur mit $p = 0,05$. Die Analyse beruht auf den Daten von 162 Bohnenakzessionen.....	115
Abbildung 51: Häufigkeitsverteilungen der Phasingehalte aller 152 Akzessionen (a) sowie der Auswahl der Akzessionen mit einem Phasingehalt von ≤ 10 mg/g (b).....	117
Abbildung 52: Manhattan Plot für den Phasingehalt. Die grüne Linie zeigt die Signifikanzschwelle nach einfacher Bonferroni-Korrektur mit $p = 0,05$. Die Analyse beruht auf den Daten von 152 Bohnenakzessionen.	118
Abbildung 53: Manhattan Plot für den Phasingehalt. Die grüne Linie zeigt die Signifikanzschwelle nach einfacher Bonferroni-Korrektur mit $p = 0,05$. Die Analyse beruht auf den Daten von 131 Bohnenakzessionen, welche einen maximalen Phasingehalt von 10 mg/g besitzen.	119
Abbildung 54: Positionen der Kandidatengene zum Phasingehalt um den SNP-Marker auf Position 43773503 (roter Pfeil). Grün unterstrichen sind die Namen von Genen, welche für UDP-Glycosyltransferase 88A1 codieren, blau unterstrichen sind die Namen der Gene, welche für Proteine aus der Familie der Trypsin- und Protease-Inhibitoren codieren.	128
Abbildung 55: QQ-Plots der Assoziationsstudien für alle agronomischen Merkmale sowie der Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen: (a) Wuchstyp, (b) Fädigkeit, (c) Rankbeginn, (d), Blühbeginn, (e) frühe Biomassebonitur, (f) mittlere Biomassebonitur, (g) späte Biomassebonitur, (h) Keimfähigkeit nach 17 Tagen unter suboptimalen Temperaturen, (i) Entwicklung der Keimfähigkeit.	153
Abbildung 56: QQ-Plots der Assoziationsstudien für die Frosttoleranz im Primärblattstadium und des Phasingehalts: (a) Turgordruck nach einer Frostnacht, (b) Turgordruck nach zwei Frostnächten, (c) Turgordruck nach drei Frostnächten, (d), Electrolyte Leakage nach einer Frostnacht, (e) Electrolyte Leakage nach zwei Frostnächten, (f) Electrolyte Leakage nach drei Frostnächten, (g) Phasingehalt bei Berücksichtigung aller 152 Akzessionen, (h) Phasingehalt bei Berücksichtigung der Akzessionen mit einem Phasingehalt zwischen 0 und 10 mg/g.....	154

1 Einleitung

1.1 Maisanbau in Deutschland

Ab Mitte des 20. Jahrhunderts bis Anfang des 21. Jahrhunderts gab es eine intensive Ausdehnung der Maisanbaufläche in Deutschland. Ausgelöst durch die Entwicklung von frühreifen, den deutschen Standortverhältnissen angepassten Sorten und der kommerziellen Nutzung der Hybridzüchtung weitete sie sich von gerade einmal 50.000 ha im Jahre 1950 kontinuierlich auf über 2,53 Mio. ha im Jahre 2017 (Destatis 2018) aus. Damit ist heute der Mais (*Zea mays* L.) nach Weizen die am zweithäufigsten angebaute Feldfrucht in Deutschland. Sie wird dabei vornehmlich auf zwei Arten genutzt: Nahezu 65% der Anbaufläche wird in Form von Silage oder Körnermais als energiereiches Futter in der Milchvieh-, Schweine- und Geflügelhaltung verwendet. Dafür wurde in den letzten Jahren eine relativ konstante Fläche angebaut (siehe Abbildung 1). Etwa 35 % werden siliert als Substrat für Biogasanlagen genutzt. Hier hat sich die Anbaufläche in den letzten Jahren deutlich gesteigert – von knapp 200.000 ha im Jahre 2006 auf etwa 900.000 ha im Jahre 2016. Grund dafür war das „Erneuerbare-Energien-Gesetz“ aus dem Jahre 2000 (EEG 2000) sowie weitere Novellen in den Jahren 2004 und 2009, wodurch ein Einsatz von Feldfrüchten in der Biogasproduktion lukrativer wurde als in der herkömmlichen Vermarktung. Von Anfang an nahm dabei der Mais, als besonders massenwüchsige Pflanze, eine überragende Rolle als Rohstoff ein. Heutzutage werden immer noch 51 % des massenbezogenen Substrateinsatzes von nachwachsenden Rohstoffen gedeckt, von denen wiederum 73 % auf den Mais entfallen (FNR 2017).

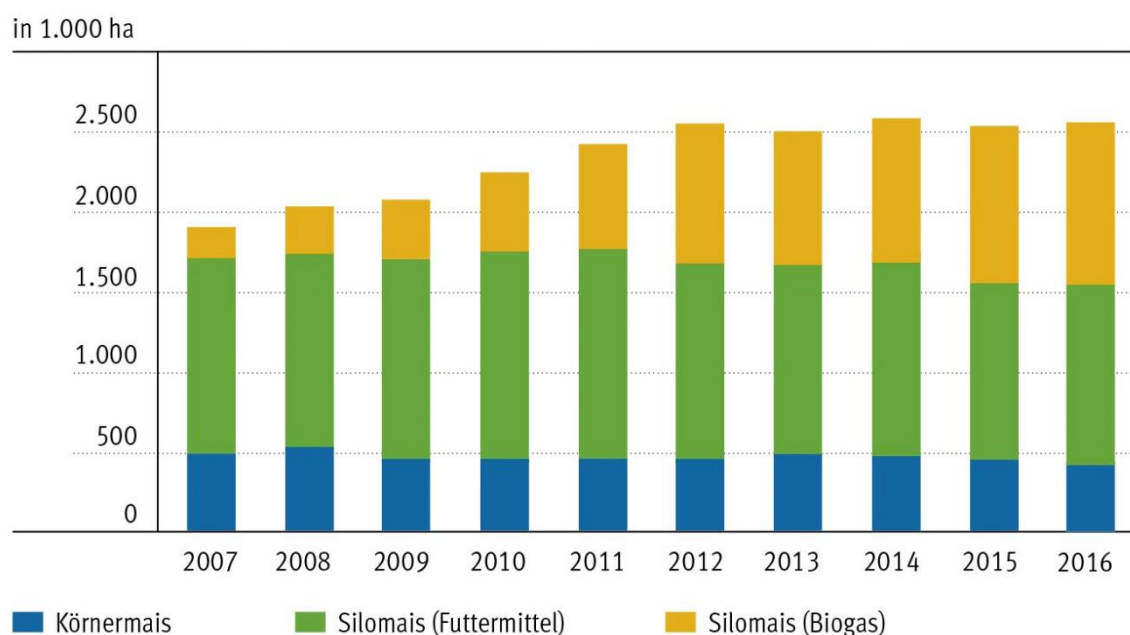


Abbildung 1: Entwicklung der Maisanbaufläche in Deutschland von 2006 bis 2016 sowie deren Nutzungsart (FNR 2017).

In Deutschland wird Mais durchschnittlich nur auf etwa 15 % der insgesamt 16,7 Mio. ha genutzten Ackerfläche angebaut. Regional gibt es jedoch erhebliche Unterschiede. In Gebieten mit einem hohen Tierbesatz sind zumeist auch viele Biogasanlagen vorhanden, um anfallende Gülle und Mist sinnvoll zu verwerten. Hier ist der Bedarf an Mais deshalb besonders hoch, wodurch teilweise ein Maisanteil in der Fruchtfolge von über 50 % erreicht wird (siehe Abbildung 2). Besonders hervorzuheben ist hier die Region Vechta/Cloppenburg, welche das Zentrum deutscher Tierproduktion darstellt. Dieser intensive Maisanbau steht jedoch aufgrund von ökologischen Nachteilen nicht im Einklang mit einer nachhaltigen Landwirtschaft. Als Gründe dafür sind vor allem eine erhöhte Erosionsgefahr aufgrund einer schlechten Bodenbedeckung der Maiskultur, eine einseitige Verarmung des Bodens an Nährstoffen und Humus sowie eine Schwächung der Artenvielfalt auf dem Acker zu nennen (Schlegel *et al.* 2005; Dziwiaty und Bernardy P. 2007; Boessenkool 2014; Everaars *et al.* 2014). Zudem wird teilweise auch auf den ästhetischen Aspekt von solch „sterilen“ Maisäckern hingewiesen, welche wenig mit den immer noch weit verbreiteten romantischen Vorstellungen einer landwirtschaftlichen Produktion zu tun haben. Es ist daher nicht verwunderlich, dass sich in der Vergangenheit immer wieder Bürgerinitiativen gegen einen intensiven Maisanbau ausgesprochen haben und schon früh vor der „Vermaisung“ ganzer Landstriche gewarnt wurde (Knödler 2007).

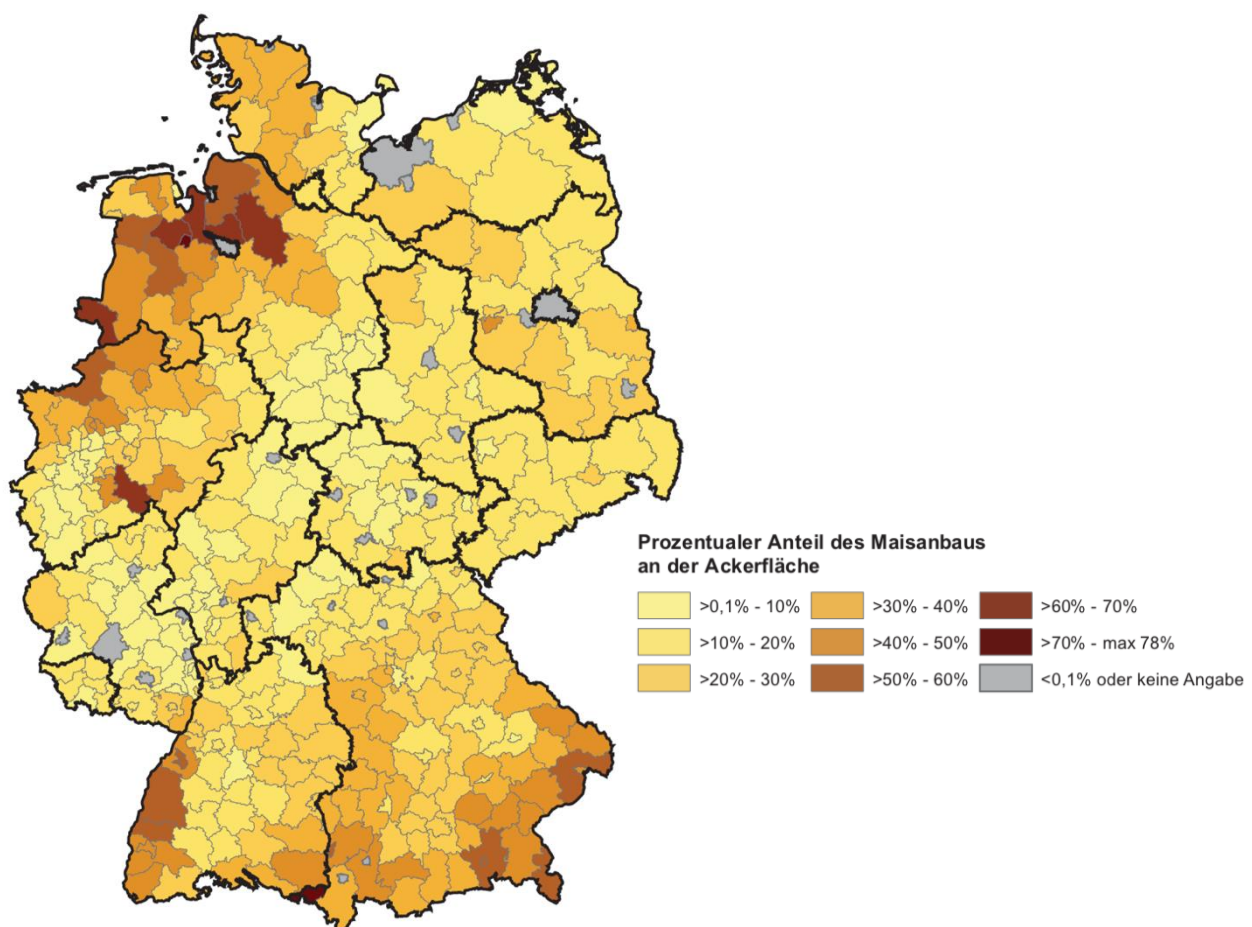


Abbildung 2: Prozentualer Anteil des Maisanbaus an der Ackerfläche für Deutschland auf Kreisebene 2010 (DMK 2016)

Aus diesen genannten Gründen werden schon seit vielen Jahren alternative Feldfrüchte gesucht, welche in der Lage sind, Teile der Maisanbaufläche zu ersetzen. Große Hoffnungen wurden dabei insbesondere in die Nutzung neuer Pflanzenarten als Substrat für Biogasanlagen gesetzt, da hier nur wenige Anforderungen an die Qualität des Erntegutes gestellt werden (Scheffer 2003). Bis zum gegenwärtigen Zeitpunkt konnte sich aber keine der in Betracht gezogenen Alternativen als ebenbürtig in Bezug auf die Produktivität des Maises erweisen (Zürcher 2014). Daher wurde von Schmidt (2013) vorgeschlagen, nicht den Mais an sich zu ersetzen, sondern seine ökologischen Eigenschaften durch einen Misanbau mit der Stangenbohne (*Phaseolus vulgaris* L.), einer Leguminose, zu verbessern. Damit wird erhofft, eine hohe Produktivität sowohl in der Nutzung als Biogassubstrat als auch in der Rinderfütterung weiterhin gewährleisten und gleichzeitig die negativen ökologischen Folgen eines sehr intensiven Mais-Reinanbaus reduzieren zu können.

1.2 Mais im Misanbau mit der Stangenbohne

1.2.1 Geschichte des Mais/Bohnen-Misanbaus

Der Misanbau von Mais und Stangenbohnen (*Phaseolus vulgaris* L.) hat eine ebenso lange Geschichte und Tradition, wie der Maisanbau selbst. Sie beginnt in Mesoamerika – einer kulturellen Region, die heute aus dem südlichen Teil Mexikos, aus Guatemala, Belize, El Salvador sowie den westlichen Teilen Honduras, Nicaraguas und Costa Ricas besteht (Kirchhoff 1943). Hier begannen indigene Völker vor etwa 9.000 Jahren mit der Landwirtschaft, welche mehr und mehr das Jagen wilder Tiere und Sammeln von Wildpflanzen als Nahrungsquelle ablöste. Nach Bushnell (1976) begann der Prozess der Domestikation bei Kürbis, Amarant und Avocado in einer Periode, welche unter Archäologen als *El-Riego*-Phase (ca. 7.000–5.000 v. Chr.) bezeichnet wird. In der darauffolgenden *Coxcatlán*-Phase (5.000–3.500 v. Chr.) wurden dann bereits der Mais sowie die Teparybohne (*Phaseolus acutifolius* A. Gray), eine nahe Verwandte der Stangenbohne, angebaut. Wie auch in anderen Genzentren der Erde wurde meist eine Kombination aus einem Getreide und einer Leguminose genutzt, um sich mit den wichtigsten Nährstoffen, vor allem Kohlenhydrate und Proteine, zu versorgen. Dass eine Kombination aus Mais und Bohne genau dies sicherstellt, nutzten die ersten Bauern – wenn vielleicht auch nicht wissentlich – schon frühzeitig. Es wird deshalb davon ausgegangen, dass der Mais/Bohnen-Misanbau bereits mit der ersten Domestikation der *Phaseolus*-Bohnen, soweit es archäologische Funde belegen können, praktiziert wurde (Landon 2008). Seitdem gehört dieses Anbausystem zum kulturellen Erbe Mesoamerikas. Besondere Bekanntheit erlangte es dabei als Teil des agroökologischen Anbausystems *Milpa*, welches im besonderen Maße über Jahrtausende die Maya-Hochkultur prägte (z. B. Diemont und Martin 2009; Steinberg 2010; Nigh und Diemont 2013). Neben

dem Mais und der Stangenbohne wird das System dabei traditionell durch den Kürbis ergänzt, wodurch die für das Anbausystem weitverbreitete alternative Bezeichnung „Drei Schwestern“ zu erklären ist. Bis heute wird die *Milpa* in weiten Teilen Mesoamerikas als Subsistenzwirtschaft oder in Hausgärten praktiziert (Márquez und Schwartz 2008). Dabei sichert sie die Ernährungsgrundlage sowie -vielfalt von Millionen von bäuerlichen Haushalten und leistet zudem ihren Anteil zur Konservierung der Agrobiodiversität (Birol *et al.* 2009). Besonders wichtig ist dabei der Beitrag zur Erhaltung von alten Mais-Landrassen und damit der Bewahrung genetischer Vielfalt (= *In situ* – Konservierung). Es wird deshalb angenommen, dass die *Milpa* indirekt auch zur globalen Ernährungssicherung beisteuert (Birol *et al.* 2009). Seit der Einführung von Hochleistungssorten sowie von genetisch veränderten Maissorten in Mexiko ist diese Quelle genetischer Diversität jedoch stark bedroht und muss deshalb in Zukunft besonders sensibel behandelt und geschützt werden (Bellon und Berthaud 2004).

Obwohl bereits seit vielen Jahrzehnten neue Maissorten ausschließlich im Reinanbau gezüchtet werden scheint es, als sei selbst in modernen Hybriden die ko-evolutionäre Entwicklung dieser beiden Kulturarten noch immer verankert. Wie Abbildung 3 zeigt, leidet der Mais besonders in einem frühen Entwicklungsstadium eindeutig unter der Konkurrenz von anderen Pflanzenarten (in diesem Falle Beikräuter). In der rechten Parzelle ist der Mais, in Konkurrenz zu der Stangenbohne stehend, zumindest auf den ersten Blick kaum gezeichnet. Dabei ist aber dennoch zu erwarten, dass auch hier Konkurrenzeffekte den Maisertrag im Vergleich zum reinen Maisanbau mindern.



Abbildung 3: Mais-Versuchspartellen mit moderatem Beikrautbesatz (linke Parzelle) und einer großen Menge an Stangenbohnen (rechte Parzelle) in Witzenhausen, 2015.

1.2.2 Vorteile eines Mischanbausystems

Als Mischanbausystem werden Anbauformen bezeichnet, bei denen mindestens zwei verschiedene Pflanzenarten simultan auf einem gemeinsamen Feld während einer Vegetationsperiode angebaut werden (Ofori und Stern 1987). Praktiziert wird der Mischanbau besonders unter Kleinbauern in traditionellen Anbausystemen in den Tropen und in extensiven Landnutzungssystemen in Entwicklungsländern. Hier wird durch die Kombination meist einer Getreideart und einer Hülsenfrucht eine höhere Produktivität pro Fläche erreicht (Erhöhung des *Land Equivalent Ratio*). Dadurch steigt das Einkommen der Kleinbauern – und die Gefahr von Missernten aufgrund extremer Wetterphänomene wird zudem gesenkt (FAO 2016). Zahlreiche Studien konzentrierten sich hier auf ausgewählte Anbaueigenschaften, die potenziell durch einen Mischanbau verbessert werden. Beispiele hierfür sind die Futterqualität und -quantität des Ernteproduktes (Belel *et al.* 2014), die Bodenfruchtbarkeit, eine Reduzierung von Erosion (Lima *et al.* 2014) sowie eine Unterdrückung von Beikräutern und -gräsern (Bilalis *et al.* 2010) und von Krankheiten (Fininsa 2008). Aus diesen genannten Gründen sind Mischanbausysteme auch für die europäische Landwirtschaft interessant und erfreuen sich in jüngster Vergangenheit, vor allem im Bereich des ökologischen Landbaus, zunehmender Beliebtheit (Hauggaard-Nielsen *et al.* 2008). Allgemein ist der Anbau von Leguminosen auch in Deutschland als Maßnahme zur Verbesserung der Ökosystemleistungen und zum Ressourcenschutz (Verbesserung des Umwelt- und Klimaschutzes, Verbesserung der Artenvielfalt in den Agrarlandschaften, Verringerung des Verbrauchs an mineralischen Stickstoffdüngern und Verbesserung der Bodenfruchtbarkeit) anerkannt und wird unter anderem durch die „Eiweißpflanzenstrategie“ des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft gefördert (BMEL 2018). Die Notwendigkeit einer Steigerung der einheimischen Eiweißproduktion zur Tierernährung, um Sojaimporte aus Südamerika teilweise einsparen zu können, wird darin explizit betont. Für den Großteil der Landwirte in Deutschland kommt eine Ausweitung des Leguminosenanbaus jedoch nur infrage, wenn die Produktivität den Aufwand des Anbaus rechtfertigt.

Die Stangenbohne hat in Kombination mit dem Leistungsträger Mais das Potenzial, die Produktion eines eiweißreichen Futtermittels bei gleichzeitig hoher Produktivität zu ermöglichen. Gleichzeitig kann sie den Maisanbau unter konventionellen als auch ökologischen Bedingungen aufgrund der durch Symbiose mit Rhizobien durchgeführten Stickstofffixierung (Giller *et al.* 1991, Graham und Ranalli 1997) bereichern und zur Verbesserung der Bodenfruchtbarkeit beitragen (Matusso *et al.* 2014; Dwivedi *et al.* 2015). Durch eine bessere Bodenbedeckung zwischen den Maisreihen könnte zudem die Erosionsgefahr, beispielsweise bei starken Regenereignissen, gemindert und ebenso die Entwicklung von Beikräutern und -gräsern behindert werden (Bilalis *et al.* 2010).

1.3 Aktueller Forschungsstand

Zum Gegenstand zahlreicher Forschungsvorhaben wurde der Mais/Bohnen-Mischanbau bereits Ende der 1970er Jahre – und da insbesondere am *Centro Internacional de Agricultura Tropical* (CIAT) in Kolumbien – einem der führenden Forschungszentren im Bereich tropischer Landwirtschaft und spezialisiert auf die Forschung zu *Phaseolus*-Bohnen. Hier wurden sowohl Fragestellungen zur Interaktion zwischen Mais und Bohne (Francis *et al.* 1978; Francis *et al.* 1982a; Davis und Garcia 1983), dem Befall mit Schadinsekten (Altieri *et al.* 1978) als auch zu den ökonomischen Aspekten des Mischanbaus (Francis und Sanders 1978) bearbeitet. Zumeist bezogen sich diese Untersuchungen jedoch auf tropische Landwirtschaftssysteme unter extensiven Bedingungen.

Auch in den folgenden Jahrzehnten bis zur heutigen Zeit wurden Forschungsstudien zum Mais/Bohnen-Mischanbau vor allem mit Blick auf den Anbau durch Kleinbauern in Entwicklungsländern, insbesondere auf dem afrikanischen Kontinent (z. B. Fischler 1997; Nekesa *et al.* 1999; Tsubo *et al.* 2004; Habte *et al.* 2016) durchgeführt. Erst im Zuge einer deutlichen Ausdehnung des Maisanbaus in Europa, dem teilweise damit verbundenen Mangel an nachhaltigen Produktionsverfahren sowie durch die Rückbesinnung auf heimische Proteinquellen wurde der Mais/Bohnen-Mischanbau auch für die westeuropäische Landwirtschaft interessant. Eine der bisher umfangreichsten Studien mit Feldversuchen in der gemäßigten Klimazone wurde von Dawo (2011) an der *University of Leeds* umgesetzt. Im Fokus standen hier die optimale Bestandesdichte des Maises, der Saatzeitpunkt beider Kulturen sowie eine Qualitätsanalyse des Ernteproduktes. Die Ergebnisse zeigten, dass der Gesamtertrag des Gemenges am höchsten war, wenn Mais und Bohnen nahezu gleichzeitig gesät wurden und dass eine höhere Bestandesdichte des Maises auch höhere Gesamterträge, jedoch geringere Bohnenanteile im Gemenge zur Folge hatten. Untersuchungen ergaben zudem, dass die Qualität der Maissilage mithilfe der Bohnen aufgrund eines gesteigerten Rohproteingehaltes bei gleichbleibendem Energiegehalt erhöht werden konnte (Dawo *et al.* 2007). Das Ertragsniveau der Mischkultur befand sich außerdem auf dem Niveau des Mais-Reinanbaus, wodurch eine größere Menge an Protein pro Fläche erzeugt werden konnte.

Während Willey und Osiru (1972) noch bis zu 38 % höhere Erträge des Gemenges im Vergleich zum separaten Anbau beider Kulturen auch unter intensiven Bedingungen beobachten konnten, ist es äußerst unwahrscheinlich, solch einen Ertragsvorsprung in aktuellen Studien zu beobachten. Vielmehr ist es hier das erklärte Ziel, einen ebenbürtigen Ertrag des Gemenges im Vergleich zum Mais-Reinanbau zu erreichen. Diese Herabstufung des Ertragszieles ist vor allem der Tatsache geschuldet, dass die Ertragsfähigkeit des Maises im Reinanbau aufgrund einer enormen Verbesserung der Züchtungsstrategien seit den 1970er Jahren deutlich gesteigert werden konnte und moderne Hochleistungssorten für den Reinanbau nahezu perfektioniert wurden.

Ein noch laufendes Forschungsvorhaben des Johann Heinrich von Thünen-Institutes für Ökologischen Landbau in Westerau zeigt ebenso das Potenzial des Mais/Bohnen-Mischanbaus auf, ein ähnliches Ertragsniveau wie bei dem Mais-Reinanbau zu erreichen (Fischer und Böhm 2015). Unter ökologischen Anbaubedingungen wurden hier Trockenmasseerträge zwischen 120 und 180 dt/ha erreicht. Dawo (2011) konnte dagegen unter konventionellen Bedingungen nur einen Ertrag von maximal 140 dt/ha erzielen. In den durchgeführten Feldversuchen zeigte sich oft, dass bei guten Bohnerträgen das Gesamt-Ertragsniveau relativ gering war, wodurch sich ein Anbau in der modernen Landwirtschaft in diesen Fällen kaum rechnen würde. In Hoppe (2015) konnten dagegen hohe Gesamterträge des Gemenges bis 200 dt/ha erreicht werden. Diese waren aber stets mit sehr geringen Anteilen des Bohnertrages am Gesamtertrag des Gemenges verbunden (5–13 %), wodurch nicht zu erwarten war, dass die Stangenbohne positive Effekte auf den Maisanbau ausübte. Daher tragen diese Versuchsergebnisse wenig zu einer kommerziellen Verbreitung des Systems bei. Ein gutes Ertragsniveau zwischen 150 und 200 dt/ha, bei dem die Stangenbohne dennoch einen signifikanten Anteil an der Ertragsbildung besaß, konnte dagegen erstmals in Nurk *et al.* (2017) dokumentiert werden. Hier waren die Ergebnisse jedoch stark von dem Versuchsstandort sowie -jahr abhängig.

Es besteht deshalb weiterhin ein dringender Bedarf, den Mischanbau zum einen auf ein praxisrelevantes Ertragsniveau mit möglichst hohen Bohnenanteilen zu bringen und zum anderen die Ertragsfähigkeit gegenüber Standort- sowie Jahreseffekten möglichst abzusichern. Zudem fehlen bisher Erkenntnisse über den Proteingehalt sowie -ertrag des Mischanbausystems und dessen konkrete Eignung für einen Einsatz in der Tierernährung.

1.4 Zielsetzung dieser Arbeit

Die vorliegende Arbeit knüpft an eine abgeschlossene Dissertation mit dem Thema „Entwicklung von Energiemaissorten für die Mischkultur mit Stangenbohnen“ (Hoppe 2015), durchgeführt in der Abteilung für Pflanzenzüchtung der Georg-August-Universität Göttingen, an. Im Fokus stand hier der Vergleich einer Selektion von Maishybriden sowohl im Mischanbau als auch im Reinanbau. Es zeigte sich, dass die leistungsstärksten Hybriden aus einer Selektion im Reinanbau dieselben waren wie im Mischanbau. Ein eigenes Zuchtprogramm für Maissorten, welche speziell für den Mischanbau mit Stangenbohnen entwickelt werden, war somit nicht zu rechtfertigen.

Es wurde aber während der Feldversuche klar, dass ein großer Bedarf besteht, geeignete Stangenbohnsorten für einen Mischanbau zu selektieren. Bisher in Deutschland beliebte Sorten, welche fast ausschließlich im privaten Gartenbau genutzt werden, besitzen einen viel zu früh einsetzenden Reifungsprozess, welcher sich in geringe Biomasseerträge zum üblichen Erntezeitpunkt des Maises wi-

derspiegelt. Aus diesem Grund konzentriert sich die vorliegende Arbeit nun auf die Selektion von leistungsfähigen Stangenbohnen für den Misanbau mit Mais.

Dabei sollen zwei Herangehensweisen verfolgt werden:

Zum einen sollen bereits vorhandene, spätreife Stangenbohnenarten, welche von dem Schweizer Saatgutanbieter Sativa Rheinau AG vermehrt und zur Verfügung gestellt wurden, in dreijährigen Feldversuchen getestet werden. Durch den Anbau mehrerer Stangenbohnenarten in Kombination mit verschiedenen Maissorten soll es abschließend möglich sein, eine bzw. einige wenige Stangenbohnenarten für einen praktischen Anbau in Deutschland zu empfehlen und somit einen Beitrag für eine erfolgreiche Einführung des Misanbausystems in die deutsche Agrarlandschaft zu leisten. Geeignete Stangenbohnenarten müssen dabei folgende Eigenschaften erfüllen:

1. Um die Kosten für das zusätzliche Bohnensaatgut so gering wie möglich zu halten, soll das Tausendkorngewicht (TKG) der Stangenbohnen möglichst gering sein.
2. Die Stangenbohnen müssen eine optimale Bestandesentwicklung im Einklang mit dem Mais besitzen. Dies bedeutet, dass das Bohnenwachstum mit dem Maiswachstum mithalten können muss und gleichzeitig nicht zu schnell erfolgen darf, da sonst der Mais stranguliert und in seinem Wachstum zu stark gehemmt wird. Ein Abreifen der Stangenbohnen darf zudem nicht zu früh erfolgen, damit die volle Biomasse bis zum Erntezeitpunkt erhalten bleibt.
3. Die Stangenbohnen sollten einen möglichst großen Beitrag zu einem möglichst hohen Gesamt-Trockenmasseertrag des Gemenges leisten, diesen aber gleichzeitig nicht zu sehr im Vergleich zum Reinanbau des Maises reduzieren.

Zum anderen soll ein Set von 276 verschiedenen Bohnenakzessionen, darunter 177 Stangenbohnenakzessionen, genutzt werden, um molekulare Marker für weitere Merkmale, welche für den Mais/Stangenbohnen-Misanbau wichtig sind, zu identifizieren und für zukünftige Züchtungsprogramme der Stangenbohnen für den Misanbau mit Mais zur Verfügung zu stellen. Zu diesem Zweck wird mithilfe des BARCBan6K_3 Chips (Song *et al.* 2015), bestehend aus 5398 SNP-Markern, eine Genomweite Assoziationsstudie (GWAS) durchgeführt, welche folgende Eigenschaften der Stangenbohnen beinhaltet:

4. Eine geeignete Sorte sollte eine gute Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen sowie eine Toleranz gegenüber leichten Frosttemperaturen im Primärblattstadium besitzen. Dies soll sicherstellen, dass ein gemeinsamer Saatzeitpunkt von Mais und Bohnen zum regulären Aussaatzeitpunkt des Maises Ende April/Anfang Mai möglich ist.

5. Stangenbohnen besitzen den Inhaltsstoff Phasin aus der Gruppe der Lektine, welcher bei rohem Verzehr giftig wirkt. Seine Bedeutung für die Fütterung von Wiederkäuern ist noch nicht geklärt, jedoch existiert eine große genetische Variation im Gehalt dieses Giftstoffes. Deshalb sind Stangenbohnsorten mit einem sehr geringen Gehalt an Phasin wünschenswert, um gesundheitliche Bedenken bei bzw. einen Leistungsrückgang von Wiederkäuern aufgrund dieses Inhaltsstoffes generell auszuschließen.

Für die in den Punkten 4 und 5 angesprochenen Eigenschaften sollen SNPs gefunden werden, welche hoch signifikant mit dem Merkmal assoziiert sind. Diese Informationen können dann in zukünftigen Züchtungsprojekten der Stangenbohnen mit dem Fokus auf die Eignung für den Mischanbau mit Mais nützlich sein.

Beide Herangehensweisen werden im Folgenden in zwei getrennten Kapiteln behandelt. Die gesamte Arbeit wird dann von einer beide Kapitel betreffenden Schlussfolgerung sowie einer Zusammenfassung komplettiert.

2 Feldversuche zur Selektion von Stangenbohnsorten

2.1 Einleitung

Die wissenschaftliche Bearbeitung des Anbausystems Mais/Stangenbohnen an der Georg-August-Universität Göttingen begann bereits im Jahre 2012 mit der Dissertation von Christopher Hoppe (Hoppe 2015). Ziel war hier eine Selektion von geeigneten Maissorten für den Misanbau mit Stangenbohnen. Eine Selektion von geeigneten Stangenbohnsorten war hier nicht vorgesehen, da die Bedeutung der richtigen Sortenwahl zunächst unterschätzt wurde. Im Laufe des Projektes wurde jedoch schnell ersichtlich, dass hohe Gesamt-Trockenmasseerträge des Gemenges bei einem gleichzeitig hohen Ertragsanteil der Bohnen nur mithilfe von selektierten Stangenbohnsorten erreichbar sind. Aus diesem Grund testete man hier bereits im zweiten Versuchsjahr mit ‘Anellino verde‘ und ‘Bobis a grano nero‘ zwei weitere Bohnensorten zusätzlich zur anfänglichen Bohnensorte ‘Neckarkönigin‘. Im dritten Versuchsjahr wurde nur noch die Sorte ‘Anellino verde‘ verwendet. Dadurch konnten bereits im Jahr 2014 Bohnenertragsanteile von 12,61 % bei einem Gesamttrockenmasseertrag von 175,26 dt/ha (Hoppe 2015) erzielt werden. Da diese Ertragsanteile und Gesamterträge für die kommerzielle Nutzung des Misanbausystems jedoch noch nicht ausreichen würden, konnte ein Anschlussprojekt, welches sich insbesondere mit der Selektion von ertragsstarken Stangenbohnsorten beschäftigt, realisiert werden. Hauptbestandteil dieses Kapitels wird daher der Vergleich des Ertragspotenzials von unterschiedlichen Stangenbohnsorten sein. Ein Vergleich spezieller Mais/Stangenbohnen-Kombinationen ist aufgrund der Versuchsanlage ebenso möglich. Zusätzlich soll außerdem die Leistungsfähigkeit der Mais/Stangenbohnen-Kombinationen mit dem Mais im Reinanbau verglichen werden, damit Prognosen über das zukünftige Nutzungspotenzial des Mais/Stangenbohnen-Misanbaus getroffen werden können.

2.2 Material und Methoden

2.2.1 Versuchsaufbau

In den Feldversuchen wurden in drei Jahren und an jeweils drei Standorten verschiedene Maissorten im Misanbau mit verschiedenen Stangenbohnsorten getestet. Zusätzlich wurde jede getestete Maissorte auch im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² und mit 10 Pflanzen/m², welche die üblicherweise von Landwirten gewählte Bestandesdichte darstellen sollte, angebaut. Die Parzellengröße betrug stets

1,5 m x 6 m = 9 m², in denen der Mais zweireihig mit einem Abstand von 75 cm angebaut wurde. In Parzellen mit Gemenge wurden die Stangenbohnen stets jeweils ca. 10–15 cm einseitig neben die Maisreihe gelegt (siehe Abbildung 4).



Abbildung 4: Mais/Bohnen-Parzelle kurz nach Auflaufen der Mais- und Bohnenpflanzen (Göttingen, 2016)

Für jedes Versuchsjahr wurden andere Stangenbohnsensorten und auch andere Maissorten in den Versuch aufgenommen. Deshalb ergab sich für jedes Versuchsjahr ein anderes Versuchsdesign. Eine Übersicht dazu findet sich in Tabelle 1.

Für das Jahr 2015 wurden an drei Standorten insgesamt acht Maissorten und zwölf Stangenbohnsensorten in den Versuch aufgenommen. Eine Besonderheit lag hier im unorthogonalen Versuchsdesign: Es wurden nur vier Maissorten mit allen zwölf Bohnensorten getestet. Die übrigen vier Maissorten wurden nur mit einer Auswahl von vier Stangenbohnsensorten angebaut.

Tabelle 1: Übersicht über den Versuchsaufbau in den einzelnen Versuchsjahren.

Jahr	Standorte	Versuchsanlage	Anzahl getesteter Maissorten	Anzahl getesteter Bohnensorten	Besonderheiten	Anzahl Parzellen
2015	Einbeck	α -Gitteranlage (8x10=80 mit 2 Wdh.)	8	12	Unorthogonales Versuchsdesign	160
	Göttingen		8	12		160
	Tachenhausen *		8	12		160
2016	Einbeck	Vollst. Blockanlage (1x80=80 mit 2 Wdh.)	8	4	2 Saattermine der Stangenbohnen	160
	Göttingen *		8	4		160
	Tachenhausen *		8	4		160
2017	Einbeck	Quadrat. Gitteranlage (6x6=36 mit 2 Wdh.)	3	10	2 Düngungsstufen in Einbeck und Göttingen	144
	Göttingen		3	10		144
	Wiebrechtshausen		3	10		72

* Diese Standorte gingen nicht mit in die Auswertung ein.

Für das Versuchsjahr 2016 wurden vier der vielversprechendsten Stangenbohnsorten aus dem Versuchsjahr 2015 selektiert und in Kombination mit acht Maissorten angebaut. Alle Bohnensorten wurden jeweils an zwei verschiedenen Saatzeitpunkten ausgesät. Prüfglieder mit frühem als auch spätem Saatzeitpunkt der Bohnen wurden in einer Blockanlage zusammengefasst.

Der Feldversuch 2017 beinhaltete drei verschiedene Maissorten, welche in Kombination mit zehn verschiedenen Stangenbohnsorten an drei Standorten angebaut wurden. Dies ergab zusammen mit dem Reinanbau des Mais ein quadratisches Gitter mit 36 Prüfgliedern. An zwei Standorten (Einbeck und Göttingen) wurden alle Prüfglieder zusätzlich zur normal mit Stickstoff gedüngten Variante auch unter Stickstoffmangel-Bedingungen geprüft. Somit ergaben sich in diesem Versuchsjahr insgesamt fünf Test-Umwelten.

2.2.2 Pflanzenmaterial

Für die Versuche wurden in allen Jahren zum großen Teil wechselnde Maissorten und auch unterschiedliche Stangenbohnsorten in Mischkultur angebaut.

Bei den verwendeten Maissorten handelte es sich um aktuelle Sorten aus dem Sortiment der KWS SAAT SE, Einbeck, sowie eine Sorte aus dem Sortiment der Agromais GmbH, Everswinkel. In 2015 und 2016 wurden zudem drei bzw. eine Experimentalhybride verwendet, welche von Hoppe (2015) selektiert wurden. Eine Übersicht über alle verwendeten Maissorten ist in Tabelle 2 zu finden.

Tabelle 2: Die in den Feldversuchen verwendeten Maissorten bzw. -experimentalhybriden. Die fett gedruckte Sorte wurde in allen drei Versuchsjahren genutzt.

Versuchsjahr	Maissorte	Reifezahl	Züchter
2015	Fabregas	S 210	KWS SAAT SE
	Frederico KWS	S 240	KWS SAAT SE
	KWS Figaro	S 250	KWS SAAT SE
	Fernandez	S 250	KWS SAAT SE
	Walterinio KWS	S 270	KWS SAAT SE
	KXB5171	unbekannt	Experimentalhybride
	KXB5172	unbekannt	Experimentalhybride
2016	KWS Keops	S 210	KWS SAAT SE
	Calango KWS	S 220	KWS SAAT SE
	Agro Fides	S 220	Agromais GmbH
	Benedictio KWS	S 230	KWS SAAT SE
	KWS Figaro	S 250	KWS SAAT SE
	Fernandez	S 250	KWS SAAT SE
	Walterinio KWS	S 270	KWS SAAT SE
2017	KXB5173	unbekannt	Experimentalhybride
	KWS Stabil	S 200	KWS SAAT SE
	Benedictio KWS	S 230	KWS SAAT SE
	KWS Figaro	S 250	KWS SAAT SE

Bei den verwendeten Stangenbohnsorten handelte es sich um Experimentalsorten bzw. Akzessionen, welche alle ein undeterminiertes Wachstum mit langen, gedrehten Stängeln besitzen (Type IV nach van Schoonhoven und Pastor-Corrales 1987). Die Vermehrung fand bei der Sativa Rheinau AG, Rheinau, Schweiz, statt, wo die Stangenbohnsorten hinsichtlich einer späten Abreife und damit einer potenziell hohen Biomasseleistung zum regulären Erntetermin des Maises vorselektiert wurden. Ursprünglich wurden die Akzessionen von verschiedenen Gemüsezüchtern und der Genbank des Leibniz-Institutes für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben bezogen. Da die Handelsnamen nicht eindeutig sind (z. B. werden unterschiedliche Sorten unter dem gleichen Namen geführt), werden alle Stangenbohnsorten anhand einer Codierung aufgeführt. Die Akzession ‘WAV512‘ kann von der VanWaveren Saaten GmbH, Göttingen, bezogen werden. Eine Auflistung aller verwendeten Stangenbohnenakzessionen und deren Tausendkorngewicht (TKG) in g ist in Tabelle 3 zu finden.

Tabelle 3: Die in den Feldversuchen verwendeten Stangenbohnenakzessionen. Die fett gedruckten Sorten wurden in allen drei Versuchsjahren genutzt.

Versuchsjahr	Stangenbohnenakzession	TKG [g]
2015	SAT510	398
	SAT511	378
	SAT513	457
	SAT514	584
	SAT515	591
	SAT516	465
	SAT517	513
	SAT518	574
	SAT519	355
	SAT520	503
	SAT522	422
	WAV512	185
2016	SAT510	398
	SAT511	378
	SAT513	457
	WAV512	185
2017	SAT510	398
	SAT511	378
	SAT513	457
	SAT523	220
	SAT524	249
	SAT525	239
	SAT532	222
	SAT533	249
	SAT536	295
WAV512	185	

2.2.3 Standorte

Die Feldversuche wurden in jedem der drei Versuchsjahre an drei Standorten angelegt. Neben den Standorten Einbeck und Göttingen, welche in allen drei Versuchsjahren existierten, wurden 2015 und 2016 der Standort Tachenhausen sowie im Jahre 2017 der Standort Wiebrechtshausen in den Versuch aufgenommen. Der Standort Tachenhausen befand sich im Süden Deutschlands, nahe Stuttgart, und wurde von der Hochschule für Wirtschaft und Umwelt Nürtingen-Geislingen betreut. Die Standorte Einbeck (EIN), Göttingen (GOE) und Wiebrechtshausen (WIE) befanden sich im südlichen Niedersachsen in einen Umkreis von nur ca. 40 km. Aus diesem Grunde wurden diese Standorte von der Georg-August-Universität Göttingen betreut und von ein und derselben Person bonitiert. Mit Ausnahme des Standortes Wiebrechtshausen, welcher unter ökologischen Bedingungen bewirtschaftet wird, wurden alle anderen Standorte konventionell geführt. Für die Auswertung der Versuchsergebnisse wurden jedoch nicht alle Standorte herangezogen. Im Jahre 2015 konnte sich am Standort Tachenhausen kein ausreichender Bestand entwickeln. In der frühen Vegetationsphase waren dort die Witterungsbedingungen für das Maiswachstum sehr förderlich, wohingegen nach Auflaufen der Stangenbohnen große Trockenheit herrschte und sich so das Wachstum der Stangenbohnen stark verzögerte. Als Ergebnis dieser Entwicklung wurde zum Erntezeitpunkt der Bohnenanteil am Gemenge auf deutlich unter einem Prozent geschätzt, wodurch eine Versuchsauswertung nicht sinnvoll war. Am Standort Tachenhausen konnte sich auch im folgenden Versuchsjahr 2016 kein guter Bestand entwickeln. Aus diesem Grund wurde der Versuch nicht geerntet, weshalb keine Erntedaten aus dieser Umwelt zur Verfügung standen. Auch am Standort Göttingen konnten im Jahr 2016 keine Erntedaten erhoben werden, da hier Ende August ein schweres Unwetter nahezu alle Parzellen des Versuchs zerstörte. Eine genauere Beschreibung der zur Auswertung herangezogenen Standorte ist der Tabelle 4 zu entnehmen.

Tabelle 4: Die in die Versuchsauswertung aufgenommenen Standorte.

Standort	Jahr	Koordinaten	Bewirtschaftung	Bodenart	Ackerzahl	Ø Jahresniederschlag [mm]	Ø Jahrestemperatur [°C]
Einbeck (EIN)	2015	51.801, 9.843	konventionell	L	80	680	8,8
	2016	51.802, 9.847					
	2017	51.801, 9.841					
Göttingen (GOE)	2015	51.499, 9.917	konventionell	tL	84	645	8,7
	2017	51.496, 9.887					
Wiebrechtshausen (WBH)	2017	51.752, 10.016	ökologisch	sL	70	680	8,6

L = Lehm, tL = toniger Lehm, sL = schluffiger Lehm

2.2.4 Aussaat und pflanzenbauliche Maßnahmen

An allen Standorten erfolgte die Aussaat des Maises zum ortstypischen Zeitpunkt gegen Ende April/Anfang Mai. An den Standorten Einbeck und Wiebrechtshausen wurde dies durch die KWS SAAT SE durchgeführt. Hierfür wurde eine achtreihige BAURAL-Einzelkornsämaschine (Typ PL 2 auf Grundrahmen der Firma Kuhn) verwendet. Am Standort Göttingen wurde der Mais durch die Mitarbeiter der Georg-August-Universität Göttingen mithilfe einer zweireihigen Einzelkorn-Sämaschine vom Typ Hege 95 gelegt. Die Aussaat der Stangenbohnen erfolgte an allen Standorten stets mit der zweireihigen Hege-Einzelkornsämaschine durch die Georg-August-Universität Göttingen. Der Aussaattermin variierte hier aber zwischen den Jahren (siehe Tabelle 5). Im Jahr 2015 erfolgte die Bohrensaat zum 3- bis 4-Blattstadium des Maises. Dies entsprach etwa einem Monat Verzögerung im Vergleich zur Maisaussaat. Im zweiten Versuchsjahr 2016 wurden zwei verschiedene Aussaattermine der Stangenbohnen realisiert. Der frühe Saattermin sollte möglichst nah an dem Saatzeitpunkt des Maises liegen. Aus organisatorischen Gründen wurden die Bohnen schließlich zehn Tage nach dem Mais gesät. Der spätere Saattermin erfolgte, wie im Jahr zuvor, zum 3- bis 4-Blattstadium des Maises. Im letzten Versuchsjahr 2017 wurde auf eine spätere Aussaat der Bohnen verzichtet. Hier wurden alle Stangenbohnen möglichst zeitnah zur Maisaussaat gelegt. Dies entsprach schließlich einer drei- bis zwölf-tägigen späteren Saat der Bohnen im Vergleich zum Mais.

Tabelle 5: Übersicht über die Saatzeitpunkte von Mais und Stangenbohnen sowie Erntetermine des Maises in den einzelnen Versuchsjahren.

Jahr	Standort	Saatzeitpunkt Mais	Saatzeitpunkt Bohnen	Erntezeitpunkt Mais
2015	Einbeck	30.04.2015	27.05.2015	08.10.2015
	Göttingen	07.05.2015	04.06.2015	19.10.2015
2016	Einbeck	02.05.2016	12.05./07.06.2016	26.09.2016
2017	Einbeck	28.04.2017	10.05.2017	26.09.2017
	Göttingen	05.05.2017	16.05.2017	13.10.2017
	Wiebrechtshausen	08.05.2017	11.05.2017	28.09.2017

Für die Stangenbohnen wurde stets eine Bestandesdichte von 7,5 Pflanzen/m² gewählt. Im ersten Versuchsjahr 2015 konnten jedoch viele Parzellen aufgrund extremer Trockenheit während des Auflaufens der Stangenbohnen und trotz einer ausgesäten Bestandesdichte von 10 Pflanzen/m² diese angestrebte Pflanzenanzahl nicht erreichen. Daraufhin wurden in den beiden Folgejahren jeweils 15 Pflanzen/m² ausgesät und anschließend die Pflanzenanzahl per Hand auf 7,5 Pflanzen/m² reduziert. Der Mais wurde an allen Standorten stets mit ca. 10 Pflanzen/m² ausgesät. Für die Parzellen mit Mischbau wurde die Pflanzenanzahl anschließend auf 7,5 Pflanzen/m² reduziert. Ebenso wurde für eine Va-

riante des Mais-Reinanbaus die Pflanzenanzahl auf 7,5 Pflanzen/m² reduziert. Für die zweite Variante des Mais-Reinanbaus wurden 10 Pflanzen/m² beibehalten.

Sowohl das Maissaatgut als auch das Bohnensaatgut wurden vor der Aussaat mit TMTD gebeizt. Lediglich das Saatgut für den Standort Wiebrechtshausen im dritten Versuchsjahr 2017 wurde nicht chemisch behandelt. Am Standort Einbeck erfolgte ein Herbizideinsatz in allen drei Versuchsjahren im Voraufbau mit Stomp® Aqua (BASF). Am Standort Göttingen wurde eine Mischung aus Basagran® + Spectrum® (BASF) im Nachaufbau eingesetzt. Hier erfolgte in den Versuchsjahren 2015 und 2017 zusätzlich eine physikalische Beikrautregulierung mit der Handhacke. Ebenso wurde der Versuch in Wiebrechtshausen 2017 ausschließlich durch eine manuelle Beikrautkontrolle sauber gehalten.

Die Düngung der Versuchspartzen erfolgte jeweils nach orts- bzw. praxisüblichem Verfahren. Lediglich im dritten Versuchsjahr 2017 wurden an den Standorten Einbeck und Göttingen neben der mit 46%igem Harnstoff gedüngten Variante (Einbeck: 161 kg N/ha, Göttingen: 138 kg N/ha) jeweils zusätzlich eine Versuchsvariante ohne Stickstoffdüngung angelegt. Für den Standort Einbeck wurde dafür eine seit mehreren Jahren nicht mit Stickstoff gedüngte Fläche genutzt. Für den Standort Göttingen wählte man dagegen eine Fläche, welche in den letzten Jahren auf übliche Weise landwirtschaftlich genutzt wurde. Aus diesem Grund wiesen Bodenuntersuchungen vom Februar 2017 hier einen hohen N_{min}-Gehalt von 156 kg N/ha aus. Berücksichtigt man zu erwartende Mineralisierungsprozesse im Laufe der Vegetationsperiode ist deshalb davon auszugehen, dass die Versuchspartzen am Standort Göttingen 2017 auch in der Variante ohne Stickstoffdüngung keinem Stickstoffmangel ausgesetzt waren.

2.2.5 Erfasste Merkmale

Im Laufe der Vegetationszeit wurden in allen Versuchsjahren zahlreiche Merkmale, insbesondere der Stangenbohnen, aufgenommen. Im Fokus dieser Arbeit lagen dabei aber die Ertragsdaten, welche sowohl von Stangenbohnen als auch vom Mais erfasst wurden.

2.2.5.1 Ertragsdaten und Trockensubstanzgehalte

Etwa zwei Wochen vor dem standortüblichen Erntezeitpunkt des Maises (siehe Tabelle 5) wurde begonnen, die Stangenbohnenpflanzen in allen Parzellen per Hand zu ernten. Hierfür wurden mithilfe einer Gartenschere die Bohnenpflanzen etwa 15 cm über dem Boden abgeschnitten und von den Maispflanzen gewickelt. Die Bohnenfrischmasse der gesamten Parzelle wurde anschließend mittels einer elektronischen Waage erfasst. Das Bohnenerntegut wurde am Ende des Erntetages mit einem Standhäcksler (Hege 44, Wintersteiger AG, Ried im Innkreis, Österreich) zerkleinert. Von jeder Parzelle wurde eine Probe des Häckselgutes von ca. 1 kg genommen, gewogen und anschließend in Trockenschränken (Modell 800, Memmert GmbH & Co. KG, Schwabach) bis zur Gewichtskonstanz bei 105 °C getrocknet. Die Bohnenproben des Versuchsjahres 2017 wurden bei maximal 60 °C getrocknet. Anschließend wurden die Proben ein weiteres Mal gewogen, um deren Trockenmasse zu bestimmen. Aus dem jeweiligen Gewicht der Trockenprobe und der Frischprobe wurde der Trockensubstanzgehalt der Stangenbohnen (TSG-B) berechnet. Durch Multiplikation des Trockensubstanzgehaltes mit dem Frischmasseertrag wurde der Bohnen-Trockenmasseertrag jeder Parzelle bestimmt und anschließend in den Bohnen-Trockenmasseertrag je Hektar (TME-B) umgerechnet.

Nach Beendigung der Bohnenernte wurden alle Parzellen von einem zweireihigen Vollernter (Anbauhäcksler C1200, KEMPER GmbH & Co. KG, Stadtlohn, in Kombination mit Maisprobennehmer M-63, HALDRUP GmbH, Ilshofen) durch die KWS SAAT SE geerntet. Hier erfolgte die Bestimmung der Maisfrischmasse einer Parzelle durch eine elektronische Waage in der Erntemaschine. Über eingebaute Nahinfrarotspektroskopie (NIRS) wurde der Trockensubstanzgehalt des Maises (TSG-M) bestimmt. Aus dem Parzellenertrag des Maises und dem TSG-M wurde der Trockenmasseertrag einer Parzelle bestimmt und auf den Mais-Trockenmasseertrag je Hektar (TME-M) hochgerechnet.

Für die Bestimmung des Gesamt-Trockenmasseertrages einer Mais/Bohnen-Kombination je Hektar (TME-G) wurden der TME-B und der TME-M addiert. Der Gesamt-Trockenmassegehalt einer Kombination (TSG-G) wurde durch den Quotienten aus der Summe der Mais- und der Bohnen-Trockenmasse einer Parzelle und der Summe der Mais- und Bohnen-Frischmasse einer Parzelle gebildet. Zusätzlich wurde der Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse (ABT) durch den Quotienten aus TME-B und TME-G bestimmt. Im Folgenden werden TSG-B, TSG-M, TSG-G und ABT stets in Prozent (%) angegeben. TME-B, TME-M und TME-G werden stets in Dezi-tonne pro Hektar (dt/ha) ausgewiesen.

Im Versuchsjahr 2015 konnten die angestrebten Bestandesdichten aufgrund einer ausgedehnten Trockenperiode während der Mais- und Bohnensaat sowie in den darauffolgenden Wochen sowohl beim Mais als auch bei den Bohnen in vielen Parzellen nicht erreicht werden. Um die unterschiedlichen Pflanzenzahlen zu korrigieren und damit die umweltbedingte Korrelation zwischen der Anzahl der

Pflanzen und dem Ertrag zu beseitigen, wurden nur in diesem Jahr die Erträge mit folgender Formel korrigiert:

$$\text{TME} = \text{TME}^* + (\text{SP} - \text{IP}) \times \text{KF} \times \text{TME}^*/\text{IP}$$

TME	= korrigierter Trockenmasseertrag
TME*	= tatsächlich geernteter Trockenmasseertrag
SP	= Soll-Pflanzenanzahl, also die angestrebte Anzahl der Pflanzen in einer Parzelle
IP	= Ist-Pflanzenanzahl, also die tatsächliche Anzahl der Pflanzen in einer Parzelle
KF	= Korrekturfaktor

Der Korrekturfaktor wurde verwendet um zu berücksichtigen, dass weniger Pflanzen zwar insgesamt einen geringeren Ertrag bedeuten, aber theoretisch den vorhandenen Pflanzen dadurch mehr Platz und Ressourcen zur Verfügung stehen, um höhere Erträge pro Pflanze zu realisieren. Dieser wurde so gewählt, dass keine Korrelation zwischen der Anzahl der Pflanzen und dem Ertrag mehr vorhanden war. Im Falle des Maises betrug dieser Wert 0,25. Für die Bohnen wurde dagegen ein Korrekturfaktor von 1,0 ermittelt. Wenn im Ergebnisteil dieser Arbeit somit von Trockenmasseerträgen die Rede ist, so ist für das Versuchsjahr 2015 stets der um die Pflanzenanzahl korrigierte Trockenmasseertrag gemeint. In den Versuchsjahren 2016 und 2017 konnten aber immer alle angestrebten Pflanzenzahlen erreicht werden, wodurch keine Korrektur der Ertragsdaten notwendig war. Hier entsprechen die angegebenen Erträge somit den tatsächlich geernteten Erträgen.

2.2.5.2 Weitere Merkmale der Stangenbohnen

Rank- und Blühbeginn sowie Blühende der Stangenbohnen

In den Versuchsjahren 2016 und 2017 wurde der Zeitpunkt, an dem die Stangenbohnenpflanzen mit ihren Ranken die Maispflanze erreichten erfasst. Dies wird im Folgenden als Rankbeginn (RankBeg) bezeichnet. In allen drei Versuchsjahren wurde auch der Zeitpunkt erfasst, ab dem mind. 25 % der Blüten entlang der gesamten Parzellenlänge geöffnet waren. Dies wird im Folgenden als Blühbeginn (BlBeg) bezeichnet. In den Jahren 2015 und 2016 wurde ebenfalls das Blühende (BlEnd) als Zeitpunkt, ab dem bereits 75 % der Blütenblätter abgeworfen wurden, notiert. Alle drei genannten Merkmale werden in Tage nach Aussaat (TnA) angegeben.

Chlorophyllgehalt der Stangenbohnen

Der Chlorophyllgehalt der Bohnenblätter wurde indirekt mithilfe eines zerstörungsfreien Chlorophyll-Messgerätes (SPAD 502, Konica Minolta Optics, Inc., Osaka, Japan) in den Versuchsjahren 2015 und 2016 an zwei unterschiedlichen Zeitpunkten gemessen. Pro Parzelle wurden in jeder Reihe fünf Messungen an Bohnenblättern vorgenommen und der Mittelwert aus diesen insgesamt zehn Messungen notiert. Der erste Messzeitpunkt lag etwa einen Monat vor der Ernte und wird im Folgenden mit „frSPAD“ bezeichnet. Der zweite Messzeitpunkt lag unmittelbar vor dem Erntezeitpunkt der Bohnen und wird mit „spSPAD“ betitelt. Die SPAD-Werte werden ohne Einheit angegeben.

Bonitur der Biomasse der Stangenbohnen

In allen Versuchsjahren erfolgte eine Beurteilung der Biomasse der Stangenbohnenpflanzen in jeder Parzelle. Hierfür wurden die Bohnenpflanzen auf der gesamten Länge der Parzellen visuell beurteilt und auf einer Skala von 1 (keine oder nahezu keine Biomasse der Bohnen) bis 9 (extrem hohe Biomasse der Bohnen) bewertet. Die Bonitur wurde an zwei unterschiedlichen Zeitpunkten durchgeführt. Die erste (frBM) erfolgte zu einem Zeitpunkt, an dem die Mehrheit der Stangenbohnsensorten mit der Blüte begonnen hatte. Die spätere Bonitur (spBM) erfolgte unmittelbar vor Ernte der Parzellen.

Stickstoffgehalte der Ernteproben 2017

Die zur Bestimmung des Trockensubstanzgehaltes genommenen und bei maximal 60 °C getrockneten Bohnen-Ganzpflanzenproben des Versuchsjahres 2017 wurden mithilfe einer Grobmühle (SM 300, Retsch GmbH, Haan) sowie einer Feinmühle (ZM 200, Retsch GmbH, Haan) auf 1 mm gemahlen. Anschließend wurde der Stickstoffgehalt der Ernteproben mit einem Elementaranalysator (vario EL cube, Elementar Analysensysteme GmbH, Langenselbold) bestimmt. Der Rohproteingehalt in % wurde dann durch Multiplikation des Stickstoffgehaltes mit dem Faktor 6,25 errechnet (Guzmán-Maldonado *et al.* 2000).

Auf die gleiche Weise wurden zusätzlich Ganzpflanzenproben des Maises einer kompletten Wiederholung der mit Stickstoff gedüngten und nicht mit Stickstoff gedüngten Versuchsvarianten des Standortes Einbeck analysiert.

2.2.6 *Statistische Auswertung*

Die statistische Auswertung der Feldversuchsdaten wurde mithilfe der Statistiksoftware PLABSTAT 3Awin (Utz 2011) durchgeführt. Die Anlage der Versuchspartzellen erfolgte in den Jahren 2015 und 2017 nach einem Gitterdesign. Deshalb konnten hier mittels des Befehls LATTICE die Blockeffekte geschätzt und alle erfassten Merkmale um diese korrigiert werden. Der Versuch aus dem Jahr 2016 wurde als randomisierter Blockversuch angelegt.

Mithilfe des Befehls ANOVA innerhalb der Software PLABSTAT wurden anschließend Varianzanalysen der Daten getrennt nach den Versuchsjahren durchgeführt und die mittleren Abweichungsquadrate (MQ), Varianzkomponenten (VarK) sowie Grenzdifferenzen (GD) bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit für jede Varianzursache ausgegeben. Außerdem erfolgte die Berechnung der Heritabilität im weiteren Sinne als Quotient aus genetischer und phänotypischer Varianz nach Knapp und Bridges (1987) für die Stangenbohnsorten (h^2_B). Für die Feldversuchsjahre 2015 und 2016 wurde auch zusätzlich die Heritabilität über die jeweils acht verwendeten Maissorten (h^2_M) ermittelt. Die Korrelationen der einzelnen Merkmale untereinander wurden mithilfe des Korrelationskoeffizienten nach Pearson berechnet.

Da in jedem Versuchsjahr ein unterschiedlicher Versuchsaufbau realisiert wurde und auch eine abweichende Anzahl von Standorten in die Auswertung einging, ergaben sich folglich für die Varianzanalyse für jedes Versuchsjahr andere Modelle. Da auch in jedem Jahr zu einem überwiegenden Teil unterschiedliche Mais- sowie Stangenbohnsorten verwendet wurden, konnte eine Auswertung über mehrere Jahre nicht realisiert werden. Die biometrischen Modelle für den Befehl ANOVA für die einzelnen Versuchsjahre ergaben sich deshalb folgendermaßen:

2015

Im ersten Versuchsjahr wurde ein unorthogonales Versuchsdesign gewählt. Dies bedeutet in diesem Fall, dass vier der insgesamt acht Maissorten mit allen zwölf Stangenbohnsorten angebaut wurden. Die restlichen vier Maissorten wurden nur mit einer Auswahl von vier Stangenbohnsorten angebaut. Aus diesem Grund erfolgte die Auswertung der Versuchsdaten hier in zwei getrennten Datensätzen. Der erste Datensatz enthielt die Kombinationen von acht Maissorten mit jeweils vier Stangenbohnen. Der zweite Datensatz enthielt die Kombinationen von vier Maissorten mit jeweils zwölf Stangenbohnsorten. Für beide Datensätze wurden dieselben biometrischen Modelle verwendet.

Zu allererst wurden alle Standorte getrennt voneinander verrechnet. Das biometrische Modell für jeden einzelnen Standort, in dem alle Faktoren als fixe Faktoren angenommen wurden, ergab sich dann folgendermaßen:

$$x_{ijk} = \mu + m_i + b_j + w_k + mb_{ij} + e_{ijk}$$

x_{ijk} = Beobachtungswert der i-ten Maissorte in Kombination mit der j-ten Stangenbohnsorte in der k-ten Wiederholung

μ = Versuchsmittelwert

m_i = Effekt der i-ten Maissorte

b_j = Effekt der j-ten Stangenbohnsorte

w_k = Effekt der k-ten Wiederholung

mb_{ij} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte und j-ter Stangenbohnsorte

e_{ijk} = Restfehler

Für die Berechnung der Varianzanalyse über beide Standorte wurde der Faktor „Standort“ als zufälliger Faktor hinzugefügt. Alle anderen blieben als fixe Faktoren definiert:

$$x_{ijkl} = \mu + m_i + b_j + o_k + w_{lk} + mb_{ij} + mo_{ik} + bo_{jk} + mbo_{ijk} + e_{ijkl}$$

x_{ijkl} = Beobachtungswert der i-ten Maissorte in Kombination mit der j-ten Stangenbohnsorte am k-ten Standort in der l-ten Wiederholung

μ = Versuchsmittelwert

m_i = Effekt der i-ten Maissorte

b_j = Effekt der j-ten Stangenbohnsorte

o_k = Effekt des k-ten Standortes

w_{lk} = Effekt der l-ten Wiederholung innerhalb des k-ten Standortes

mb_{ij} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte und j-ter Stangenbohnsorte

mo_{ik} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte und k-tem Standort

bo_{jk} = Interaktionseffekt zwischen j-ter Stangenbohnsorte und k-tem Standort

mbo_{ijk} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte, j-ter Stangenbohnsorte und k-tem Standort

e_{ijkl} = Restfehler

2016

Im zweiten Versuchsjahr konnten lediglich Daten von nur einem Standort zur Auswertung verwendet werden. Im Unterschied zu den Versuchsjahren 2015 und 2017 wurden hier jedoch zwei verschiedene Saatzeitpunkte der Stangenbohnen realisiert. Dies wurde in dem biometrischen Modell wie folgt berücksichtigt, bei dem alle Faktoren als fix definiert wurden:

$$x_{ijkl} = \mu + m_i + b_j + s_k + w_l + mb_{ij} + ms_{ik} + bs_{jk} + mbs_{ijk} + e_{ijkl}$$

x_{ijkl} = Beobachtungswert der i-ten Maissorte in Kombination mit der j-ten Stangenbohnsorte zum k-ten Saatzeitpunkt der Stangenbohnen in der l-ten Wiederholung

μ = Versuchsmittelwert

m_i = Effekt der i-ten Maissorte

b_j = Effekt der j-ten Stangenbohnsorte

s_k = Effekt des k-ten Saatzeitpunktes der Stangenbohnen

w_l = Effekt der l-ten Wiederholung

mb_{ij} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte und j-ter Stangenbohnsorte

ms_{ik} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte und k-tem Saatzeitpunkt der Bohnen

bs_{jk} = Interaktionseffekt zwischen j-ter Stangenbohnsorte und k-tem Saatzeitpunkt

mbs_{ijk} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte, j-ter Stangenbohnsorte und k-tem Saatzeitpunkt der Stangenbohnen

e_{ijkl} = Restfehler

2017

Für das dritte und damit letzte Versuchsjahr konnten Daten aus allen drei Versuchsstandorten in die Auswertung aufgenommen werden. Da an zwei Standorten alle Prüfglieder zusätzlich auch ohne Stickstoffdüngung getestet wurden, ergaben sich insgesamt fünf Umwelten.

Auch hier wurden zunächst alle Umwelten getrennt voneinander verrechnet. Dabei wurden alle Faktoren als fix angenommen. Das biometrische Modell zur Durchführung der Varianzanalyse entsprach in diesem Fall dem der einzelnen Standorte aus dem ersten Feldversuchsjahr 2015.

Für die Durchführung der Varianzanalyse über alle Umwelten wurde der Faktor „Umwelt“ in das Modell aufgenommen. Da die Umwelten auch unterschiedliche Düngevarianten enthielten, wurde der Faktor „Umwelt“ ebenso wie die restlichen Faktoren als fixer Faktor definiert. Das biometrische Modell ergab sich somit wie folgt:

$$x_{ijkl} = \mu + m_i + b_j + u_k + w_{lk} + mb_{ij} + mu_{ik} + bu_{jk} + mbu_{ijk} + e_{ijkl}$$

x_{ijkl} = Beobachtungswert der i-ten Maissorte in Kombination mit der j-ten Stangenbohnsorte in der k-ten Umwelt und l-ten Wiederholung

μ = Versuchsmittelwert

m_i = Effekt der i-ten Maissorte

b_j = Effekt der j-ten Stangenbohnsorte

u_k = Effekt der k-ten Umwelt

w_{lk} = Effekt der l-ten Wiederholung innerhalb der k-ten Umwelt

mb_{ij} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte und j-ter Stangenbohnsorte

mu_{ik} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte und k-ter Umwelt

bu_{jk} = Interaktionseffekt zwischen j-ter Stangenbohnsorte und k-ter Umwelt

mbu_{ijk} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte, j-ter Stangenbohnsorte und k-ter Umwelt

e_{ijkl} = Restfehler

In einem weiteren Schritt wurde der Faktor „Umwelt“ noch in die Faktoren „Standort“ und „Düngungsstufe“ unterteilt. Daten aus dem Standort Wiebrechtshausen konnten in diesem Falle nicht mit einbezogen werden, da hier nur eine gedüngte Versuchsvariante vorhanden war. Das resultierende biometrische Modell ergab sich folgendermaßen:

$$x_{ijklm} = \mu + m_i + b_j + o_k + d_l + w_{mkl} + mb_{ij} + mo_{ik} + md_{il} + bo_{jk} + bd_{jl} + od_{kl} + mbo_{ijk} + mbd_{ijl} + bod_{jkl} + mod_{ikl} + mbod_{ijkl} + e_{ijklm}$$

x_{ijklm} = Beobachtungswert der i-ten Maissorte in Kombination mit der j-ten Stangenbohnsorte am k-ten Standort sowie in der l-ten Düngungsstufe und der m-ten Wiederholung

μ = Versuchsmittelwert

m_i = Effekt der i-ten Maissorte

b_j = Effekt der j-ten Stangenbohnsorte

o_k = Effekt des k-ten Standortes

d_l = Effekt der l-ten Düngungsstufe

w_{mkl} = Effekt der m-ten Wiederholung innerhalb des k-ten Standortes und der l-ten Düngungsstufe

- mb_{ij} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte und j-ter Stangenbohnsorte
- mo_{ik} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte und k-tem Standort
- md_{il} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte und l-ter Düngungsstufe
- bo_{jk} = Interaktionseffekt zwischen j-ter Stangenbohnsorte und k-tem Standort
- bd_{jl} = Interaktionseffekt zwischen j-ter Stangenbohnsorte und l-ter Düngungsstufe
- od_{kl} = Interaktionseffekt zwischen k-tem Standort und l-ter Düngungsstufe
- mbo_{ijk} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte, j-ter Stangenbohnsorte und k-tem Standort
- mbd_{ijl} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte, j-ter Stangenbohnsorte und l-ter Düngungsstufe
- bod_{jkl} = Interaktionseffekt zwischen j-ter Stangenbohnsorte, k-tem Standort und l-ter Düngungsstufe
- mod_{ikl} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte, k-tem Standort und l-ter Düngungsstufe
- $mbod_{ijkl}$ = Interaktionseffekt zwischen i-ter Maissorte, j-ter Stangenbohnsorte, k-tem Standort und l-ter Düngungsstufe
- e_{ijklm} = Restfehler

Ein Vergleich der Ertragsdaten des Mischanbaus mit denen des Mais-Reinanbaus erfolgte als Varianzanalyse für unbalancierte Daten mithilfe des Befehls „Anova“ innerhalb des Pakets „car“ des Statistikprogramms R (R Core Team 2017). Ebenfalls in R wurden Boxplots mit dem Befehl „boxplot“ sowie „ggplot“ innerhalb des Pakets „ggplot2“ erstellt.

2.3 Ergebnisse

Über drei Versuchsjahre wurden diverse Maissorten in Kombination mit einer Reihe unterschiedlicher Stangenbohnsorten sowie im Reinanbau mit 7,5 sowie 10 Pflanzen/m² angebaut. Eine Auswertung über mehrere Versuchsjahre ist jedoch nur eingeschränkt möglich, da keine der Mais/Bohnen-Kombinationen in allen drei Versuchsjahren und nur sehr wenige in zwei Versuchsjahren vorkamen. Zudem wurde jedes Jahr ein anderes Versuchsdesign verwendet (vgl. Tabelle 1, Seite 11). Aus diesem Grund werden im Folgenden alle Versuchsjahre zunächst getrennt voneinander betrachtet. Abschließend wird versucht, Ergebnisse aus allen drei Versuchsjahren zusammenzufassen.

2.3.1 *Erstes Feldversuchsjahr 2015*

Aufgrund des unorthogonalen Versuchsdesigns erfolgte die Auswertung in zwei unterschiedlichen Datensätzen. Nachdem ein kurzer Überblick über das gesamte Versuchsjahr gegeben wurde, werden ausführliche Ergebnisse deshalb nachfolgend entweder in Bezug auf den ersten Datensatz, welcher die Kombinationen aus acht Maissorten mit vier Stangenbohnsorten enthält, oder in Bezug auf den zweiten Datensatz, der vier Maissorten in Kombination mit zwölf verschiedenen Stangenbohnsorten enthält, präsentiert. Aus dem Versuchsjahr 2015 konnten Daten von zwei Standorten ausgewertet werden.

2.3.1.1 Vergleich der Mischanbauten

Im Versuchsjahr 2015 konnten die Mischanbauten von Mais und Stangenbohnen insgesamt über beide Standorte einen Gesamt-Trockenmasseertrag von 196,92 dt/ha erzielen (siehe Tabelle 6). Mit einem durchschnittlichen Bohnen-Trockenmasseertrag von 19,89 dt/ha lieferten die Bohnen damit etwa 10 % des Gemengeertrages. Der maximale Anteil der Bohnen an der Gesamtmasse einer Mais/Bohnen-Parzelle lag 2015 bei 24,12% und der maximale Gesamt-Trockenmasseertrag einer Kombination bei 257,02 dt/ha. Der durchschnittliche Trockensubstanzgehalt des Maises zum Erntezeitpunkt lag bei 31,61 %, wohingegen die Stangenbohnen hier einen deutlich niedrigeren Wert von nur 16,23 % erreichten. Der Trockensubstanzgehalt des gesamten Gemenges sank dementsprechend auf einen Durchschnittswert von 28,13 %. Wie in Tabelle 6 aufgeführt gab es zudem für alle Ertragsmerkmale sowie alle weiteren an den Stangenbohnen erfassten Merkmale eine große Variation.

Tabelle 6: Übersicht über Minima, Mittelwerte und Maxima aller erfassten Merkmale über beide Standorte und beide Datensätze des ersten Versuchsjahres 2015.

	TME-M (dt/ha)	TME-B (dt/ha)	TME-G (dt/ha)	ABT (%)	TSG-M (%)	TSG-B (%)	TSG-G (%)
Minimum	115.45	5.21	131.09	2.07	25.53	9.90	22.55
Mittelwert	180.54	19.89	196.92	9.97	31.61	16.23	28.13
Maximum	256.89	39.49	257.02	24.12	44.26	22.10	44.14
	BlBeg (TnA)	BlEnd (TnA)	frSPAD	spSPAD	frBM	spBM	
Minimum	67.79	74.74	31.72	16.67	1.00	0.99	
Mittelwert	88.59	107.41	36.07	26.66	3.83	4.67	
Maximum	115.75	134.30	40.78	37.87	7.09	9.29	

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, ABT = Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, BlBeg = Blühbeginn der Bohnen, BlEnd = Blühende der Bohnen, frSPAD = frühe SPAD-Messung, spSPAD = späte SPAD-Messung, frBM = frühe Bonitur der Biomasse, spBM = späte Bonitur der Biomasse

Die Ursachen dieser Variation für die Ertragsmerkmale über beide Standorte sind in Tabelle 7 angegeben. Für alle weiteren Merkmale sind die ermittelten Varianzkomponenten sowie Heritabilitäten in der Tabelle 36 und 37 im Anhang zu finden. Betrachtet man die Kombination von acht Maissorten mit vier Stangenbohnsensorten wurden alle Ertragsmerkmale hoch signifikant von der Maissorte beeinflusst und es ergaben sich hier hohe Heritabilitäten. Auffallend ist dabei, dass selbst der Bohnen-Trockenmasseertrag sowie auch die späte visuelle Biomassebonitur bei den Bohnen (spBM) eine hohe Heritabilität bezogen auf die Maissorte besaßen. Die Stangenbohnsorte übte dagegen nur in dem Datensatz, der zwölf verschiedene Stangenbohnsensorten beinhaltete, signifikant einen Einfluss auf den Bohnen-Trockenmasseertrag aus. Betrachtet man hier die Heritabilitäten über die Stangenbohnsensorten, so ergaben sich ein hoher Wert für den Bohnen-Trockenmasseertrag und ein mittlerer Wert für den Mais-Trockenmasseertrag. Für den Gesamt-Trockenmasseertrag dagegen wurde eine Heritabilität von 0,00 ermittelt. Merkmale, die ausschließlich an den Stangenbohnen erfasst wurden besaßen dagegen erwartungsgemäß hohe Heritabilitäten.

Anhand der Varianzkomponenten lässt sich zudem erkennen, dass alle drei Ertragsmerkmale insbesondere und noch vor allen anderen Varianzursachen von dem Standort beeinflusst wurden. Interaktionseffekte zwischen der Maissorte und dem Standort übten zudem zusätzlich einen hoch signifikanten Einfluss auf alle Ertragsmerkmale aus. Da auch die Stangenbohnen hinsichtlich des Bohnen-Trockenmasseertrages signifikant mit dem Standort interagierten ist es hier sinnvoll, die Standorte getrennt voneinander zu betrachten. Dadurch wird eine Beurteilung des Leistungsniveaus der Mais- und Stangenbohnsensorten erleichtert.

Tabelle 7: Ergebnisse der ANOVA für die Ertragsmerkmale über beide Standorte des Versuchsjahres 2015.

8 Maissorten x 4 Stangenbohnsensorten										
Varianz- ursache	TME-M				TME-B				TME-G	
	FG	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD
O	1	11545.35	178.29**	4.10	9756.65	152.29**	1.14	44048.09	686.40**	3.85
B	3	559.31	14.88+	7.25	10.27	-0.26	3.42	527.46	12.61	8.86
M	7	7532.24	414.33**	25.12	179.47	9.73**	4.08	5870.84	326.64**	21.23
W:O	2	1596.48	45.69**	5.80	37.77	0.86*	1.61	1658.20	48.12**	5.44
B x O	3	83.03	-3.22	8.20	18.52	0.51	2.28	123.95	0.34	7.69
M x O	7	902.95	96.05**	11.59	23.85	1.68*	3.22	644.64	65.77**	10.88
B x M	21	161.43	-30.29	24.72	19.52	2.61*	4.43	176.01	-14.41	22.48
B x M x O	21	282.59	74.03*	23.19	9.07	-0.66	6.44	233.67	57.59*	21.76
Rest	62	134.53	134.53		10.39	10.39		118.49	118.49	
h^2_M			88.01			86.71			89.02	

4 Maissorten x 12 Stangenbohnsensorten										
Varianz- ursache	TME-M				TME-B				TME-G	
	FG	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD
O	1	31729.22	328.91**	3.56	10214.17	106.26**	1.04	81438.39	846.84**	3.41
B	11	433.53	13.99	11.27	171.63	8.05*	5.09	248.06	-0.03	12.27
M	3	5346.56	64.87	30.69	728.98	12.48+	7.41	2081.49	20.30	21.61
W:O	2	2091.04	40.36**	5.03	53.55	0.84*	1.47	1507.64	28.46**	4.82
B x O	11	209.63	6.97	12.32	42.85	3.71**	3.61	248.49	13.36+	11.81
M x O	3	2232.67	86.62**	7.11	130.04	4.87**	2.08	1107.03	40.23**	6.82
B x M	33	178.72	-42.55	26.87	18.15	0.46	5.81	228.76	-32.51	27.25
B x M x O	33	348.93	97.51**	24.63	16.31	1.56	7.21	358.79	108.59**	23.63
Rest	94	153.91	153.91		13.20	13.20		141.61	141.61	
h^2_B			51.64			75.03			0.00	

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, O = Standort, B = Stangenbohnsorte, M = Maissorte, W:O = Wiederholung innerhalb eines Standortes, h^2_M = Heritabilität der Maissorte, h^2_B = Heritabilität der Stangenbohnsorte, FG = Freiheitsgrad, MQ = mittlere Abweichungsquadrate, VarK = Varianzkomponente, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, +, *, ** = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

Im Folgenden werden deshalb die Ergebnisse des Feldversuchs 2015 für die Standorte Einbeck und Göttingen getrennt voneinander betrachtet. Dadurch kann besser berücksichtigt werden, dass vor allem am Standort Göttingen ungewöhnlich trockene Bedingungen im Frühsommer das Wachstum sowohl des Maises aber vor allem der Stangenbohnen sehr stark beeinträchtigt. Über beide Datensätze konnte am Standort Einbeck im Durchschnitt ein Gesamt-Trockenmasseertrag von 216,65 dt/ha bei einem Mais-Trockenmasseertrag von 188,43 dt/ha und einem Bohnen-Trockenmasseertrag von 27,62 dt/ha erreicht werden. Dies entspricht im Mittel einem Anteil von etwa 13 % Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse. Am Standort Göttingen waren die Erträge dagegen weitaus geringer. Hier konnte über alle Kombinationen ein Gesamt-Trockenmasseertrag von 178,05 dt/ha bei einem Mais-Trockenmasseertrag von 165,92 dt/ha und einem Bohnen-Trockenmasseertrag von 12,15 dt/ha erzielt werden. Dies entsprach wiederum einem Bohnenanteil von nur knapp 7 %.

Betrachtet man die Ergebnisse der ANOVA für die Standorte getrennt voneinander, so ergibt sich ein leicht abgewandeltes Bild im Vergleich zur Betrachtung über beide Standorte. Bei Berücksichtigung des ersten Datensatzes, welcher acht Maissorten und vier Stangenbohnsorten beinhaltet, wurden die Ertragsmerkmale in erster Linie von der Wahl der Maissorte beeinflusst (siehe Tabelle 8). Über alle Ertragsmerkmale und beide Standorte ergaben sich sehr hohe Heritabilitäten (h^2_M). Die Stangenbohnsorte wiederum bestimmte am Standort Einbeck signifikant den Mais-Trockenmasse- und auch Gesamt-Trockenmasseertrag. Im Bohnen-Trockenmasseertrag unterschieden sich hier die vier Stangenbohnsorten dagegen nicht. Am Standort Göttingen übte die Wahl der Stangenbohnsorte auf keines der Ertragsmerkmale einen Einfluss aus. Signifikante Interaktionseffekte zwischen Mais- und Stangenbohnsorte konnten zudem nur im Gesamt-Trockenmasseertrag am Standort Göttingen beobachtet werden.

Tabelle 8: Ergebnisse der ANOVA für die Ertragsmerkmale der Kombinationen von 8 Maissorten mit 4 Stangenbohnsensorten des Versuchsjahres 2015.

Standort Einbeck										
Varianz- ursache	TME-M				TME-B				TME-G	
	FG	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD
B	3	452.27	22.26**	7.07	15.25	0.10	2.67	498.00	25.75**	6.69
M	7	6550.87	806.84**	10.00	153.64	17.50**	3.77	5023.63	617.21**	9.46
W	1	94.26	-0.06	5.00	74.28	1.90*	1.89	18.49	-2.10	4.73
B x M	21	131.71	17.79	20.00	21.21	3.76	7.54	120.94	17.48	18.91
Rest	31	96.13	96.13		13.68	13.68		85.98	85.98	
h^2_M			98.53			91.09			98.29	

Standort Göttingen										
Varianz- ursache	TME-M				TME-B				TME-G	
	FG	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD
B	3	190.06	1.07	9.48	13.54	0.40	1.92	153.41	0.15	8.86
M	7	1884.32	213.93**	13.41	49.68	5.32**	2.72	1491.85	167.61**	12.53
W	1	3098.73	91.43**	6.70	1.25	-0.18	1.36	3297.92	98.34**	6.27
B x M	21	312.31	69.70+	26.82	7.38	0.14	5.43	288.73	68.87*	25.06
Rest	31	172.92	172.92		7.09	7.09		151.00	151.00	
h^2_M			90.82			85.72			89.88	

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, B = Stangenbohnsorte, M = Maissorte, W = Wiederholung, h^2_M = Heritabilität der Maissorte, FG = Freiheitsgrad, MQ = mittlere Abweichungsquadrate, VarK = Varianzkomponente, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, +, *, ** = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

Abweichende Varianzursachen ergaben sich aber, wenn man den Datensatz betrachtet, der zwölf Stangenbohnsensorten beinhaltet (siehe Tabelle 9). Für beide Standorte konnten hoch signifikante Unterschiede zwischen den Stangenbohnsensorten im Bohnen-Trockenmasseertrag beobachtet werden. Zudem beeinflusste die Wahl der Stangenbohnsorte auch den Mais-Trockenmasseertrag im Mischbau, am Standort Göttingen zusätzlich auch den Gesamt-Trockenmasseertrag des Gemenges. Letzterer wurde an beiden Standorten zudem signifikant durch die Interaktion von Mais- und Stangenbohnsorte beeinflusst. Somit existierten an beiden Standorten im Gesamt-Trockenmasseertrag überlegene Mais/Stangenbohnen-Kombinationen. In der ANOVA über beide Standorte (siehe Tabelle 7) war dieser Interaktionseffekt nicht vorhanden; dagegen besaß aber die Wechselwirkung aus Maissorte, Stangenbohnsorte und Standort eine hoch signifikante Bedeutung. Dies lässt darauf schließen, dass

es keine generelle, sondern nur eine standortspezifische optimale Sortenkombination aus Mais und Stangenbohnen für den Gesamt-Trockenmasseertrag des Gemenges gab. Für den Bohnen-Trockenmasseertrag existierte dagegen solch eine eindeutig überlegene Sortenkombination an keinem der Standorte.

Tabelle 9: Ergebnisse der ANOVA für die Ertragsmerkmale der Kombinationen von 4 Maissorten mit 12 Stangenbohnsensorten des Versuchsjahres 2015.

Standort Einbeck										
Varianz- ursache	TME-M				TME-B				TME-G	
	FG	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD
B	11	262.27	14.78+	12.07	172.21	19.32**	4.22	140.09	3.85	10.51
M	3	6890.87	281.12**	6.97	714.40	29.03**	2.44	2965.50	119.01**	6.07
W	1	483.39	7.07+	4.93	43.66	0.54	1.72	287.39	3.71	4.29
B x M	33	186.90	21.45	24.14	23.67	3.02	8.45	244.78	67.76**	21.03
Rest	47	143.99	143.99		17.64	17.64		109.26	109.26	
h^2_B			45.10			89.76			22.01	

Standort Göttingen										
Varianz- ursache	TME-M				TME-B				TME-G	
	FG	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD
B	11	380.90	27.14*	12.87	42.27	4.19**	2.98	356.45	22.81*	13.27
M	3	688.36	21.86*	7.43	144.62	5.66**	1.72	223.02	2.04	7.66
W	1	3698.68	73.64**	5.26	63.44	1.14**	1.22	2727.89	53.21**	5.42
B x M	33	340.76	88.46*	25.75	10.80	1.02	5.95	342.77	84.40*	26.53
Rest	47	163.83	163.83		8.76	8.76		173.96	173.96	
h^2_B			56.99			79.27			51.20	

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, B = Stangenbohnsensorte, M = Maissorte, W = Wiederholung, h^2_B = Heritabilität der Stangenbohnsensorte, FG = Freiheitsgrad, MQ = mittlere Abweichungsquadrate, VarK = Varianzkomponente, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, +, *, ** = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

Die Beurteilung der Varianzursachen verdeutlichte, dass sowohl die Wahl der Maissorte (in dem Datensatz mit acht verschiedenen Maissorten) als auch die Wahl der Stangenbohnsorte (in dem Datensatz mit zwölf verschiedenen Stangenbohnsorten) zu einem erheblichen Teil die Ertragsunterschiede zwischen den Mais/Stangenbohnen-Kombinationen erklärten. Im Folgenden soll deshalb speziell auf die Leistungen der einzelnen Sorten im Misanbau eingegangen werden. Hierfür wird für den Vergleich der Maissorten zunächst der Datensatz, welcher acht Maissorten in Kombination mit vier Stangenbohnsorten beinhaltet, verwendet. Für die Betrachtung der Unterschiede zwischen den Stangenbohnsorten wird dagegen auf den Datensatz zurückgegriffen, welcher den Anbau von vier Maissorten mit insgesamt zwölf Stangenbohnsorten dokumentiert.

Wie in Tabelle 10 ersichtlich reichte der Gesamt-Trockenmasseertrag von 159,68 dt/ha bzw. 144,60 dt/ha bei einem Anteil der Bohnenmasse an der Trockenmasse von 23,08 % bzw. 10,94 % für die Maissorte 'Fabregas' bis hin zu einem Gesamt-Trockenmasseertrag von 238,45 dt/ha bzw. 183,01 dt/ha bei einem Anteil der Bohnenmasse an der Gesamtmasse von 9,90 % bzw. 5,48 % für die Experimentalhybride 'KXB5173'. Auffallend ist dabei, dass sowohl im Mais-Trockenmasseertrag wie auch im Gesamt-Trockenmasseertrag spätreifere Maissorten gegenüber den früheren Sorten überlegen waren (vgl. Tabelle 2, Seite 12). Obwohl von den KXB-Experimentalhybriden keine Reifegruppen bekannt sind, lässt sich anhand des Mais-Trockensubstanzgehaltes zum Erntezeitpunkt darauf schließen, dass diese einer sehr späten Reifegruppe angehören müssen. 'Fabregas', die Maissorte mit der niedrigsten FAO-Zahl, erzielte an beiden Standorten auch den niedrigsten Mais- und Gesamt-Trockenmasseertrag und unterschied sich damit signifikant von allen anderen Maissorten. In Abbildung 5 sind diese Unterschiede in den Ertragsmerkmalen dargestellt. Die höchsten Mais- und Gesamt-Trockenmasseerträge konnten am Standort Einbeck mit den Maissorten 'KXB5171' und 'KXB5173' erzielt werden. Beide Maissorten unterschieden sich nicht signifikant voneinander, jedoch signifikant von den restlichen. Am Standort Göttingen waren die Ertragsunterschiede aber weitaus geringer, wodurch sich die Maissorten mit den höchsten Mais- und Gesamt-Trockenmasseerträgen (KXB5171, KXB5172, KXB5173, Walterinio KWS, KWS Figaro und Fernandez) nicht signifikant voneinander unterschieden. Lediglich 'Fabregas' und 'Frederico KWS' verzeichneten signifikant geringere Mais- und Gesamttrockenmasseerträge.

Betrachtet man die Bohnen-Trockenmasseerträge und den Anteil des Bohnenertrages an dem Gesamtertrag (siehe Tabelle 10), so zeigte sich jedoch ein umgekehrtes Bild. Hier konnten in Kombination mit der Maissorte 'Fabregas' mit durchschnittlich 37,16 dt/ha am Standort Einbeck und 15,73 dt/ha am Standort Göttingen die höchsten Bohnen-Trockenmasseerträge erzielt werden. Auch der Anteil des Bohnenertrages am Gesamtertrag war hier am höchsten und unterschied sich damit signifikant von den Misanbaukombinationen mit anderen Maissorten.

Tabelle 10: Mittelwerte der Trockenmasseerträge und Trockensubstanzgehalte der einzelnen Maissorten über 4 verschiedene Stangenbohnsensorten des Versuchsjahres 2015.

	TME-M (dt/ha)	TME-B (dt/ha)	TME-G (dt/ha)	ABT (%)	TSG-M (%)	TSG-B (%)	TSG-G (%)
Standort Einbeck							
<i>GD</i>	<i>10.00</i>	<i>3.77</i>	<i>9.46</i>	<i>1.19</i>	<i>1.60</i>	<i>0.86</i>	<i>1.24</i>
<i>Mittelwert</i>	<i>180.01</i>	<i>29.56</i>	<i>210.17</i>	<i>14.59</i>	<i>36.06</i>	<i>14.90</i>	<i>27.11</i>
Fernandez	174.18	32.65	206.71	16.16	38.25	15.28	28.21
KXB5171	206.59	25.11	231.82	11.03	32.12	15.14	26.56
KXB5172	182.84	31.34	219.43	15.26	29.93	15.58	23.53
KXB5173	214.74	23.68	238.45	9.90	31.08	15.62	26.62
Frederico KWS	167.90	27.81	195.65	14.19	40.97	14.07	30.00
Walterinio KWS	197.81	27.56	225.46	11.93	33.39	14.86	27.00
KWS Figaro	173.23	31.20	204.17	15.19	40.77	14.22	29.45
Fabregas	122.84	37.16	159.68	23.08	42.00	14.42	25.54
Standort Göttingen							
<i>GD</i>	<i>13.41</i>	<i>2.72</i>	<i>12.53</i>	<i>1.74</i>	<i>1.03</i>	<i>1.19</i>	<i>1.05</i>
<i>Mittelwert</i>	<i>161.02</i>	<i>12.10</i>	<i>173.07</i>	<i>7.15</i>	<i>29.81</i>	<i>17.74</i>	<i>28.62</i>
Fernandez	158.80	15.24	173.92	8.85	29.22	17.11	27.89
KXB5171	172.88	8.53	181.39	4.78	27.87	18.33	27.32
KXB5172	172.90	11.83	184.53	6.32	27.82	17.85	26.98
KXB5173	173.46	9.89	183.01	5.48	26.78	18.01	26.25
Frederico KWS	151.00	10.57	161.88	6.70	33.43	17.08	31.70
Walterinio KWS	168.96	12.55	181.38	6.99	28.58	17.64	27.59
KWS Figaro	161.45	12.48	173.84	7.11	29.94	18.41	28.99
Fabregas	128.71	15.73	144.60	10.94	34.87	17.47	32.23

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, ABT = Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit

Die Maishybriden ‘KXB5171‘ und ‘KXB5173‘, welche sehr hohe Mais-Trockenmasseerträge bzw. – in Kombination mit den Stangenbohnen – sehr hohe Gesamt-Trockenmasseerträge erzielten, ermöglichten jedoch an beiden Standorten im Mittel nur die geringsten Bohnen-Trockenmasseerträge. Auch der Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse war hier mit 11,03 % und 9,90 %

bzw. 4,78 % und 5,48 % am geringsten. In Abbildung 5 ist zudem zu erkennen, dass sich hinsichtlich des Bohnen- und Gesamt-Trockenmasseertrages die beiden Standorte zwar deutlich unterschieden, die Reihenfolge der Maissorten innerhalb eines Standortes dagegen kaum. Die besten bzw. schlechtesten Sorten blieben dies nahezu konstant über beide Standorte.

Ein wichtiger Aspekt für die Nutzung des Gemenges als Silage ist zudem dessen Silierfähigkeit. Hierfür darf ein Trockensubstanzgehalt von ca. 30 % nicht unterschritten werden. Betrachtet man zunächst (wie in Tabelle 10 aufgeführt) die Mais-Trockensubstanzgehalte der einzelnen Maissorten, so zeigt sich, dass am Standort Einbeck alle Maissorten im Durchschnitt dieses Kriterium erfüllten. Am Standort Göttingen war der Erntetermin dagegen für den Großteil der Maissorten zu früh. Lediglich 'Fabregas' und 'Frederico KWS' hatten hier einen Trockensubstanzgehalt von mindestens 30 %. Der durchschnittliche Bohnen-Trockensubstanzgehalt der mit den Maissorten angebauten Stangenbohnen variierte dagegen bezogen auf die Maissorte kaum. Mit 14,90 % bzw. 17,74 % waren diese Werte im Mittel stets sehr niedrig. Dies führte dazu, dass der Trockensubstanzgehalt des gesamten Gemenges erheblich gesenkt wurde. Am Standort Einbeck, an dem generell ein deutlich höherer Anteil der Bohnen an dem Gemenge im Vergleich zum Standort Göttingen realisiert wurde, führte dies zum Teil zu einer drastischen Absenkung des Trockensubstanzgehaltes des Erntegutes. Für die Maissorte 'Fabregas', welche die höchsten Bohnenerträge ermöglichte, sank der Trockensubstanzgehalt beispielsweise von 42,00 % im Reinanbau auf nur 25,54 % für dessen Mischanbau mit Stangenbohnen. Mit Ausnahme der Mischanbauten mit der Sorte 'Frederico KWS' konnte dadurch im Mittel über die vier Stangenbohnsensorten für kein Gemenge ein ausreichend hoher Wert erreicht werden.

Vergleicht man die Stangenbohnsensorten innerhalb des zweiten Datensatzes miteinander, so ergaben sich hinsichtlich aller erfassten Merkmale ebenfalls signifikante Unterschiede (siehe Tabelle 11 und 12). Am Standort Einbeck reichte der Gesamt-Trockenmasseertrag durchschnittlich von 218,27 dt/ha für die Sorte 'SAT516' bis hin zu 232,59 dt/ha für die Sorte 'SAT519'. Der reine Bohnen-Trockenmasseertrag nahm im Durchschnitt Werte zwischen 15,05 dt/ha für die Sorte 'SAT522' und 34,22 dt/ha für die Sorte 'SAT514' an. Wie in Abbildung 6 verdeutlicht war das Ertragsniveau am Standort Göttingen dagegen wiederum weitaus niedriger. Hier erreichten Kombinationen mit der Stangenbohnsensorte 'SAT513' mit 168,15 dt/ha den niedrigsten und mit der Sorte 'WAV512' mit 189,22 dt/ha den höchsten Gesamt-Trockenmasseertrag. Die reinen Bohnen-Trockenmasseerträge lagen im Durchschnitt wiederum zwischen der Sorte 'SAT522' mit 7,50 dt/ha und der Sorte 'SAT514' mit 16,44 dt/ha. Besonders große Unterschiede zwischen den Stangenbohnsensorten gab es ebenso in dem Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse. Hier erreichte die Sorte 'SAT522' lediglich 6,83 % bzw. 3,89 %. 'SAT514' konnte mit 15,45 % und 8,91 % dagegen die höchsten Werte verzeichnen.

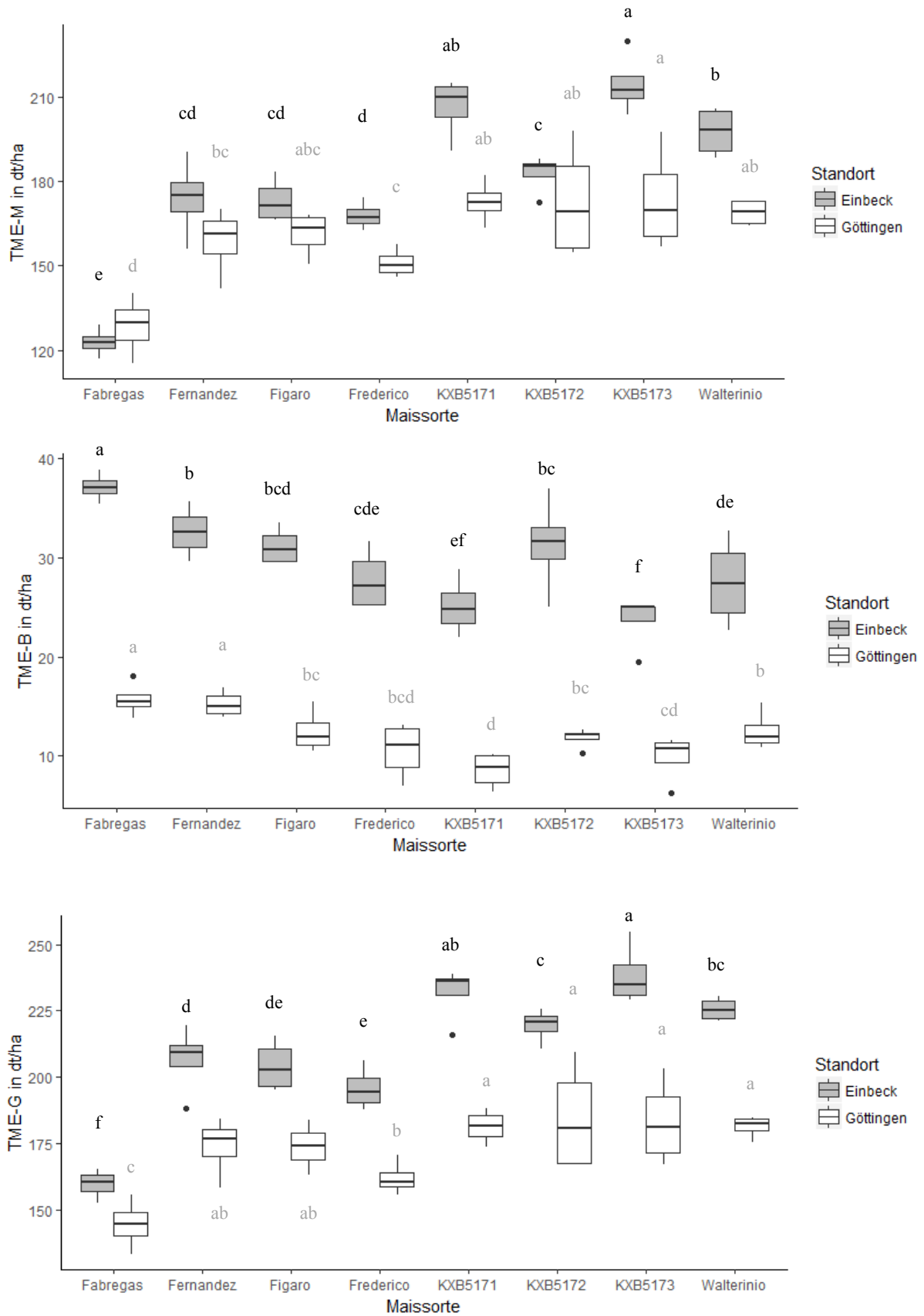


Abbildung 5: Boxplots des Mais-, Bohnen- und Gesamt-Trockenmassetrages der Mais/Bohnen-Kombinationen dargestellt anhand der Unterschiede der Maissorten. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).

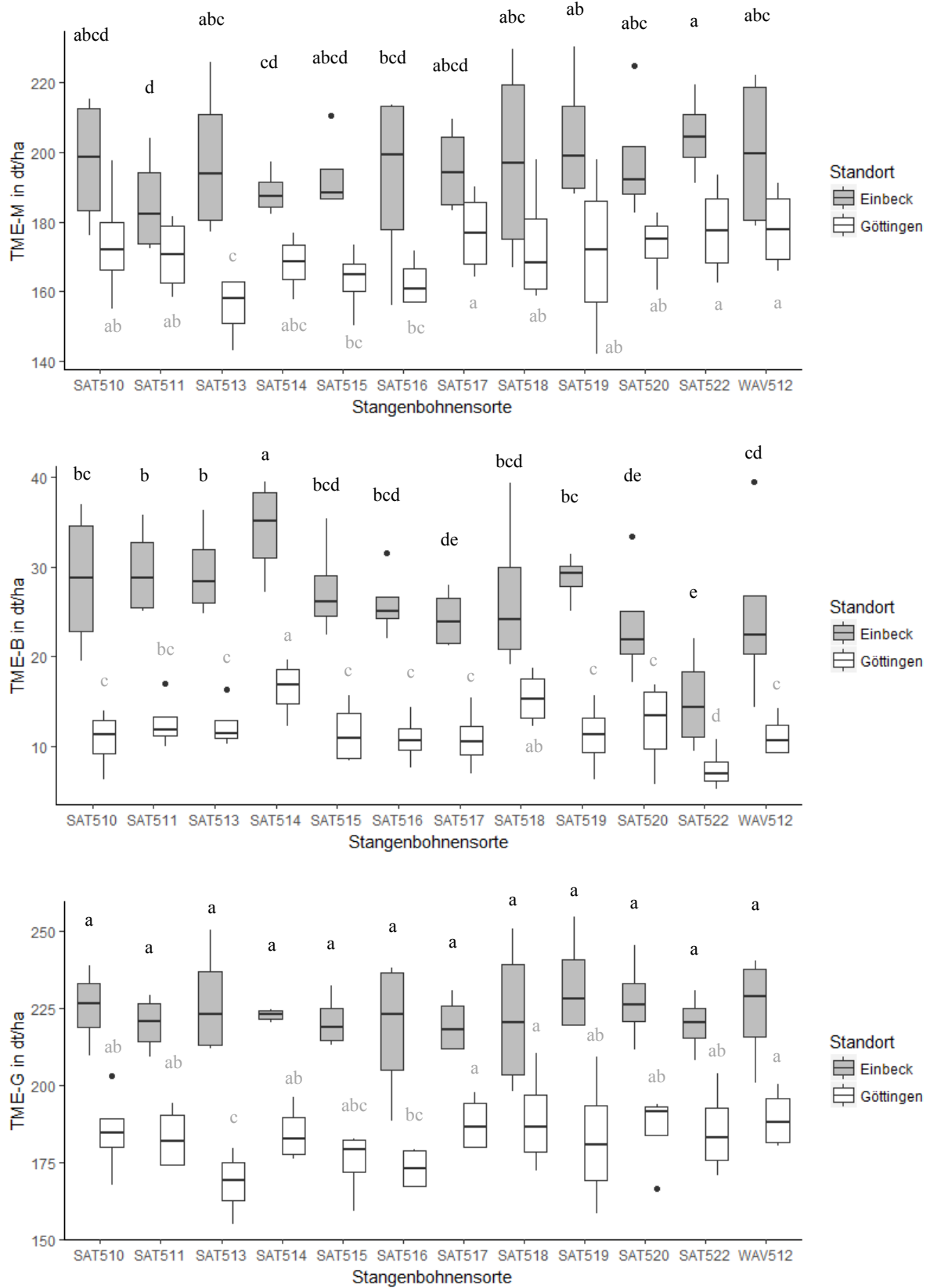


Abbildung 6: Boxplots des Mais-, Bohnen- und Gesamt-Trockenmassertrages der Mais/Bohnen-Kombinationen dargestellt anhand der Unterschiede der Stangenbohnsensorten. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).

Wie in der Abbildung 6 zu sehen unterschieden sich an beiden Standorten jedoch nur wenige der Stangenbohnsorten im Mais-Trockenmasseertrag sowie am Standort Göttingen im gesamt-Trockenmasseertrag ihrer Mischanbauten signifikant voneinander. Am Standort Einbeck gab es im Gesamt-Trockenmasseertrag keine signifikanten Unterschiede zwischen den Stangenbohnsorten. Deutlichere Unterschiede gab es dagegen hinsichtlich des Bohnen-Trockenmasseertrages. Da hier aber dennoch, analog zum Vergleich der Maissorten, die Stangenbohnsorten mit den höheren Bohnen-Trockenmasseerträgen gleichzeitig niedrigere Mais-Trockenmasseerträge und umgekehrt verursachen, glichen sich diese Unterschiede im Gesamt-Trockenmasseertrag nahezu aus.

Auch hinsichtlich der anderen erfassten Merkmale (siehe Tabelle 11 und 12) gab es signifikante Unterschiede zwischen den Stangenbohnsorten. Besonders im Hinblick auf den Zeitpunkt der Blüte, erfasst durch Blühbeginn und Blühende, wichen die Stangenbohnsorten stark voneinander ab. So begann die Sorte 'SAT522' nach durchschnittlich nur 69 bzw. 72 Tagen nach der Aussaat zu blühen und bereits nach nur 77 bzw. 83 Tagen nach der Aussaat waren ca. 75 % aller Blütenblätter abgeworfen. Alle anderen getesteten Stangenbohnsorten begannen erst mindestens 80 bzw. 86 Tage nach der Aussaat mit der Blüte. Zudem dauerte diese hier mit 2 bis 3 Wochen deutlich länger. Die am spätesten blühenden Stangenbohnsorten stellten dabei 'SAT516' sowie 'WAV512' dar. Im Gegensatz zu den Maissorten erzielten hier die spätesten Sorten aber nicht generell die höchsten Bohnen-Trockenmasseerträge. Dagegen erzielte die mit Abstand am frühesten blühende Stangenbohnsorte 'SAT522' aber den mit Abstand niedrigsten Bohnen-Trockenmasseertrag. Betrachtet man die gemessenen SPAD-Werte, so zeigte sich, dass für alle Stangenbohnsorten zum späteren Messzeitpunkt (spSPAD) ein niedrigerer Wert ermittelt wurde, als im Vergleich zum früheren Messzeitpunkt (frSPAD). Am Standort Einbeck war dieser Unterschied jedoch nur gering. Von im Durchschnitt 35,95 über alle Sorten sank der Wert hier auf 31,53 ab. In Göttingen war dieser Unterschied deutlich größer. Hier wurde zunächst über alle Sorten hinweg ein Wert von 36,40 gemessen, im Anschluss dann nur noch von 21,57. Der Grund für diesen niedrigen Wert waren bereits einsetzende Nachtfröste vor dem Erntezeitpunkt in Göttingen. In Einbeck erfolgte die Ernte dagegen zu einem etwas früheren Zeitpunkt, wodurch die Bohnenpflanzen noch keinem Frost ausgesetzt waren. Für die einzelnen Stangenbohnsorten zeigten sich aber keine ungewöhnlich hohen oder niedrigen Werte. Auch bei der Sorte 'SAT522', welche sich zum Erntezeitpunkt als einzige Sorte bereits deutlich in der Abreife befand und gelbliche Blätter aufwies, wurden keine ungewöhnlich niedrigen Werte im Vergleich zu den anderen Stangenbohnsorten gemessen. Das geringe Ertragspotenzial von 'SAT522' ließ sich aber dagegen anhand der visuellen Biomassebonitur schon vor der Ernte erkennen. Am Standort Einbeck war dies die einzige Sorte, welche bei dem späteren Boniturtermin (spBM) einen niedrigeren Wert aufwies als bei dem früheren Boniturtermin (frBM). Alle anderen Sorten verzeichneten dagegen einen Anstieg der Noten. Im Durchschnitt über alle Sorten stieg der Wert von 5,12 auf 6,74. Am Standort Göttingen dagegen wurde der überwiegende Teil der Stangenbohnsorten zum späteren Boniturtermin mit niedrigeren Noten bewertet als bei dem früheren Termin. Der Wert sank hier im Schnitt von 2,35 auf 2,16.

Tabelle 11: Mittelwerte aller erfassten Merkmale der einzelnen Stangenbohnsensorten über 4 verschiedene Maissorten des Versuchsjahres 2015 am Standort Einbeck.

	TME-M (dt/ha)	TME-B (dt/ha)	TME-G (dt/ha)	ABT (%)	TSG-M (%)	TSG-B (%)	TSG-G (%)	BlBeg (TnA)	BlEnd (TnA)	frSPAD	spSPAD	frBM	spBM
GD	12.07	4.22	10.51	1.43	1.68	1.05	1.37	3.69	5.97	1.40	1.53	0.64	0.76
Mittelwert	196.10	26.51	223.45	12.01	32.83	15.51	26.51	83.50	101.80	35.95	31.53	5.12	6.74
SAT510	197.10	28.53	225.49	13.19	33.05	16.72	26.27	87.32	105.56	36.18	32.04	4.49	7.26
SAT511	185.30	29.57	220.07	14.52	32.75	15.29	25.73	85.23	103.90	33.09	30.19	5.76	7.43
SAT513	197.60	29.48	227.13	12.90	34.00	14.93	25.97	81.99	98.70	33.98	31.02	6.58	7.04
SAT514	188.51	34.22	222.85	15.45	34.54	14.59	25.70	81.68	100.87	37.32	33.26	5.97	7.89
SAT515	193.40	27.50	220.84	12.46	33.15	16.22	25.99	82.54	101.31	34.08	30.43	5.44	7.72
SAT516	191.96	25.91	218.27	12.22	33.30	14.90	25.98	99.32	117.02	33.60	28.65	6.23	8.42
SAT517	195.18	24.25	219.59	11.22	32.77	15.23	26.85	84.46	105.88	35.10	30.31	4.50	7.26
SAT518	197.51	26.69	222.46	10.84	33.09	14.78	27.28	80.26	99.29	35.53	31.70	5.42	6.63
SAT519	203.98	28.76	232.59	12.41	32.29	14.72	26.94	81.39	103.48	37.70	34.31	3.95	6.03
SAT520	197.82	23.55	227.46	10.87	31.84	16.36	26.37	80.53	97.08	36.81	30.39	5.44	6.30
SAT522	204.81	15.05	219.94	6.83	30.50	14.75	27.76	68.80	76.71	39.96	31.24	3.31	2.66
WAV512	199.98	24.66	224.71	11.22	32.69	17.65	27.34	88.51	111.75	38.03	34.80	4.34	6.27

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, ABT = Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, BlBeg = Blühbeginn der Bohnen, BlEnd = Blühende der Bohnen, frSPAD = frühe SPAD-Messung, spSPAD = späte SPAD-Messung, frBM = frühe Bonitur der Biomasse, spBM = späte Bonitur der Biomasse, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit

Tabelle 12: Mittelwerte aller erfassten Merkmale der einzelnen Stangenbohnsensorten über 4 verschiedene Maissorten des Versuchsjahres 2015 am Standort Göttingen.

	TME-M (dt/ha)	TME-B (dt/ha)	TME-G (dt/ha)	ABT (%)	TSG-M (%)	TSG-B (%)	TSG-G (%)	BlBeg (TnA)	BlEnd (TnA)	frSPAD	spSPAD	frBM	spBM
<i>GD</i>	<i>12.87</i>	<i>2.98</i>	<i>13.27</i>	<i>1.61</i>	<i>0.87</i>	<i>1.17</i>	<i>0.84</i>	<i>3.97</i>	<i>4.80</i>	<i>1.28</i>	<i>1.05</i>	<i>0.69</i>	<i>0.70</i>
<i>Mittelwert</i>	<i>170.38</i>	<i>11.93</i>	<i>182.26</i>	<i>6.57</i>	<i>27.96</i>	<i>17.08</i>	<i>27.12</i>	<i>92.65</i>	<i>111.06</i>	<i>36.40</i>	<i>21.57</i>	<i>2.35</i>	<i>2.16</i>
SAT510	174.04	10.76	184.79	5.87	28.50	18.23	27.68	90.82	109.63	35.07	21.30	2.62	2.25
SAT511	170.36	12.69	182.90	7.08	28.05	16.28	27.11	91.54	114.11	36.05	21.74	2.37	2.64
SAT513	155.62	12.40	168.15	7.50	27.46	17.69	26.59	92.91	112.74	34.56	19.98	3.01	2.77
SAT514	168.01	16.44	184.43	8.91	27.94	14.58	26.50	86.36	106.98	36.80	22.77	2.64	2.01
SAT515	163.34	11.49	174.99	6.58	27.95	18.52	27.23	97.08	117.90	37.30	23.65	2.98	2.60
SAT516	162.56	10.86	173.07	6.32	27.48	18.03	26.70	102.39	119.48	33.73	19.09	2.62	2.85
SAT517	176.96	10.84	187.69	5.85	28.20	17.78	27.55	94.70	116.24	34.64	19.50	2.37	2.35
SAT518	173.39	15.41	188.84	8.24	27.90	15.40	26.84	90.45	113.28	36.98	20.76	2.00	1.61
SAT519	171.07	11.17	182.10	6.16	27.65	18.76	26.94	93.69	114.53	37.89	21.84	2.00	1.86
SAT520	173.34	12.39	185.72	6.53	28.43	17.91	27.78	85.87	106.49	36.89	21.81	2.24	1.86
SAT522	177.72	7.50	185.22	3.89	27.87	12.16	26.82	72.44	83.23	38.77	22.34	1.76	1.26
WAV512	178.18	11.17	189.22	5.96	28.12	19.63	27.65	113.59	118.09	38.06	24.09	1.63	1.86

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, ABT = Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, BlBeg = Blühbeginn der Bohnen, BlEnd = Blühende der Bohnen, frSPAD = frühe SPAD-Messung, spSPAD = späte SPAD-Messung, frBM = frühe Bonitur der Biomasse, spBM = späte Bonitur der Biomasse, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit

Zur Selektion von Stangenbohnsensorten für den Mischanbau mit Mais ist es möglich, analog zur *General* und *Specific Combining Ability* (GCA und SCA), bekannt aus der Hybridzüchtung, die Effekte der allgemeinen Kombinationsfähigkeit der Mais- und Stangenbohnsensorten sowie die spezifische Kombinationsfähigkeit der einzelnen Kombinationen zu schätzen. In Tabelle 13 ist dies für den Bohnen- und Gesamt-Trockenmasseertrag der zwölf getesteten Stangenbohnsensorten über beide Standorte aufgeführt. Überlegene Stangenbohnsensorten sollten dabei im Mittel über die vier Maissorten einen möglichst hohen positiven Effekt besitzen. Einige der Stangenbohnsensorten, beispielsweise ‘SAT510’, ‘SAT514’ und ‘SAT518’, zeigten dies dabei sowohl für den Bohnen- als auch den Gesamt-Trockenmasseertrag. Im Vergleich dazu sind die Werte für die spezielle Kombinationsfähigkeit im Bohnen-Trockenmasseertrag gering, da (wie in Tabelle 7 bereits angeführt) hier keine signifikanten Interaktionseffekte der Mais- und Stangenbohnsensorten existierten.

Tabelle 13: Effekte der allgemeinen und spezifischen Kombinationsfähigkeit der einzelnen Mais/Bohnen-Kombinationen aus dem Feldversuchsjahr 2015 über beide Standorte.

		Maissorte				Mittel
		Fernandez	KXB5171	KXB5172	KXB5173	
TME-B	SAT510	-1.03	0.24	4.38	-3.59	0.43
	SAT511	-0.02	-0.42	0.09	0.34	1.91
	SAT513	0.19	0.23	-0.57	0.15	1.72
	SAT514	-2.47	-0.16	3.47	-0.84	6.11
	SAT515	0.83	0.40	-2.57	1.34	0.27
	SAT516	-0.66	-0.70	-1.49	2.85	-0.83
	SAT517	-1.05	1.74	-1.77	1.09	-1.67
	SAT518	2.79	-0.71	0.14	-2.22	1.83
	SAT519	-2.46	0.49	1.13	0.84	0.75
	SAT520	1.95	-1.06	0.36	-1.26	-1.25
	SAT522	-1.77	-1.04	-0.25	3.06	-7.95
	WAV512	3.69	0.99	-2.92	-1.76	-1.30
	Mittel	5.21	-2.86	0.77	-3.11	19.22
TME-G						
TME-G	SAT510	-1.08	4.00	-7.15	4.23	2.29
	SAT511	-2.40	-9.12	11.65	-0.13	-1.38
	SAT513	6.14	2.65	-11.08	2.29	-5.22
	SAT514	1.80	-6.12	10.02	-5.70	0.79
	SAT515	11.51	-1.49	-8.60	-1.43	-4.94
	SAT516	-4.88	9.24	-3.56	-0.80	-7.19
	SAT517	-0.43	-4.18	4.19	0.42	0.78
	SAT518	-9.23	3.34	-3.61	9.50	2.79
	SAT519	-11.28	2.40	10.27	-1.39	4.49
	SAT520	7.44	-6.53	7.58	-8.49	3.74
	SAT522	1.51	-1.82	-6.56	6.88	-0.27
	WAV512	0.89	7.64	-3.15	-5.39	4.11
	Mittel	-7.18	2.57	-3.23	7.84	202.86

Für den Gesamt-Trockenmasseertrag ergaben sich dagegen höhere Werte der speziellen Kombinationsfähigkeit. Hier schlagen sich der signifikante Interaktionseffekt zwischen Maissorte, Stangenbohnsorte und Standort und damit unterschiedliche überlegene Kombinationen für die Standorte nieder. In diesem Falle sind für einen Anbau daher jene Kombinationen aus Mais- und Stangenbohnsorten zu bevorzugen, welche jeweils hohe allgemeine Kombinationseffekte aufweisen. Wie in Tabelle 13 zu sehen zeigten hier aber Maissorten, welche für den Bohnen-Trockenmasseertrag positive Effekte aufweisen, für den Gesamt-Trockenmasseertrag negative Effekte und umgekehrt. Es diesem Grund ist es kaum möglich, Kombinationen zu wählen, welche sowohl in der Bohnen- als auch Gesamt-Trockenmasse Spitzenerträge erzielen. Dieser Zusammenhang manifestiert sich, wenn man die in Tabelle 14 und 15 angegebenen Korrelationskoeffizienten betrachtet. Hier ergeben sich an beiden Standorten zwei eindeutige Sachverhalte. Zum einen ist der Gesamt-Trockenmasseertrag sehr stark positiv mit dem Mais-Trockenmasseertrag korreliert. An beiden Standorten werden hier höchst signifikante Werte erreicht. Zum anderen ist jedoch der Mais-Trockenmasseertrag negativ mit dem Bohnen-Trockenmasseertrag korreliert. Diese Zusammenhänge waren am Standort Einbeck hoch signifikant. Am Standort Göttingen gab es ebenfalls negative Korrelationen; das Signifikanzniveau wurde hier jedoch nicht erreicht.

Tabelle 14: Korrelationskoeffizienten der Mischanbauten aus 8 Maissorten mit 4 Stangenbohnsensorten.

Standort Einbeck						
TME-B	-0.906**					
TME-G	0.992**	-0.852**				
ABT	-0.972**	0.963**	-0.942**			
TSG-M	-0.793*	0.608	-0.842**	0.671		
TSG-B	0.597	-0.331	0.662	-0.416	-0.852**	
TSG-G	-0.027	-0.163	-0.112	-0.152	0.621	-0.644
	TME-M	TME-B	TME-G	ABT	TSG-M	TSG-B
Standort Göttingen						
TME-B	-0.666					
TME-G	0.992**	-0.564				
ABT	-0.868**	0.944**	-0.798*			
TSG-M	-0.950**	0.493	-0.965**	0.718*		
TSG-B	0.514	-0.506	0.478	-0.543	-0.527	
TSG-G	-0.919**	0.418	-0.943**	0.651	0.995**	-0.483
	TME-M	TME-B	TME-G	ABT	TSG-M	TSG-B

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, ABT = Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, *, ** = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

Tabelle 15: Korrelationskoeffizienten der Mischanbauten aus 4 Maissorten mit 12 Stangenbohnsensorten.

Standort Einbeck												
TME-B	-0.607*											
TME-G	0.503	0.261										
ABT	-0.739**	0.962**	0.134									
TSG-M	-0.611*	0.878**	-0.005	0.825**								
TSG-B	0.105	-0.101	0.138	-0.025	-0.106							
TSG-G	0.803**	-0.733**	0.086	-0.835**	-0.686*	0.080						
BlBeg	-0.458	0.404	-0.173	0.491	0.504	0.256	-0.462					
BlEnd	-0.425	0.535	-0.009	0.582*	0.572	0.310	-0.407	0.944**				
frSPAD	0.691*	-0.474	0.321	-0.539	-0.549	0.098	0.693*	-0.578*	-0.531			
spSPAD	0.415	0.206	0.611*	0.087	0.041	0.248	0.382	-0.221	0.001	0.639*		
frBM	-0.701*	0.618*	-0.156	0.626*	0.750**	-0.197	-0.793**	0.457	0.391	-0.752**	-0.447	
spBM	-0.746**	0.786**	-0.127	0.822**	0.836**	0.071	-0.781**	0.772**	0.812**	-0.769**	-0.246	0.735**
	TME-M	TME-B	TME-G	ABT	TSG-M	TSG-B	TSG-G	BlBeg	BlEnd	frSPAD	spSPAD	frBM
Standort Göttingen												
TME-B	-0.256											
TME-G	0.942**	0.083										
ABT	-0.456	0.974**	-0.133									
TSG-M	0.655*	-0.012	0.677*	-0.158								
TSG-B	-0.184	-0.041	-0.208	0.029	0.106							
TSG-G	0.569	-0.296	0.486	-0.388	0.837**	0.519						
BlBeg	-0.135	0.083	-0.118	0.143	-0.097	0.808**	0.268					
BlEnd	-0.345	0.366	-0.236	0.448	-0.107	0.806**	0.166	0.846**				
frSPAD	0.489	-0.100	0.478	-0.228	0.136	-0.307	0.063	-0.245	-0.468			
spSPAD	0.294	0.022	0.318	-0.061	0.304	-0.016	0.226	0.065	-0.179	0.809**		
frBM	-0.810**	0.256	-0.743**	0.416	-0.184	0.204	-0.236	0.025	0.337	-0.644*	-0.298	
spBM	-0.721**	0.089	-0.719**	0.270	-0.267	0.497	-0.089	0.456	0.659*	-0.782**	-0.404	0.791**
	TME-M	TME-B	TME-G	ABT	TSG-M	TSG-B	TSG-G	BlBeg	BlEnd	frSPAD	spSPAD	frBM

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, ABT = Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, BlBeg = Blühbeginn der Bohnen, BlEnd = Blühende der Bohnen, frSPAD = frühe SPAD-Messung, spSPAD = späte SPAD-Messung, frBM = frühe Bonitur der Biomasse, spBM = späte Bonitur der Biomasse, *, ** = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

In den Abbildungen 7 und 8 wird auf den Zusammenhang zwischen dem Mais-Trockenmasseertrag und dem Bohnen-Trockenmasseertrag genauer eingegangen. Hier zeigt sich für die Kombinationen aus acht Maissorten und vier Stangenbohnsensorten die klare negative Korrelation (Abbildung 7). Innerhalb der einzelnen Maissorten ist jedoch kein klarer negativer Zusammenhang mehr zu erkennen. Vielmehr besaß jede Maissorte die Fähigkeit, einen gewissen Bohntrockenmasseertrag zu ermöglichen bzw. zu tolerieren.

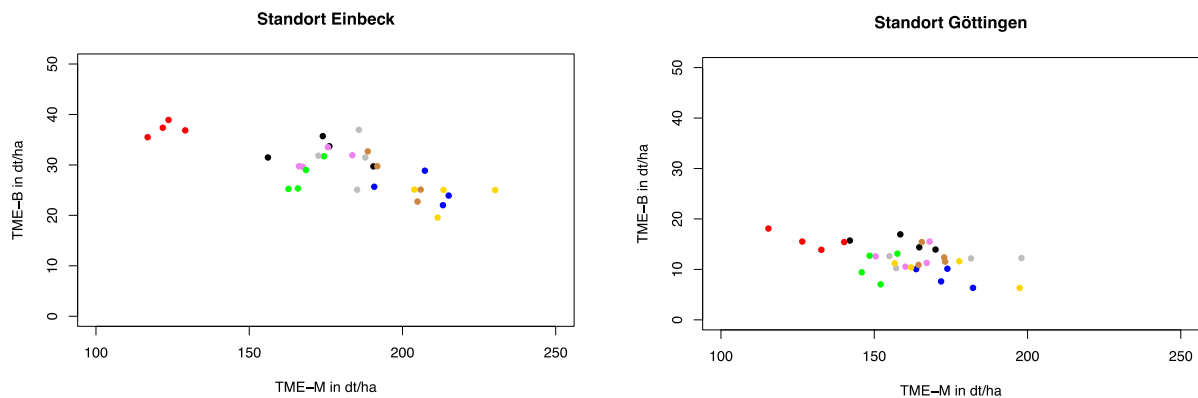


Abbildung 7: Darstellung des Bohnen-Trockenmasseertrages in Abhängigkeit des Mais-Trockenmasseertrages. Die unterschiedlichen Maissorten werden dabei mit unterschiedlichen Farben gekennzeichnet (rot = Fabregas, blau = KXB5171, grau = KXB5172, gelb = KXB5173, braun = Walterinio KWS, schwarz = Fernandez, violett = KWS Figaro, grün = Frederico KWS).

Der Zusammenhang zur Reifegruppe des Maises ist hier wiederum sehr deutlich zu erkennen. Die Maissorte 'Fabregas' hob sich insbesondere am Standort Einbeck von den restlichen Sorten ab, da sie die höchsten Bohnen-Trockenmasseerträge ermöglichte, jedoch dadurch gleichzeitig mit Abstand die geringsten Gesamt-Trockenmasseerträge erreichte. Wiederum unterschieden sich Maissorten, welche eine ähnliche FAO-Zahl aufweisen, nicht signifikant in ihrer Eignung für den Mischanbau. In Bezug auf die Stangenbohnsensorten ergab sich dagegen eine stärkere Gruppierung aller Werte. Wie in der Abbildung 8 zu sehen, befinden sich diese eher in einer Punktwolke, wobei am Standort Einbeck dennoch die insgesamt negative Korrelation zwischen Mais- und Bohnen-Trockenmasseertrag zu erkennen ist. Auch hebt sich hier keine der getesteten Stangenbohnsensorten deutlich von den anderen ab.

Andere erfasste Merkmale hatten zudem keine signifikanten Korrelationen mit Ertragsmerkmalen, welche über beide Standorte konsistent waren. Die visuellen Beurteilungen der Biomasse, insbesondere die spätere Bonitur, korrelierten lediglich am Standort Einbeck signifikant mit dem Bohnen-Trockenmasseertrag und dem Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse.

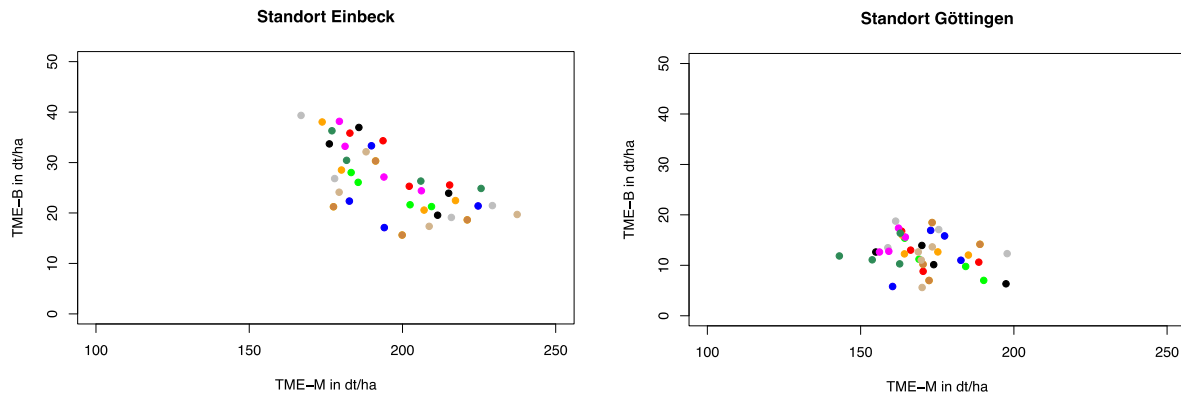


Abbildung 8: Darstellung des Bohnen-Trockenmasseertrages in Abhängigkeit des Mais-Trockenmasseertrages. Die verschiedenen Stangenbohnsensorten werden dabei mit unterschiedlichen Farben gekennzeichnet (schwarz = SAT510, rot = SAT511, violett = SAT513, hellgrün = SAT514, blau = SAT515, grau = SAT516, braun = SAT517, orange = SAT518, gelb = SAT519, magenta = SAT520, braun = SAT522, dunkelgrün = WAV512).

Die SPAD-Werte und der Blühzeitpunkt zeigten dagegen an beiden Standorten keine signifikanten Korrelationen mit dem Bohnen-Trockenmasseertrag. Am Standort Einbeck zeigte sich aber eine signifikant positive Korrelation zwischen dem Blühende der Bohnen und dem Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse.

2.3.1.2 Vergleich der Mischanbauten mit dem Mais-Reinanbau

Ein wichtiger Bestandteil der Beurteilung der Leistungsfähigkeit des Mais/Stangenbohnen-Mischanbaus ist dessen Vergleich mit dem Mais-Reinanbau. Im Folgenden soll deshalb der Gesamt-Trockenmasseertrag der Mischanbauten mit dem Reinanbau bei für den Mais üblicher Bestandesdichte von 10 Pflanzen/m² und bei einer reduzierten Bestandesdichte von 7,5 Pflanzen/m² untersucht werden.

Am Standort Einbeck erreichte der Mais-Reinanbau mit 10 Pflanzen/m² einen durchschnittlichen Trockenmasseertrag von 229,86 dt/ha (acht Maissorten) bzw. 243,30 dt/ha (vier Maissorten). Damit erzielte der Mischanbau im Mittel einen um 8,6 % bzw. 8,2 % niedrigeren Gesamt-Trockenmasseertrag als der Mais-Reinanbau mit hoher Bestandesdichte. Am Standort Göttingen lag der Gesamt-Trockenmasseertrag des Mischanbaus dagegen nur 5,5 % bzw. 1,6 % unter dem des Mais-Reinanbaus mit hoher Bestandesdichte. Dieser erreichte hier im Durchschnitt 183,20 dt/ha (acht Maissorten) bzw. 185,26 dt/ha (vier Maissorten). Wie in der Abbildung 9 zu sehen waren diese Unterschiede aber nicht signifikant. Zudem konnten auch keine signifikanten Ertragsunterschiede zwischen dem Mischanbau und dem Mais-Reinanbau mit einer Bestandesdichte von 7,5 Pflanzen/m² beobachtet werden.

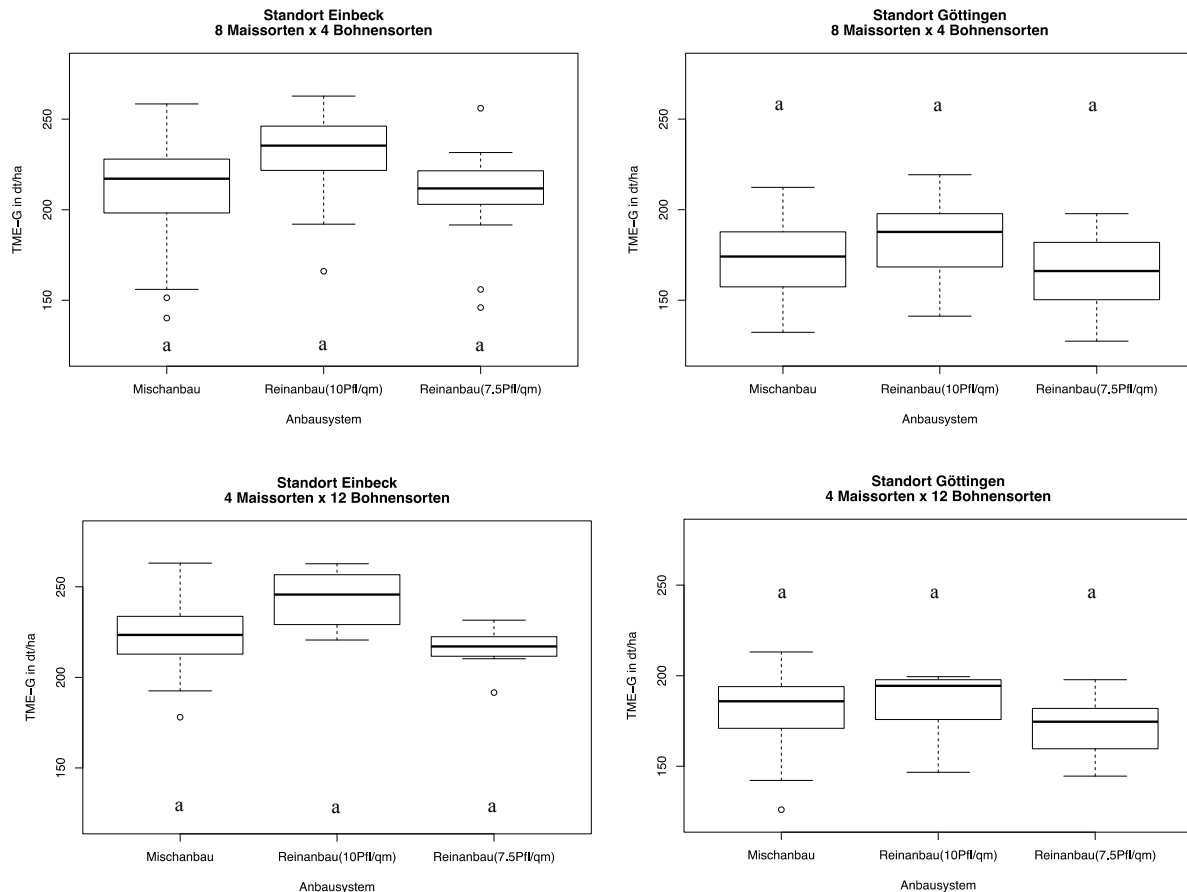


Abbildung 9: Vergleich des Gesamt-Trockenmasseertrages der verschiedenen Anbausysteme. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).

Betrachtet man spezifische Kombinationen von Mais- und Stangenbohnsensorten (siehe Abbildungen 10 bis 13), so zeigte am Standort Einbeck lediglich die Kombination aus 'KXB5171' und 'SAT518' im Vergleich zum Mais-Reinanbau mit hoher Bestandesdichte einen höheren Gesamt-Trockenmasseertrag. Das Ertragsniveau der Mehrheit der Mischanbaukombinationen befand sich dagegen zwischen dem des Mais-Reinanbaus mit reduzierter und dem mit hoher Bestandesdichte. Kombinationen mit der Maissorte 'KXB5172' (siehe Abbildung 10) und 'Frederico KWS' (siehe Abbildung 12) zeigten sogar geringere Gesamt-Trockenmasseerträge als der Mais-Reinanbau mit reduzierter Bestandesdichte. Am Standort Göttingen konnten dagegen mehrere Mais/Stangenbohnen-Kombinationen den Gesamtertrag des Mais-Reinanbaus mit hoher Bestandesdichte übertreffen. Dabei fällt jedoch auf, dass in diesen Fällen der Mehrertrag kaum durch den zusätzlichen Bohnenertrag erreicht wurde, sondern durch den relativ gesehen hohen reinen Maisertrag des Mischanbaus, welcher hier zudem innerhalb einer Maissorte eine sehr große Variation besaß. Da jede Säule nur auf zwei Messwerten (aus zwei Wiederholungen) beruht, ist hier aber zu berücksichtigen, dass ein erheblicher Versuchsfehler in die Messwerte einging, welcher am Standort Göttingen größer war als am Standort Einbeck.

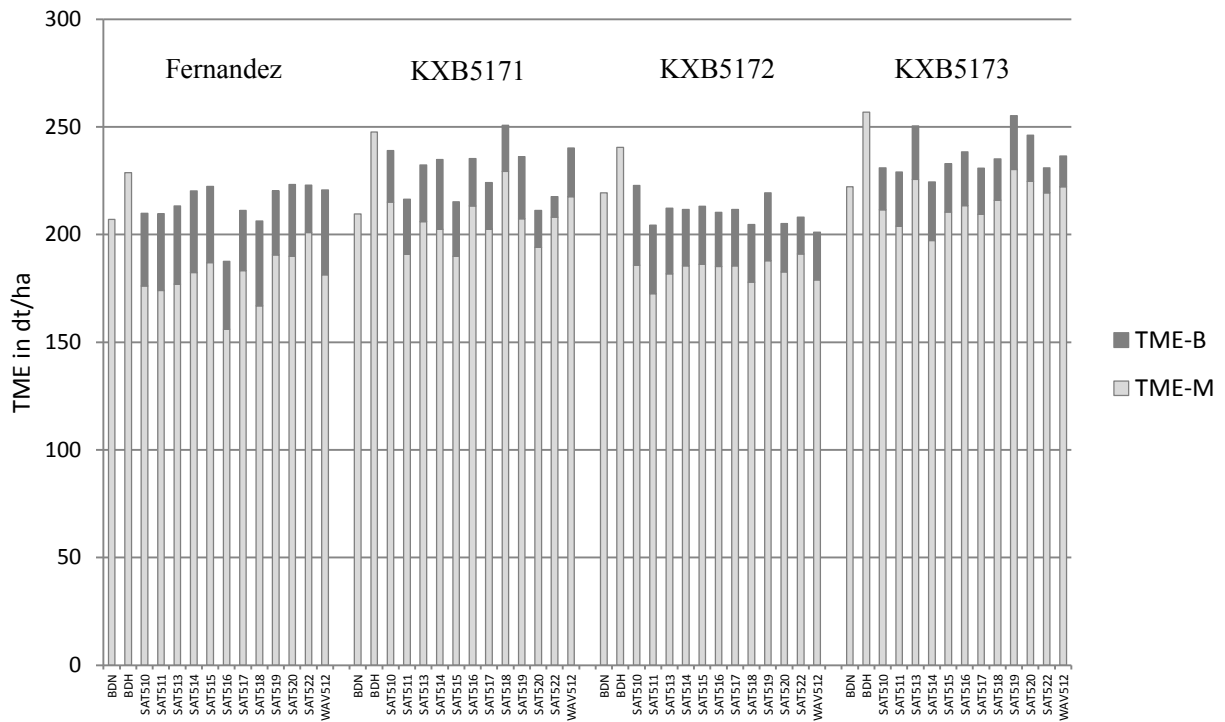


Abbildung 10: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile von 4 Maissorten angebaut in Kombination mit 12 Stangenbohnsensorten sowie im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² (BDN) und 10 Pflanzen/m² (BDH) am Standort Einbeck, 2015.

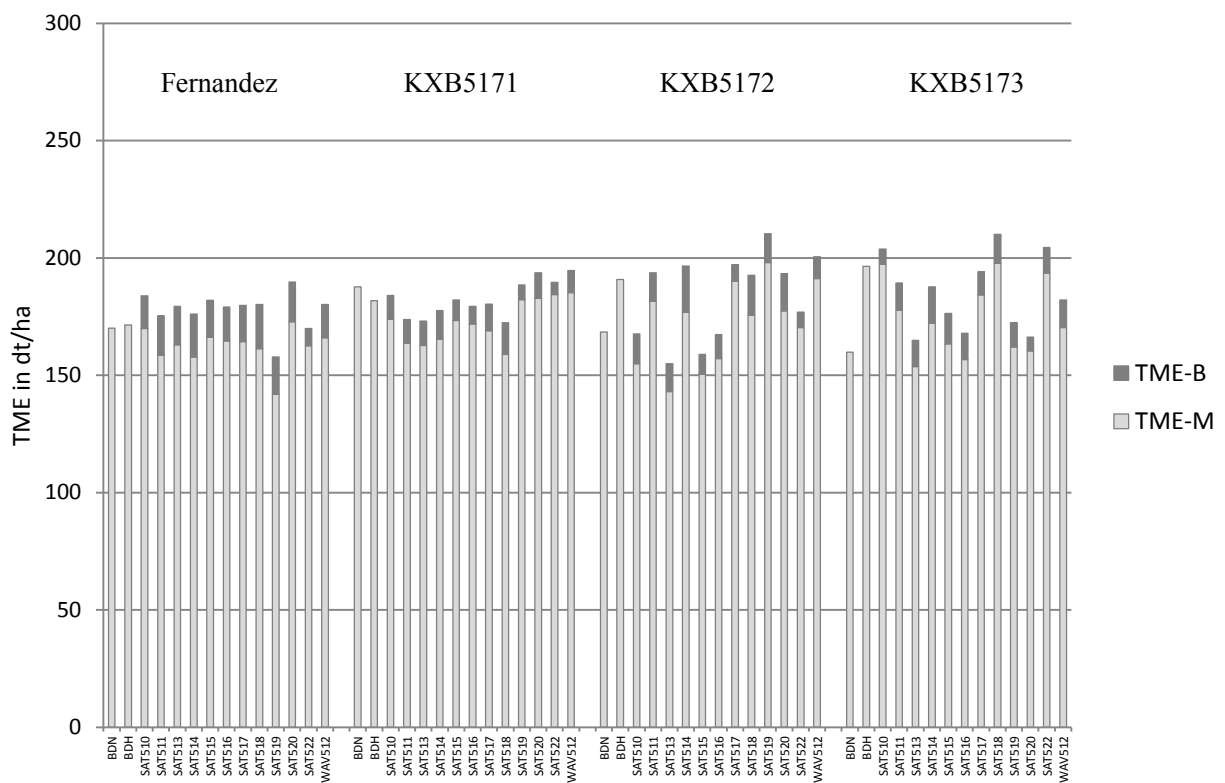


Abbildung 11: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile von 4 Maissorten angebaut in Kombination mit 12 Stangenbohnsensorten sowie im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² (BDN) und 10 Pflanzen/m² (BDH) am Standort Göttingen, 2015.

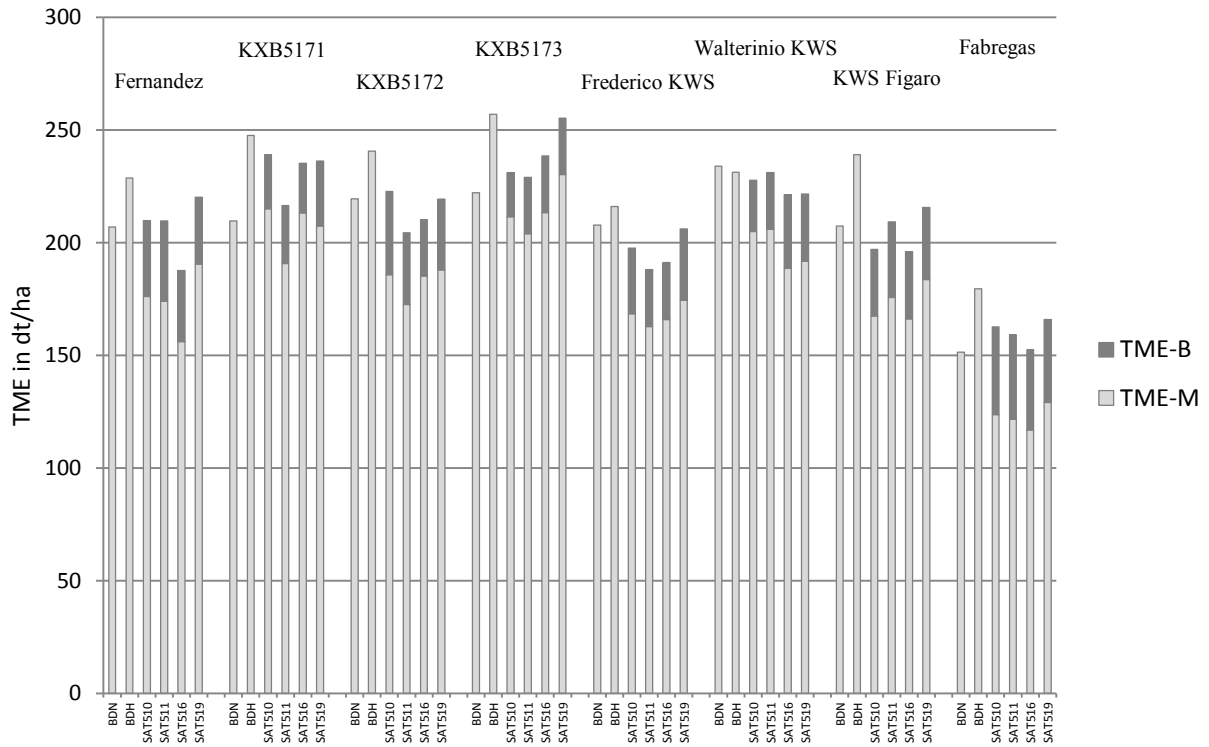


Abbildung 12: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile von 8 Maissorten angebaut in Kombination mit 4 Stangenbohnsensorten sowie im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² (BDN) und 10 Pflanzen/m² (BDH) am Standort Einbeck, 2015.

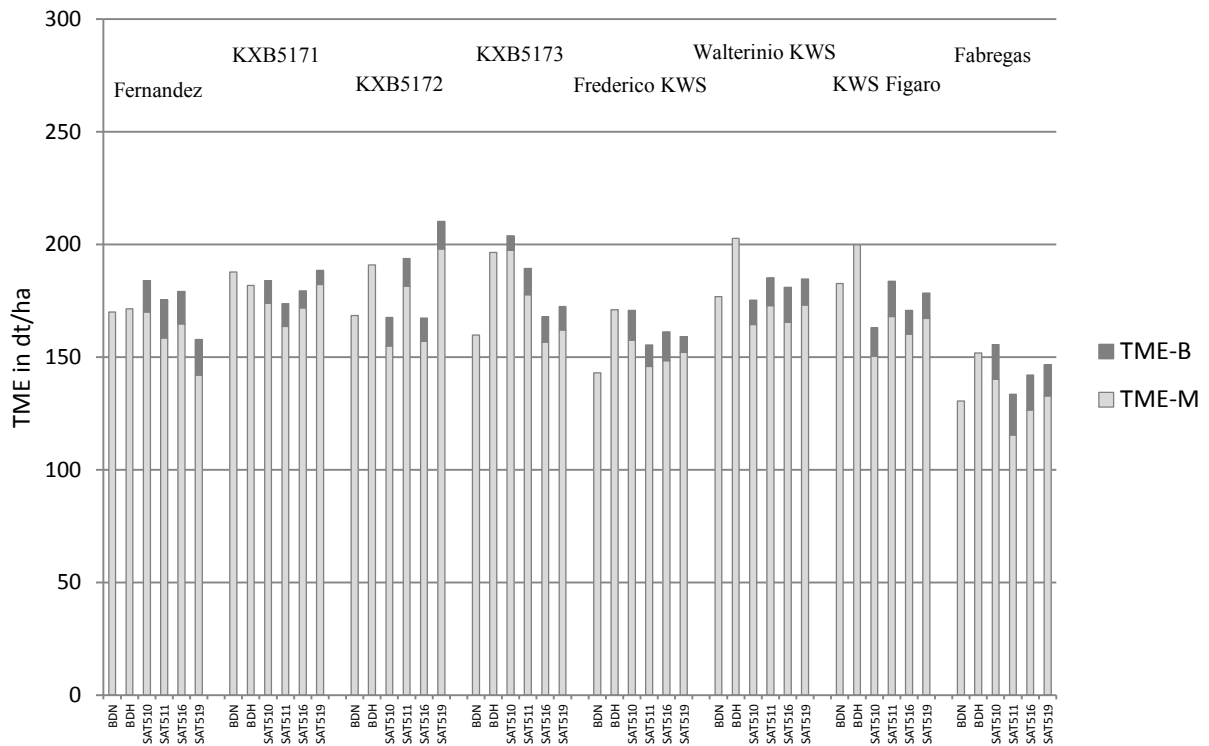


Abbildung 13: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile von 8 Maissorten angebaut in Kombination mit 4 Stangenbohnsensorten sowie im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² (BDN) und 10 Pflanzen/m² (BDH) am Standort Göttingen, 2015.

2.3.2 *Zweites Feldversuchsjahr 2016*

Das zweite Feldversuchsjahr beinhaltete den Anbau von vier verschiedenen Stangenbohnsorten, welche bereits Teil des ersten Versuchsjahres 2015 waren und aufgrund ihrer Ertragsresultate sowie ihres geringen Tausendkorngewichtes selektiert wurden, in Kombination mit acht verschiedenen Maissorten. Eine Besonderheit lag darin, dass der Faktor „Saatzeitpunkt der Stangenbohnen“ in den Versuch aufgenommen wurde. Aus diesem Grund waren alle Prüfglieder in zweifacher Ausführung, jeweils mit einem frühen und einem späteren Saatzeitpunkt der Stangenbohnen, vorhanden. Für die Auswertung konnte lediglich der Standort Einbeck herangezogen werden.

2.3.2.1 Vergleich der Mischanbauten

Im zweiten Feldversuchsjahr 2016 konnten im Mittel Gesamt-Trockenmasseerträge des Mischanbaus von 223,95 dt/ha (früher Saattermin der Stangenbohnen) bzw. 226,68 dt/ha (später Saattermin der Stangenbohnen) bei einem durchschnittlichen Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse von 6,02 % (früher Saattermin) bzw. 1,45 % (später Saattermin) realisiert werden. Wie in Tabelle 16 aufgeführt unterschieden sich dabei im Mittel die meisten aufgenommenen Merkmale in Abhängigkeit von dem Saatzeitpunkt der Stangenbohnen. Insbesondere fallen hier Unterschiede in dem Bohnen-Trockenmasseertrag auf. Dieser ist in der Variante mit spätem Saatzeitpunkt der Bohnen im Mittel deutlich niedriger als bei früherer Saat. Dementsprechend ergab sich auch ein deutlich niedrigerer Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse. Bezüglich des Mais-Trockenmasseertrages zeigte sich ein umgekehrtes Bild: Hier hatten die getesteten Kombinationen im Schnitt einen signifikant höheren Mais-Trockenmasseertrag bei späterer Bohnensaat im Vergleich zur frühen Saat. Die Kompensation des niedrigeren Bohnen-Trockenmasseertrages durch einen höheren Mais-Trockenmasseertrag bewirkte, dass sich beide Saattermine bezüglich des Gesamt-Trockenmasseertrages nicht signifikant unterschieden. Hinsichtlich der Entwicklungsphasen der Stangenbohnen gab es ebenso signifikante Unterschiede zwischen den Saatterminen. Rankbeginn, Blühbeginn sowie Blühende wurden bei späterer Saat signifikant früher erreicht. Auch unterschieden sich gemessene SPAD-Werte sowie die Noten der visuellen Biomassebonitur signifikant voneinander.

In Tabelle 17 sind die einzelnen Varianzursachen sowie Heritabilitäten für die Ertragsmerkmale aufgeführt. Für alle übrigen Merkmale finden diese sich in der Tabelle 38 im Anhang. Der Mais-Trockenmasseertrag sowie der Bohnen-Trockenmasseertrag wurden signifikant von der Maissorte, der Bohnensorte sowie dem Saatzeitpunkt der Stangenbohnen beeinflusst.

Tabelle 16: Übersicht über Minima, Mittelwerte und Maxima aller erfassten Merkmale des zweiten Versuchsjahres 2016. Die Mittelwerte sind separat für beide Saattermine der Stangenbohnen aufgeführt.

	TME-M (dt/ha)	TME-B (dt/ha)	TME-G (dt/ha)	ABT (%)	TSG-M (%)	TSG-B (%)	TSG-G (%)
Minimum	165.86	0.90	181.24	0.37	31.60	16.70	31.10
Mittel (frühe Saat)	210.85	13.10	223.95	6.02	37.09	22.47	35.53
Mittel (späte Saat)	223.45	3.23	226.68	1.45	36.65	18.83	36.10
Maximum	260.55	21.79	266.15	11.53	42.30	27.35	40.00
	RankBeg (TnA)	BlBeg (TnA)	BlEnd (TnA)	frSPAD	spSPAD	frBM	spBM
Minimum	21.00	69.29	88.00	22.80	16.15	1.00	1.00
Mittel (frühe Saat)	36.00	90.89	112.06	30.23	21.98	3.45	4.14
Mittel (späte Saat)	24.56	76.21	93.08	27.56	28.11	2.42	2.14
Maximum	41.00	99.00	121.00	37.55	34.80	6.00	6.50

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, ABT = Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, RankBeg = Rankbeginn der Bohnen, BlBeg = Blühbeginn der Bohnen, BlEnd = Blühende der Bohnen, frSPAD = frühe SPAD-Messung, spSPAD = späte SPAD-Messung, frBM = frühe Bonitur der Biomasse, spBM = späte Bonitur der Biomasse

Anhand der Varianzkomponenten ist zu erkennen, dass die Maissorte auf den Mais-Trockenmasseertrag den größten Einfluss ausübte. Hinsichtlich des Bohnen-Trockenmasseertrages war dies aber nicht die Stangenbohnsorte, sondern der Saattermin der Bohnen. Bei dem Bohnen-Trockenmasseertrag existierten zusätzlich hoch signifikante Interaktionen zwischen der Stangenbohnsorte und dem Saatzeitpunkt. Betrachtet man den Gesamt-Trockenmasseertrag der Mischanbauten, so zeigte sich die Maissorte als einzige signifikante Varianzursache. Der Saattermin der Stangenbohnen sowie die Stangenbohnsorte übten hier keinen signifikanten Einfluss aus. Berücksichtigt werden muss hier jedoch stets, dass nur vier verschiedene Stangenbohnsorten, dagegen aber acht verschiedene Maissorten im Versuchsjahr 2016 getestet wurden. Die Heritabilität über Maissorte (h^2_M) war zudem sehr hoch für den Mais- und Gesamt-Trockenmasseertrag. Auch bezüglich des Bohnen-Trockenmasseertrages und dementsprechend des Anteils der Bohnenmasse an der Gesamtmasse wurden hohe Heritabilitäten erzielt. Über die Stangenbohnsorte (h^2_B) zeigten sich sehr hohe Heritabilitäten bezüglich des Bohnen-Trockenmasseertrages sowie der ausschließlich an den Bohnen erfassten Merkmale. Für den Mais-Trockenmasseertrag wurde hier mit 72,15 % ebenfalls eine hohe Heritabilität berechnet. Bezüglich des Gesamt-Trockenmasseertrages war diese dagegen mit 37,23 % sehr gering.

Tabelle 17: Ergebnisse der ANOVA für die Ertragsmerkmale des Versuchsjahres 2016.

Varianz- ursache	FG	TME-M			TME-B			TME-G		
		MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD
M	7	8129.60	496.53**	9.61	43.37	2.19**	2.04	7133.65	435.88**	8.93
B	3	664.64	14.99*	6.80	205.68	6.17**	1.44	254.22	2.96	6.31
S	1	5073.52	76.38**	4.81	3115.76	48.55**	1.02	237.54	1.22	4.46
W	1	122.42	-0.98	4.81	6.13	-0.03	1.02	73.67	-1.34	4.46
M x B	21	127.54	-14.38	19.22	4.92	-0.86	4.09	118.98	-10.15	17.85
M x S	7	231.11	5.75	13.59	11.89	0.44	2.89	165.87	0.79	12.62
B x S	3	225.89	2.55	9.61	183.55	10.95**	2.04	305.58	9.12	8.93
M x B x S	21	107.70	-38.69	27.19	8.16	-0.10	5.78	103.78	-27.90	25.24
Rest	63	185.08	185.08		8.36	8.36		159.58	159.58	
h^2_M			97.72			80.72			97.76	
h^2_B			72.15			95.94			37.23	

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, M = Maissorte, B = Stangenbohnsorte, S = Saatzeitpunkt der Stangenbohnen, W = Wiederholung, h^2_M = Heritabilität der Maissorte, h^2_B = Heritabilität der Stangenbohnsorte, FG = Freiheitsgrad, MQ = mittlere Abweichungsquadrate, VarK = Varianzkomponente, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, *, ** = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

Ein Vergleich der Maissorten bezüglich der Ertragsmerkmale (siehe Abbildung 14) zeigte, dass es sowohl für den Mais-Trockenmasseertrag als auch für den Gesamt-Trockenmasseertrag überlegene Sorten gab. Diese waren ‘Walterinio KWS’ sowie die Experimentalhybride ‘KXB5173’. Letztere hatte im Durchschnitt bereits im ersten Feldversuchsjahr 2015 die höchsten Gesamt-Trockenmasseerträge erreicht. Ebenfalls wie im ersten Feldversuchsjahr konnten im Versuchsjahr 2016 diese Maissorten im Misanbau aber nur die geringsten Bohnen-Trockenmasseerträge ermöglichen. Auch zeigten sich hier Maissorten, welche einer späteren Reifegruppe angehören, als ertragsstärker hinsichtlich des Mais- und Gesamt-Trockenmasseertrages und als ertragsschwächer in Bezug auf den Bohnen-Trockenmasseertrag. Eine Ausnahme ist hier allerdings die Maissorte ‘KWS Keops’, welche einen signifikant höheren Gesamt-Trockenmasseertrag erzielte als die später abreifenden Maissorten ‘Calango KWS’ und ‘Agro Fides’ und gleichzeitig die im Mittel höchsten Bohnen-Trockenmasseerträge ermöglichte.

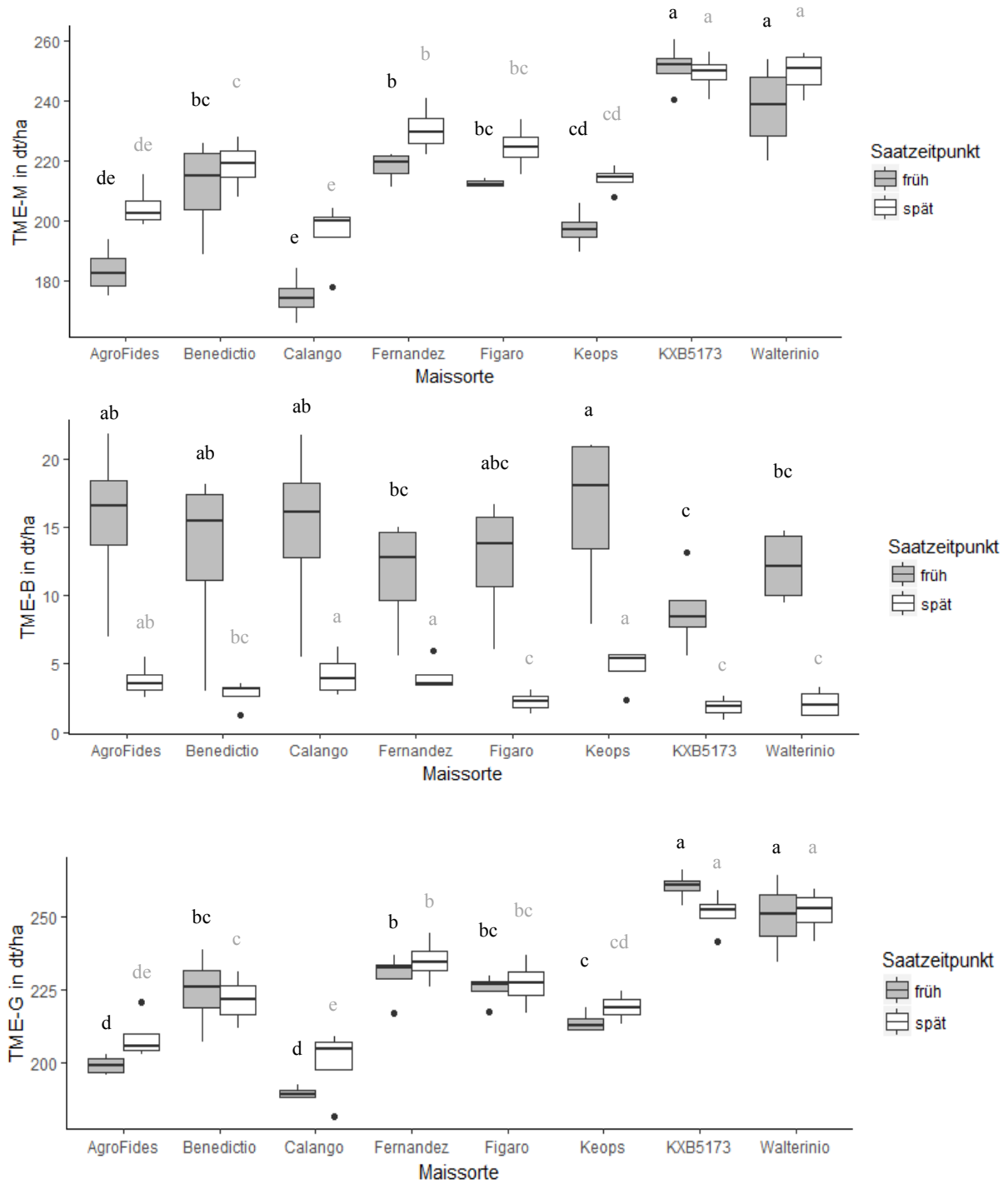


Abbildung 14: Boxplots des Mais-, Bohnen- und Gesamt-Trockenmasseertrages der Mais/Bohnen-Kombinationen dargestellt anhand der Unterschiede der Maissorten und dem Saatzeitpunkt der Stangenbohnen aus dem zweiten Versuchsjahr 2016. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).

Weitaus geringere Ertragsunterschiede wurden dagegen zwischen den getesteten Stangenbohnsensorten beobachtet (siehe Abbildung 15). Hinsichtlich des Einflusses auf den Mais-Trockenmasseertrag unterschieden sich bei früher Bohnensaat nur die Sorten ‘SAT510‘ und ‘SAT513‘ und bei später Bohnensaat die Sorten ‘SAT510‘/‘SAT513‘ und ‘WAV512‘ voneinander. Bei früher Bohnensaat erzielten die Sorten ‘SAT513‘ und ‘WAV512‘ die signifikant höchsten Bohnen-Trockenmasseerträge. Die Stangenbohnsorte ‘SAT510‘ hatte hier dagegen einen deutlich geringeren Bohnen-Trockenmasseertrag im Vergleich zu den übrigen Stangenbohnsensorten. Dies lag an einem schweren Befall des Großteils der Parzellen dieser Sorte mit einer über das Saatgut eingeschleppten Erkrankung. Untersuchungen legten nahe, dass es sich hier um Wurzelhals- und Stängelfäule (*Phoma* sp.) oder um die Brennfleckenkrankheit (*Colletotrichum* sp.) handelte. Bei Befall wurde fast die gesamte Bohnenpflanze vernichtet.

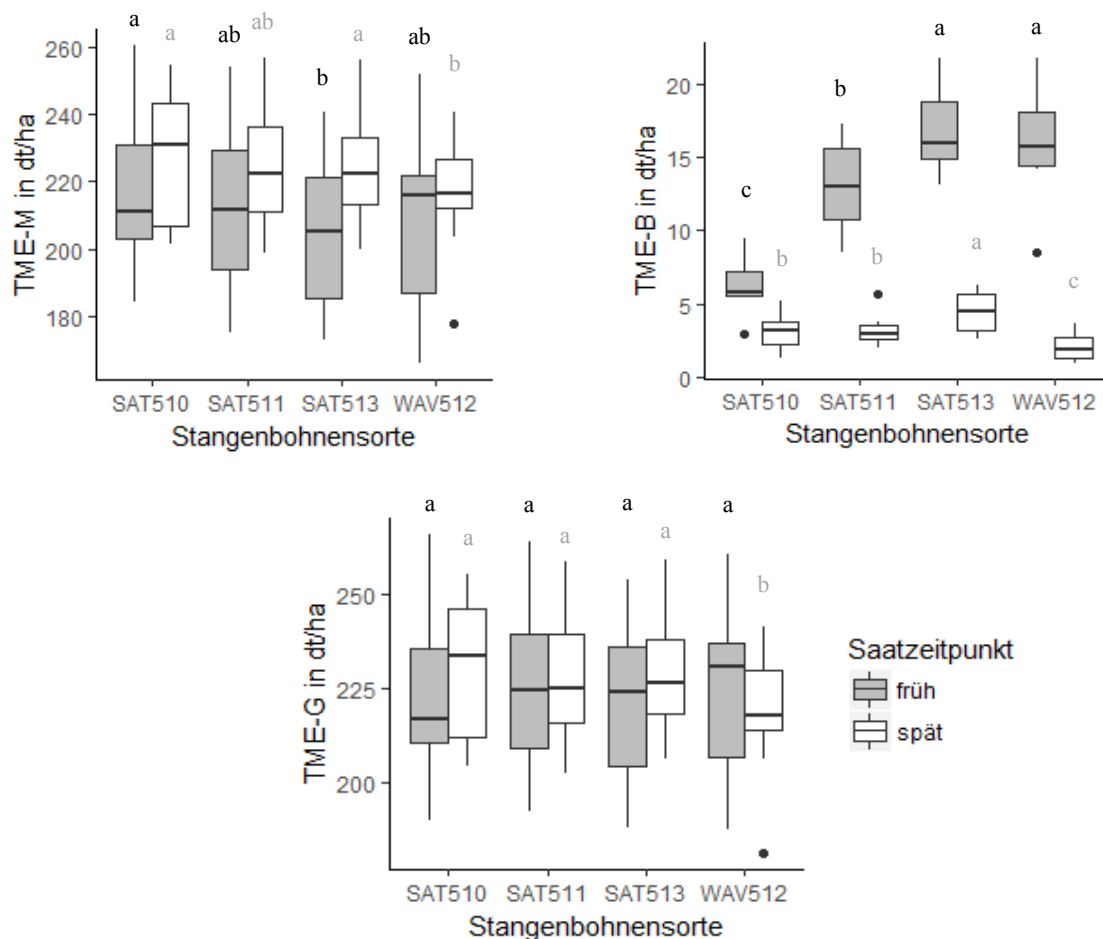


Abbildung 15: Boxplots des Mais-, Bohnen- und Gesamt-Trockenmasseertrages der Mais/Bohnen-Kombinationen dargestellt anhand der Unterschiede der Stangenbohnsensorten und dem Saatzeitpunkt der Stangenbohnen aus dem zweiten Versuchsjahr 2016. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).

Bei späterer Bohnensaat konnte die Sorte 'WAV512' nur die geringsten Bohnen-Trockenmasseerträge erzielen. Dies spiegelte sich auch in einem (im Vergleich zu den anderen Bohnensorten) signifikant niedrigeren Gesamt-Trockenmasseertrag der Mischanbauten mit dieser Sorte wider. Bei dem frühen Saattermin der Stangenbohnen unterschieden sich dagegen alle Bohnensorten im Gesamt-Trockenmasseertrag nicht signifikant voneinander.

Die Ergebnisse der ANOVA (siehe Tabelle 17) zeigten, dass für keines der Ertragsmerkmale ein signifikanter Interaktionseffekt zwischen der Mais- und der Stangenbohnsorte existierte. Somit ist anzunehmen, dass in diesem Versuchsjahr keine deutlich überlegene Kombination existierte, sondern die Leistung der Mischanbauten lediglich von der durchschnittlichen Leistung der Mais- und der Stangenbohnsorte bestimmt wurde. Dies wird bei der Betrachtung der Kombinationseffekte der einzelnen Mais/Bohnen-Kombinationen in Tabelle 18 ebenso deutlich. Im Vergleich zu der allgemeinen Kombinationseignung (Mittel) der Mais- bzw. Stangenbohnsorten gab es hier nur geringe spezielle Kombinationseffekte, welche nicht groß genug waren, um die Signifikanzschwelle in der Varianzanalyse zu erreichen.

Tabelle 18: Effekte der allgemeinen und spezifischen Kombinationsfähigkeit der einzelnen Mais/Bohnen-Kombinationen über beide Saattermine aus dem Feldversuchsjahr 2016.

<i>TME-B</i>		Stangenbohnsorte				Mittel
		SAT510	SAT511	SAT513	WAV512	
Maissorte	KWS Keops	-0.46	-0.06	0.22	0.30	2.31
	Calango KWS	-1.00	0.32	-1.35	2.02	1.38
	Agro Fides	-1.06	0.88	1.48	-1.29	1.48
	Benedictio KWS	-1.38	0.58	0.37	0.43	-0.26
	KWS Figaro	0.35	-0.32	-0.10	0.07	-0.76
	Fernandez	0.14	-0.60	0.09	0.36	-0.33
	Walterinio KWS	1.72	-0.74	-0.69	-0.29	-1.03
	KXB5173	1.68	-0.06	-0.03	-1.59	-2.78
	Mittel	-3.46	0.03	2.54	0.89	8.16
<i>TME-G</i>						
Maissorte	KWS Keops	-4.63	-2.05	4.89	1.79	-9.07
	Calango KWS	2.78	1.20	2.22	-6.19	-30.63
	Agro Fides	-3.05	-2.91	4.80	1.16	-21.54
	Benedictio KWS	5.21	-1.04	-13.89	9.73	-2.46
	KWS Figaro	-1.06	-1.98	3.08	-0.05	0.73
	Fernandez	-3.56	0.14	0.38	3.04	6.94
	Walterinio KWS	2.77	4.39	1.64	-8.81	25.52
	KXB5173	1.54	2.26	-3.12	-0.67	30.50
	Mittel	1.95	1.83	0.30	-4.08	225.31

In Tabelle 19 sind die Korrelationskoeffizienten aus dem Versuchsjahr 2016 getrennt für die beiden Saattermine der Stangenbohnen aufgeführt. Hier ist zu sehen, dass bei beiden Saatterminen der Mais-Trockenmasseertrag extrem positiv mit dem Gesamt-Trockenmasseertrag und signifikant negativ mit dem Bohnen-Trockenmasseertrag korreliert war. Zudem war der Gesamt-Trockenmasseertrag negativ mit dem Bohnen-Trockenmasseertrag korreliert. Im Falle des späten Saattermins der Bohnen ist dieser Zusammenhang aber nicht signifikant. Für den Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse ergaben sich dagegen bei beiden Saatterminen signifikante Korrelationen mit den Ertragswerten. Im Falle des Mais-Trockenmasse- sowie Gesamt-Trockenmasseertrages waren diese stark negativ, insbesondere bei einer frühen Saat der Stangenbohnen.

Ebenso korrelierte der Trockensubstanzgehalt des Maises sehr stark positiv mit dem Bohnen-Trockenmasseertrag sowie dem Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, gleichzeitig aber signifikant negativ mit dem Mais- und Gesamt-Trockenmasseertrag. Dies zeigt deutlich, dass später abreifende Maissorten analog zum ersten Feldversuchsjahr 2015 einen höheren Gesamtertrag im Mischanbau erreichten, aber – im Vergleich zu frühreifere Maissorten – einen geringeren Bohnenertrag erlaubten. Ein ähnlicher Trend war auf Seiten der Stangenbohnen zu beobachten. Zwar ergaben sich keine signifikanten Korrelationen des Bohnen-Trockensubstanzgehaltes mit dem Bohnen-Trockenmasseertrag bei beiden Saatterminen der Bohnen, jedoch existierte ein negativer Zusammenhang zwischen dem Blühzeitpunkt der Bohnen und dem Bohnen-Trockenmasseertrag. Bei dem späteren Saattermin der Stangenbohnen war dieser hoch signifikant. Hier konnten also früher blühende Bohnensorten einen höheren Bohnenertrag erreichen. Außerdem konnte im Versuchsjahr 2016 der Bohnen-Trockenmasseertrag wiederholt gut durch die visuelle Biomassebonitur vor der Ernte geschätzt werden, da sich hier bei beiden Saatterminen der Bohnen signifikant positive Korrelationen ergaben.

Tabelle 19: Korrelationskoeffizienten der Mischanbauten aus dem zweiten Versuchsjahr 2016. Die Ergebnisse sind getrennt nach dem Saattermin der Stangenbohnen aufgeführt.

Früher Saattermin der Stangenbohnen													
TME-B	-0.880**												
TME-G	0.999**	-0.857**											
ABT	-0.960**	0.970**	-0.946**										
TSG-M	-0.795*	0.893**	-0.775*	0.849**									
TSG-B	0.330	-0.273	0.331	-0.388	-0.048								
TSG-G	-0.723*	0.830*	-0.703	0.768*	0.987**	0.106							
RankBeg	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000					
BlBeg	0.759*	-0.671	0.758*	-0.686	-0.709*	-0.264	-0.721*	0.000					
BlEnd	0.648	-0.654	0.639	-0.634	-0.864**	-0.272	-0.898**	0.000	0.838**				
frSPAD	-0.239	0.061	-0.254	0.169	0.324	-0.041	0.335	0.000	-0.209	-0.563			
spSPAD	-0.732*	0.701	-0.725*	0.771*	0.694	-0.635	0.598	0.000	-0.315	-0.464	0.450		
frBM	-0.669	0.701	-0.657	0.679	0.747*	0.107	0.746*	0.000	-0.714*	-0.735*	0.171	0.223	
spBM	-0.807*	0.828*	-0.795*	0.836**	0.680	-0.195	0.617	0.000	-0.748*	-0.570	-0.057	0.371	0.864**
	TME-M	TME-B	TME-G	ABT	TSG-M	TSG-B	TSG-G	RankBeg	BlBeg	BlEnd	frSPAD	spSPAD	frBM
Später Saattermin der Stangenbohnen													
TME-B	-0.724*												
TME-G	0.999**	-0.694											
ABT	-0.812*	0.989**	-0.787*										
TSG-M	-0.853**	0.840**	-0.839**	0.865**									
TSG-B	-0.282	0.444	-0.267	0.421	0.242								
TSG-G	-0.843**	0.815*	-0.830*	0.840**	0.999**	0.232							
RankBeg	0.301	-0.637	0.276	-0.622	-0.348	0.006	-0.318						
BlBeg	0.826*	-0.946**	0.805*	-0.964**	-0.805*	-0.607	-0.779*	0.481					
BlEnd	0.662	-0.688	0.648	-0.739*	-0.517	-0.036	-0.479	0.503	0.696				
frSPAD	-0.161	0.442	-0.141	0.406	0.520	0.011	0.525	-0.322	-0.248	-0.042			
spSPAD	-0.722*	0.373	-0.730*	0.479	0.507	0.149	0.495	0.021	-0.505	-0.539	0.285		
frBM	-0.164	0.637	-0.133	0.540	0.559	0.439	0.559	-0.173	-0.519	-0.148	0.395	-0.216	
spBM	-0.845**	0.932**	-0.826*	0.954**	0.886**	0.249	0.864**	-0.534	-0.908**	-0.808*	0.271	0.452	0.529
	TME-M	TME-B	TME-G	ABT	TSG-M	TSG-B	TSG-G	RankBeg	BlBeg	BlEnd	frSPAD	spSPAD	frBM

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, ABT = Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, RankBeg = Rankbeginn der Bohnen, BlBeg = Blühbeginn der Bohnen, BlEnd = Blühende der Bohnen, frSPAD = frühe SPAD-Messung, spSPAD = späte SPAD-Messung, frBM = frühe Bonitur der Biomasse, spBM = späte Bonitur der Biomasse, *,** = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

2.3.2.2 Vergleich der Mischanbauten mit dem Mais-Reinanbau

Der Mais-Reinanbau mit einer Bestandesdichte von 10 Pflanzen/m² erzielte im Durchschnitt einen Trockenmasseertrag von 261,1 dt/ha. Damit lag dieser deutlich über dem des vorherigen Versuchsjahres. Die Mischanbauten erreichten über alle Prüfglieder gemittelt einen signifikant niedrigeren Gesamt-Trockenmasseertrag. Der Ertragsrückgang belief sich dabei auf 13,7 %. Wie in Abbildung 16 zu sehen gab es zwischen dem Mischanbau und dem Mais-Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² dagegen keine signifikanten Unterschiede im Gesamt-Trockenmasseertrag.

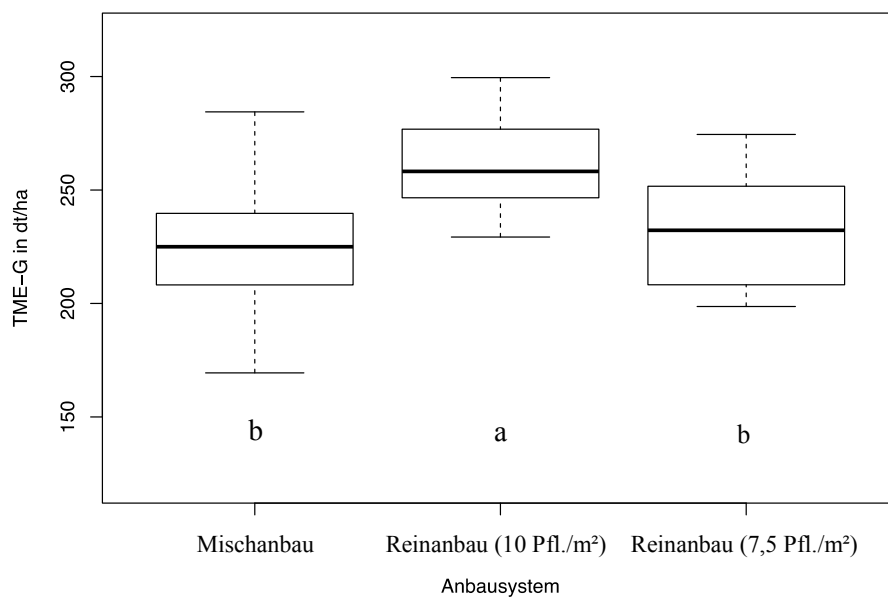


Abbildung 16: Boxplots des Gesamt-Trockenmasseertrages der einzelnen Anbausysteme aus dem zweiten Versuchsjahr 2016. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).

Im Gegensatz zum ersten Versuchsjahr 2015 konnten auch einzelne Kombinationen einer Mais- und einer Stangenbohnsorte nicht den Gesamt-Trockenmasseertrag des Mais-Reinanbaus mit hoher Bestandesdichte erreichen (siehe Abbildungen 17 und 18). Bei dem frühen Saattermin der Stangenbohnen konnten zudem die Mischanbauten nur vereinzelt einen dem Mais-Reinanbau mit geringer Bestandesdichte ebenbürtigen Ertrag realisieren. Die Ertragsreduktion des Maises im Mischanbau aufgrund der Stangenbohnen konnte also kaum durch den zusätzlichen Bohnen-Trockenmasseertrag ausgeglichen werden.

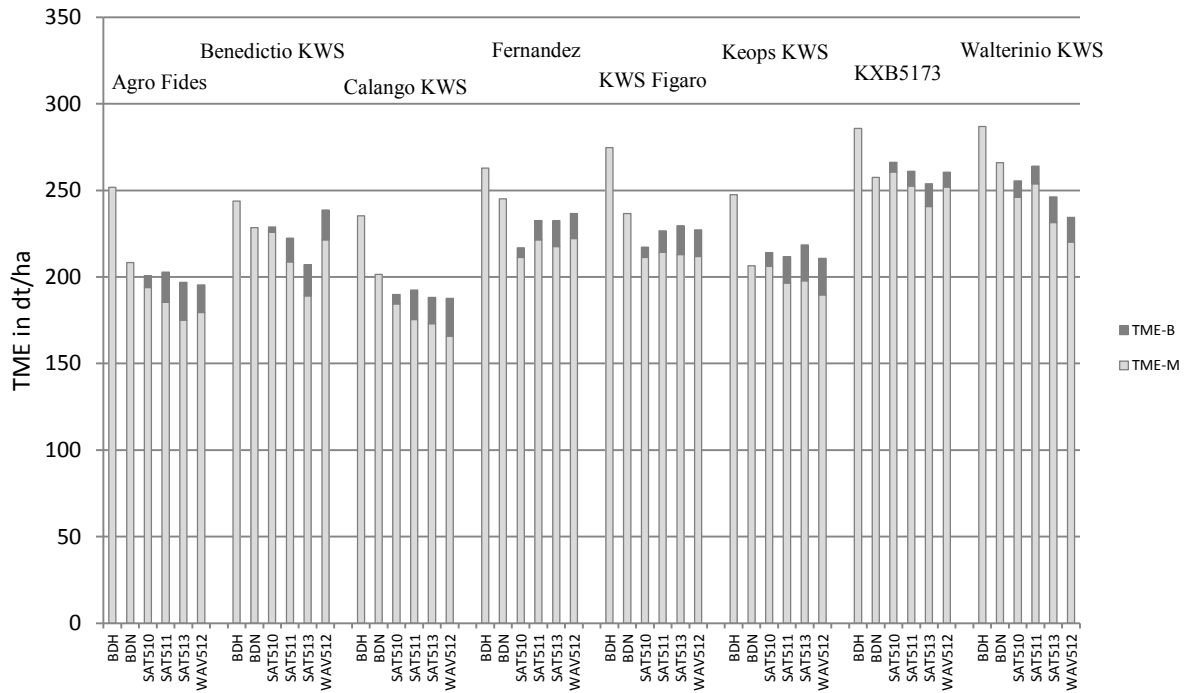


Abbildung 17: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile der Mais/Bohnen-Kombinationen mit dem frühen Saattermin der Stangenbohnen sowie des Maises im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² (BDN) und 10 Pflanzen/m² (BDH).

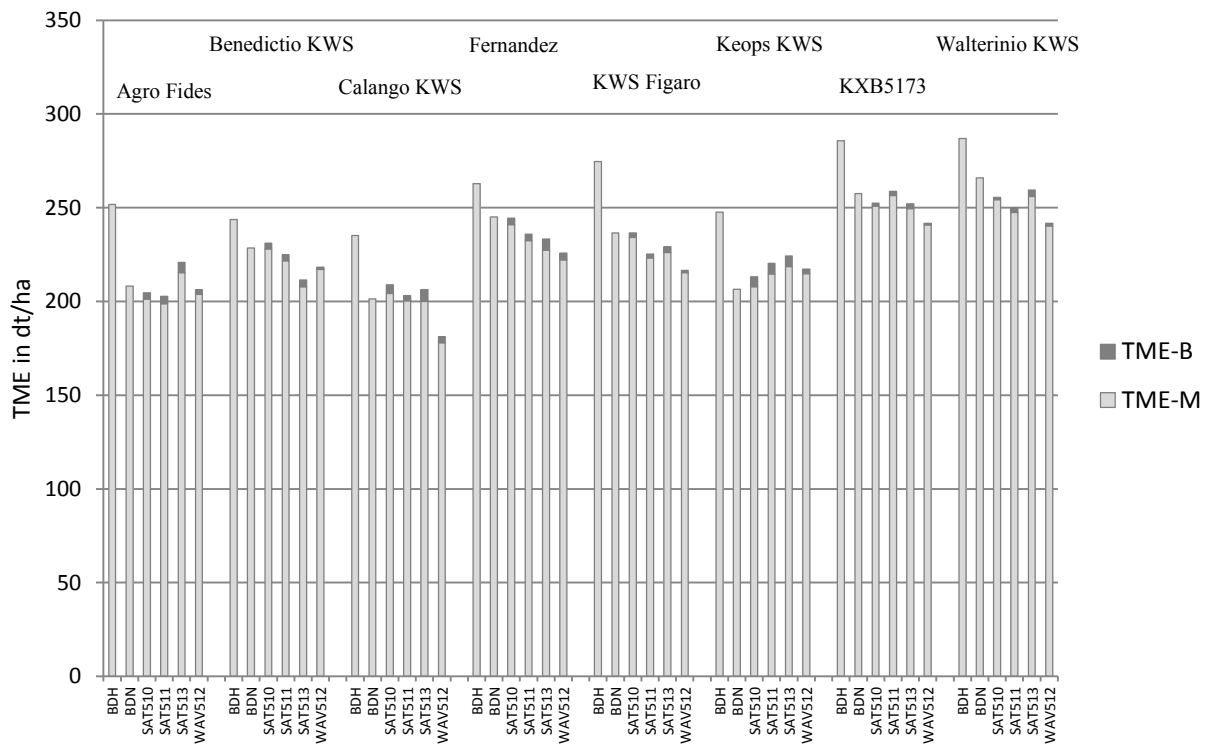


Abbildung 18: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile der Mais/Bohnen-Kombinationen mit dem späten Saattermin der Stangenbohnen sowie des Maises im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² (BDN) und 10 Pflanzen/m² (BDH).

Eine Ausnahme bildet hier (abgesehen von der Maishybride 'KXB5173', die aber nur sehr geringe Bohnen-Trockenmasseerträge erlaubte) wiederum die Maissorte 'Keops KWS' (siehe Abbildung 17). Hier konnte bei allen Kombinationen durch den zusätzlichen Bohnenertrag der Ertrag des Mais-Reinanbaus mit geringer Bestandesdichte leicht übertroffen werden. Gleichzeitig ist hier zu betonen, dass die angegebenen Gesamterträge jeder einzelnen Kombination jeweils nur auf zwei Messwerten beruhen und damit einen hohen Versuchsfehler beinhalten.

Ein ähnliches Bild ergibt sich bei der Betrachtung der Mischanbauten mit einer späteren Bohnensaat. Auch hier konnten die Mischanbauten keinen signifikanten Mehrertrag im Vergleich zum Mais-Reinanbau mit geringer Bestandesdichte erwirken. Aufgrund des sehr geringen Bohnen-Trockenmasseertrages war dies jedoch auch nicht zu erwarten. Es zeigte sich eindeutig, dass der Maisertrag im Mischanbau kaum von der Präsenz der Stangenbohnen beeinflusst wurde.

2.3.3 Drittes Feldversuchsjahr 2017

Im dritten Feldversuchsjahr wurden Versuche an drei Standorten angelegt. An zwei der drei Standorte wurden alle Prüfglieder sowohl mit einer ortsüblichen Stickstoffdüngung als auch ohne Stickstoffdüngung getestet. Somit ergaben sich hier für die Versuche insgesamt fünf Umwelten. Für die statistische Auswertung konnten die Daten von allen Umwelten herangezogen werden.

2.3.3.1 Vergleich der Misanbauarten

Über alle Umwelten und alle Mais/Bohnen-Kombinationen konnte im dritten Feldversuchsjahr ein durchschnittlicher Gesamt-Trockenmasseertrag von 165,92 dt/ha erreicht werden (siehe Tabelle 20). Mit durchschnittlich 25,69 dt/ha war der Bohnen-Trockenmasseertrag im Vergleich zu den vorherigen Versuchsjahren sehr hoch. Mit einem Maximalwert von 45,90 dt/ha konnte zudem der höchste Bohnenertrag eines Prüfgliedes über alle Versuchsjahre erreicht werden. Der Mais-Trockenmasseertrag der Misanbauarten lag dagegen mit 140,01 dt/ha im Mittel unter dem Ertrag der vorherigen Jahre. Der Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse befand sich dementsprechend mit im Durchschnitt 15,41 % auf einem hohen Niveau. Alle anderen Merkmale mit Ausnahme der frühen visuellen Biomassebonitur zeigten – so wie es auch im ersten Feldversuchsjahr 2015 zu beobachten war – ebenfalls eine große Variation.

Tabelle 20: Übersicht über Minima, Mittelwerte und Maxima aller erfassten Merkmale des dritten Versuchsjahres 2017 über alle Umwelten.

	TME-M (dt/ha)	TME-B (dt/ha)	TME-G (dt/ha)	ABT (%)	TSG-M (%)	TSG-B (%)	TSG-G (%)	RankBeg (TnA)	BIBeg (TnA)	frBM	spBM
Minimum	100.77	9.51	121.62	6.09	31.05	11.72	25.16	28.97	56.88	3.43	3.30
Mittel	140.01	25.69	165.92	15.41	41.43	15.57	32.65	40.24	78.27	4.71	5.59
Maximum	188.35	45.90	209.78	29.18	53.31	20.46	44.13	49.50	101.88	5.89	7.21

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, ABT = Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, RankBeg = Rankbeginn der Bohnen, BIBeg = Blühbeginn der Bohnen, frBM = frühe Bonitur der Biomasse, spBM = späte Bonitur der Biomasse

Die Ergebnisse der ANOVA für die Ertragsmerkmale (siehe Tabelle 21) zeigten, dass es für den Mais-Trockenmasseertrag der Mischanbauten drei hoch signifikante Varianzursachen gab. Dies waren die Umwelt, die Stangenbohnsorte sowie die Maissorte. Letztere Varianzursache war jene mit der größten Varianzkomponente und hatte damit den größten Einfluss auf das Merkmal. Zusätzlich ergab sich eine signifikante Interaktion zwischen der Maissorte und der Umwelt. Bezüglich des Bohnen-Trockenmasseertrages konnten mehrere hoch signifikante Varianzursachen ermittelt werden. Neben den Hauptfaktoren Umwelt, Stangenbohnen- und Maissorte ergaben sich ebenso hoch signifikante Interaktionen dieser Faktoren. Anhand der Varianzkomponenten lässt sich aber ableiten, dass der Faktor Umwelt den Bohnen-Trockenmasseertrag mit Abstand am stärksten beeinflusste. Ähnliches galt für den Gesamt-Trockenmasseertrag. Hier konnten neben den Faktoren Umwelt, Stangenbohnen- und Maissorte ebenfalls deren Interaktionen miteinander als signifikante Varianzursachen identifiziert werden. Den größten Einfluss auf das Merkmal übte aber wiederum der Faktor Umwelt aus. Zudem ergaben sich hinsichtlich der Ertragsmerkmale sehr hohe Heritabilitäten (h^2_B). Gleiches galt auch für die Merkmale, welche nur an den Stangenbohnen erfasst wurden (Die Heritabilitäten sowie Varianzkomponenten sind der Tabelle 39 im Anhang zu entnehmen).

Tabelle 21: Ergebnisse der ANOVA für die Ertragsmerkmale über alle Umwelten des Versuchsjahres 2017.

Varianz- ursache	TME-M				TME-B				TME-G		
	FG	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD	
U	4	4307.94	69.62**	4.13	5954.19	99.12**	0.96	12689.37	210.01**	3.40	
B	9	1422.19	43.04**	5.84	221.57	7.15**	1.36	596.25	16.92**	4.81	
M	2	11085.12	109.54**	3.20	156.09	1.49**	0.75	7879.68	77.91**	2.63	
W:U	5	137.33	0.21	5.84	163.06	5.20**	1.36	81.89	-0.23	4.81	
B x U	36	181.94	8.50+	13.06	28.60	3.58**	3.05	183.94	15.86**	10.75	
M x U	8	328.56	9.88*	7.15	24.54	0.87**	1.67	365.11	13.82**	5.89	
B x M	18	129.24	-0.17	10.11	13.87	0.67*	2.36	293.64	20.49**	8.33	
B x M x U	72	136.79	2.94	22.61	13.79	3.33**	5.28	138.27	24.76*	18.62	
Rest	145	130.92	130.92		7.13	7.13		88.75	88.75		
h^2_B			90.79			96.78			85.12		

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, U = Umwelt, B = Stangenbohnsorte, M = Maissorte, W:U = Wiederholung innerhalb einer Umwelt, h^2_B = Heritabilität der Stangenbohnsorte, FG = Freiheitsgrad, MQ = mittlere Abweichungsquadrate, VarK = Varianzkomponente, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, +, *, ** = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

Die Unterschiede zwischen den verschiedenen Umwelten im Bohnen- und Gesamt-Trockenmasseertrag sind in der Abbildung 19 ausführlicher dargestellt. Hier zeigte sich, dass signifikant höhere Bohnen-Trockenmasseerträge in den beiden Umwelten des Standortes Einbeck erreicht wurden. Der Standort Göttingen konnte mit beiden Umwelten nur einen signifikant geringeren Ertrag ermöglichen. Somit beeinflusste weniger die N-Düngungsvariante als der Standort selbst den Bohnen-Trockenmasseertrag.

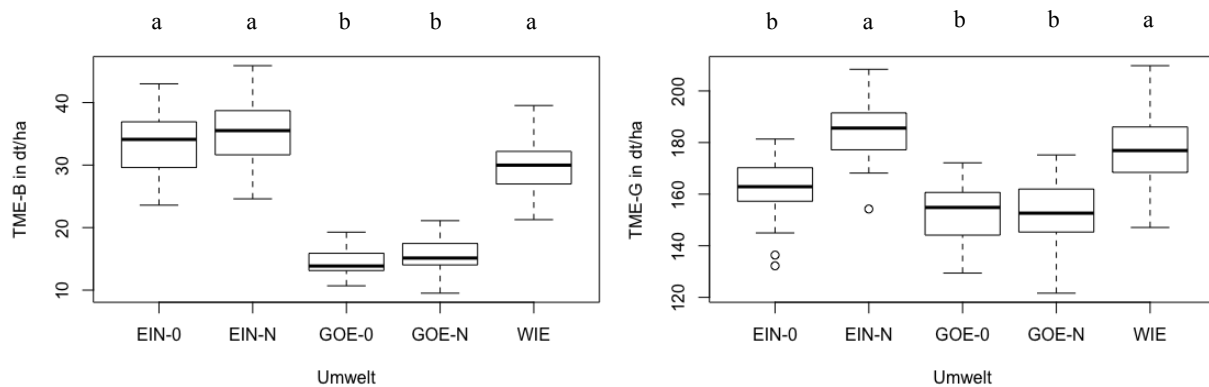


Abbildung 19: Boxplots der Bohnen- sowie Gesamt-Trockenmasseerträge der einzelnen Umwelten im dritten Feldversuchsjahr 2017. EIN-0 = Standort Einbeck ohne Stickstoffdüngung, EIN-N = Standort Einbeck mit Stickstoffdüngung, GOE-0 = Standort Göttingen ohne Stickstoffdüngung, GOE-N = Standort Göttingen mit Stickstoffdüngung, WIE = Wiebrechtshausen. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).

Dies wird auch deutlich, wenn man die Varianzursachen bei Berücksichtigung der Düngungsvariante und des Standortes betrachtet (siehe Tabelle 22). Die Varianzkomponenten verdeutlichen hier einen hoch signifikanten Einfluss der Stickstoffdüngung auf den Mais-Trockenmasseertrag sowie den Gesamt-Trockenmasseertrag. Zwar ist auch der Einfluss der Düngung auf den Bohnen-Trockenmasseertrag hoch signifikant; anhand der Varianzkomponenten lässt sich aber zeigen, dass dieser hier weitaus weniger wichtig war als beim Mais- und Gesamt-Trockenmasseertrag. Für den Bohnen-Trockenmasseertrag war im Gegensatz dazu der Standort die wichtigste Varianzursache, ebenso wie für den Gesamt-Trockenmasseertrag. Der Effekt der Interaktion zwischen dem Standort und der Stickstoffdüngung war zudem nur bei dem Mais- und dem Gesamt-Trockenmasseertrag hoch signifikant. Auf den Bohnen-Trockenmasseertrag hatte dieser keinen Einfluss. Hier wird deutlich, dass einerseits ein Mangel an Stickstoff im Boden aufgrund der fehlenden Stickstoffdüngung nur am Standort Einbeck, nicht aber am Standort Göttingen vorhanden war und dass andererseits das Maiswachstum stark, das Wachstum der Stangenbohnen jedoch kaum von einem Stickstoffmangel beeinträchtigt wurde. Die Varianzkomponenten der ANOVA zeigten aber in jedem Fall, dass für die Ertragsmerkmale die Wahl der Mais- und der Stangenbohnsorte einen hoch signifikanten Einfluss besaß.

Tabelle 22: Ergebnisse der ANOVA für die Ertragsmerkmale über die Standorte Einbeck und Göttingen des Versuchsjahres 2017.

Varianz- ursache	TME-M				TME-B				TME-G			
	FG	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD	MQ	VarK	GD		
D	1	5929.31	48.25**	3.01	126.95	1.00**	0.69	8521.73	70.19**	2.54		
O	1	1.96	-1.14	3.01	22468.25	187.18**	0.69	26134.46	216.96**	2.54		
B	9	1008.84	36.23**	6.74	193.59	7.77**	1.53	480.91	15.91**	5.68		
M	2	7376.57	90.47**	3.69	120.42	1.41**	0.84	4807.73	58.86**	3.11		
W:DO	4	171.45	1.07	6.03	200.51	6.44**	1.37	102.35	0.11	5.08		
D x O	1	6706.98	109.46**	4.26	1.58	-0.09	0.97	7455.23	122.60**	3.59		
D x B	9	247.03	8.98+	9.53	24.55	1.44**	2.17	202.74	8.65*	8.03		
D x M	2	152.94	0.34	5.22	6.53	-0.02	1.19	185.18	2.15	4.40		
O x B	9	163.98	2.06	9.53	54.54	3.94**	2.17	265.15	13.85**	8.03		
O x M	2	697.94	13.97**	5.22	78.88	1.79**	1.19	739.04	16.00**	4.40		
B x M	18	87.31	-6.49	11.67	10.59	0.42	2.66	232.46	16.68**	9.84		
D x B x M	18	132.26	-1.75	16.50	11.50	1.07+	3.76	91.79	-1.80	13.91		
O x B x M	18	177.95	9.68	16.50	14.51	1.82*	3.76	170.01	17.76*	13.91		
D x O x B	9	127.34	-1.98	13.47	9.91	0.45	3.07	159.60	10.10	11.36		
D x O x M	2	110.11	-1.46	7.38	12.49	0.26	1.68	28.93	-3.50	6.22		
Rest	134	139.24	139.24		7.23	7.23		98.98	98.98			
h^2_B			86.20			96.27			79.42			

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, D = Düngungsvariante, O = Standort, B = Stangenbohnsorte, M = Maissorte, W:DO = Wiederholung innerhalb eines Standorts und einer Düngungsvariante, h^2_B = Heritabilität der Stangenbohnsorte, FG = Freiheitsgrad, MQ = mittlere Abweichungsquadrate, VarK = Varianzkomponente, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, +, *, ** = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

Die Mittelwerte der aufgenommenen Merkmale über die einzelnen Stangenbohnen- und Maissorten sind daher in der Tabelle 23 vergleichend aufgeführt. Bezüglich des Bohnen-Trockenmasseertrages zeigte sich die Sorte 'WAV512' als überlegen gegenüber allen anderen getesteten Stangenbohnsensorten. Im Mittel über alle Umwelten konnte hier ein signifikant höherer Bohnenertrag erzielt werden. Dies resultierte jedoch in einem Mais-Trockenmasseertrag der mit dieser Bohnensorte angebauten Maissorten, welcher niedriger als das Mittel über alle Bohnensorten war. Der Gesamt-Trockenmasseertrag aller Mais/Bohnen-Kombinationen mit dieser Bohnensorte lag ebenfalls knapp unter dem Mittelwert aller Kombinationen. Der Anteil des Bohnenertrages am Gesamtertrag war aber bei der Sorte 'WAV512' wiederum mit einem Wert von 18,37 % am höchsten. Auch wurde bei dieser Sorte der Beginn des Rankens und der Blüte überdurchschnittlich spät erreicht sowie für die visuelle Bonitur der Biomasse überdurchschnittlich hohe Noten vergeben.

Tabelle 23: Mittelwerte aller getesteten Sorten über alle fünf Umwelten des Versuchsjahres 2017.

	TME-M (dt/ha)	TME-B (dt/ha)	TME-G (dt/ha)	ABT (%)	TSG-M (%)	TSG-B (%)	TSG-G (%)	RankBeg (TnA)	BlBeg (TnA)	frBM	spBM
Stangenbohnsorten											
<i>GD</i>	<i>5.84</i>	<i>1.36</i>	<i>4.81</i>	<i>1.00</i>	<i>0.92</i>	<i>0.45</i>	<i>0.73</i>	<i>0.88</i>	<i>1.18</i>	<i>0.24</i>	<i>0.33</i>
<i>Mittel</i>	<i>140.01</i>	<i>25.69</i>	<i>165.92</i>	<i>15.41</i>	<i>41.43</i>	<i>15.57</i>	<i>32.65</i>	<i>40.24</i>	<i>78.27</i>	<i>4.71</i>	<i>5.59</i>
SAT510	144.27	26.70	171.72	15.34	42.21	16.48	33.73	38.59	83.95	4.42	5.57
SAT511	137.00	26.31	163.05	15.77	41.86	15.47	32.78	37.28	81.92	4.65	6.03
SAT513	135.09	28.03	164.86	17.11	41.12	15.91	31.73	33.10	77.03	5.02	6.25
SAT523	141.39	25.13	166.50	14.85	41.45	15.82	32.90	41.08	62.36	4.53	5.24
SAT524	142.92	24.77	169.17	14.70	40.66	16.94	33.35	40.02	61.85	4.86	5.21
SAT525	148.55	22.61	171.72	13.25	41.77	15.59	33.77	40.63	63.55	4.21	5.15
SAT532	130.11	26.27	157.76	16.50	41.48	14.02	31.04	45.50	96.11	5.10	5.70
SAT533	151.54	20.84	168.48	12.46	41.07	14.62	33.83	44.56	91.02	4.76	4.75
SAT536	135.83	25.50	162.45	15.75	40.50	15.91	32.10	39.40	71.84	4.69	5.96
WAV512	133.42	30.70	163.46	18.37	42.23	14.89	31.29	42.22	93.08	4.88	6.06
Maissorten											
<i>GD</i>	<i>3.20</i>	<i>0.75</i>	<i>2.63</i>	<i>0.55</i>	<i>0.51</i>	<i>0.25</i>	<i>0.40</i>	<i>0.48</i>	<i>0.65</i>	<i>0.13</i>	<i>0.18</i>
<i>Mittel</i>	<i>140.01</i>	<i>25.69</i>	<i>165.92</i>	<i>15.41</i>	<i>41.43</i>	<i>15.57</i>	<i>32.65</i>	<i>40.24</i>	<i>78.27</i>	<i>4.71</i>	<i>5.59</i>
KWS Figaro	149.28	25.92	174.80	14.69	37.02	15.93	30.67	40.00	78.47	4.65	5.47
Benedictio KWS	142.19	24.34	165.91	14.45	40.69	15.44	32.78	40.23	78.52	4.74	5.66
KWS Stabil	128.56	26.80	157.04	17.09	46.60	15.33	34.50	40.49	77.83	4.75	5.65

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, ABT = Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, RankBeg = Rankbeginn der Stangenbohnen, BlBeg = Blühbeginn der Bohnen, frBM = frühe Bonitur der Biomasse, spBM = späte Bonitur der Biomasse, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit

Beim Vergleich der drei getesteten Maissorten untereinander zeigte sich die Sorte ‘KWS Figaro‘ bezüglich des reinen Mais- sowie des Gesamt-Trockenmasseertrages als ertragsstärkste Sorte. Gleichzeitig waren aber die Ertragsunterschiede im Bohnen-Trockenmasseertrag gering gegenüber den beiden anderen Maissorten. Einen signifikant höheren Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse ermöglichte die Maissorte ‘KWS Stabil‘. Dies resultierte jedoch in dem niedrigsten Gesamt-Trockenmasseertrag des Gemenges aller getesteten Maissorten. Entsprechend der FAO-Zahlen der Maissorten zeigten sich Unterschiede in dem Mais-Trockensubstanzgehalt zum Erntezeitpunkt. Mit 37,02 bis 46,60 % waren diese Werte zudem für alle Sorten sehr hoch, was auf einen sehr späten Erntetermin hinweist. Dadurch konnten aber im Mittel trotz hoher Anteile der Bohnen ebenso ausreichend hohe Trockensubstanzgehalte der Gemenge erreicht werden. Hier ist daher davon auszugehen, dass die Silierfähigkeit des Gemenges gegeben ist.

Tabelle 24: Effekte der allgemeinen und spezifischen Kombinationsfähigkeit der einzelnen Mais/Bohnen-Kombinationen über alle Umwelten aus dem Feldversuchsjahr 2017.

<i>TME-B</i>		Maissorte			
		KWS Figaro	Benedictio KWS	KWS Stabil	Mittel
Stangenbohnsensorte	SAT510	-0.57	-0.96	1.53	1.01
	SAT511	0.78	0.64	-1.42	0.62
	SAT513	0.05	-0.66	0.62	2.35
	SAT523	0.54	0.26	-0.81	-0.56
	SAT524	1.61	-2.05	0.45	-0.92
	SAT525	-0.64	-0.06	0.71	-3.07
	SAT532	0.27	-0.10	-0.17	0.58
	SAT533	-1.26	2.25	-0.99	-4.85
	SAT536	-0.54	0.16	0.37	-0.18
	WAV512	-0.23	0.53	-0.29	5.01
	Mittel	0.23	-1.35	1.12	25.69
<i>TME-G</i>					
Stangenbohnsensorte	SAT510	-4.03	-6.23	10.26	5.81
	SAT511	2.98	5.70	-8.68	-2.86
	SAT513	-0.47	-5.12	5.59	-1.06
	SAT523	-4.75	2.70	2.06	0.58
	SAT524	2.61	-4.18	1.56	3.25
	SAT525	1.71	0.77	-2.48	5.81
	SAT532	1.02	1.31	-2.33	-8.16
	SAT533	-5.73	2.81	2.92	2.56
	SAT536	4.04	0.66	-4.70	-3.47
	WAV512	2.62	1.57	-4.19	-2.45
	Mittel	8.88	-0.01	-8.87	165.92

Auch zeigten die Ergebnisse der ANOVA in Tabelle 21, dass es für den Bohnen- sowie den Gesamt-Trockenmasseertrag signifikante Interaktionseffekte zwischen der Maissorte und der Stangenbohnsensorte gab. Daher lohnt es sich hier, neben der allgemeinen auch die spezielle Kombinationseignung der einzelnen Kombinationen anzuschauen (siehe Tabelle 24). Die Stangenbohnsensorte 'WAV512' besaß hier die beste allgemeine Kombinationseignung in Bezug auf den Bohnen-Trockenmasseertrag. Für den Gesamt-Trockenmasseertrag waren dies dagegen die Sorten 'SAT510' sowie 'SAT525'. Die Sorte 'SAT510' besaß zudem ebenso eine positive allgemeine Kombinationseignung in Bezug auf den Bohnen-Trockenmasseertrag. Eine gute spezifische Kombinationseignung besaß diese Sorte in Kombination mit der Maissorte 'KWS Stabil'. Hier konnten sowohl für den Bohnen- als auch den Gesamt-Trockenmasseertrag positive spezifische Effekte beobachtet werden. Vergleicht man die allgemeinen Kombinationseffekte der Mais- und Stangenbohnsensorten für den Bohnen- und den Gesamt-Trockenmasseertrag, so zeigte sich aber auch in diesem Feldversuchsjahr, dass Sorten, welche einen hohen Bohnen-Trockenmasseertrag ermöglichten, einen niedrigen Gesamt-Trockenmasseertrag verursachten. In Tabelle 25 sind daher die Korrelationskoeffizienten für alle aufgenommenen Merkmale über alle getesteten Umwelten aufgeführt. Es zeigte sich, wie auch in den vorherigen Versuchsjahren, eine starke negative Korrelation zwischen dem Mais-Trockenmasseertrag und dem Bohnen-Trockenmasseertrag. Der Gesamt-Trockenmasseertrag war zwar nicht signifikant, aber dennoch negativ mit dem Bohnen-Trockenmasseertrag korreliert. Zudem zeigte der Gesamt-Trockensubstanzgehalt des Gemenges hoch signifikante Korrelationen zu den Ertragsmerkmalen. Außerdem konnte wiederum nachgewiesen werden, dass sich mithilfe einer visuellen Bonitur der Biomasse, insbesondere kurz vor der Ernte (spBM), die Höhe des Bohnen-Trockenmasseertrages sowie dessen Anteil an der Gesamt-Trockenmasse relativ sicher vorhersagen ließ.

Tabelle 25: Korrelationskoeffizienten der Mischbauarten aus dem dritten Versuchsjahr 2017.

TME-B	-0.788**									
TME-G	0.867**	-0.444								
ABT	-0.897**	0.973**	-0.620							
TSG-M	-0.048	0.404	0.128	0.270						
TSG-B	0.267	0.021	0.591	-0.106	-0.231					
TSG-G	0.942**	-0.722*	0.880**	-0.855**	-0.009	0.463				
RankBeg	0.131	-0.339	-0.177	-0.280	0.053	-0.632*	-0.023			
BlBeg	-0.342	0.308	-0.481	0.365	0.395	-0.731*	-0.443	0.375		
frBM	-0.647*	0.406	-0.708*	0.551	-0.330	-0.365	-0.733*	0.082	0.489	
spBM	-0.835**	0.845**	-0.585	0.887**	0.172	-0.004	-0.736*	-0.559	0.257	0.394
	TME-M	TME-B	TME-G	ABT	TSG-M	TSG-B	TSG-G	RankBeg	BlBeg	frBM

TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, ABT = Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, RankBeg = Rankbeginn der Bohnen, BlBeg = Blühbeginn der Bohnen, frBM = frühe Bonitur der Biomasse, spBM = späte Bonitur der Biomasse, *,** = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

2.3.3.2 Vergleich der Mischanbauten mit dem Mais-Reinanbau

Beim Vergleich der Trockenmasseerträge der Mais-Reinanbauten mit denen der Mischanbauten zeigte sich, dass der Mischanbau im Durchschnitt über alle Umwelten einen signifikant niedrigeren Gesamt-Trockenmasseertrag sowohl gegenüber dem Mais-Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² als auch dem Mais-Reinanbau mit 10 Pflanzen/m² erreichte (siehe Abbildung 20). Hier war über alle Umwelten ein Rückgang des Gesamt-Trockenmasseertrages im Mischanbau um 17,0 % bzw. 11,9 % zu beobachten. Die beiden verschiedenen Bestandesdichten des Mais-Reinanbaus unterschieden sich im Gesamtertrag wiederum nicht signifikant voneinander. Der geringste Ertragsrückgang im Vergleich zum Mais-Reinanbau mit 10 Pflanzen/m² wurde dabei am Standort Einbeck ohne Stickstoffdüngung beobachtet (um 10,3 %). Der Standort Göttingen unterschied sich hier mit einem Rückgang um 14,2 % (GOE-0) bzw. 17,2 % (GOE-N) kaum vom Standort Einbeck mit Stickstoffdüngung (um 17,9 %). Am Standort Wiebrechtshausen wurde dagegen ein signifikant höherer Ertragsrückgang von 23,5 % ermittelt.

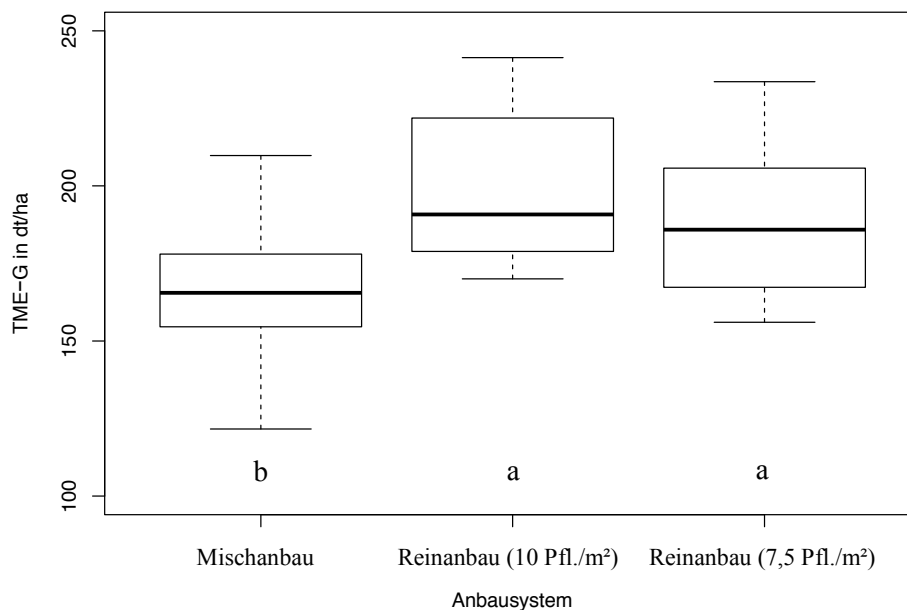


Abbildung 20: Boxplots des Gesamt-Trockenmasseertrages der einzelnen Anbausysteme aus dem dritten Versuchsjahr 2017. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).

Betrachtet man die Leistungsfähigkeit der einzelnen Mais/Bohnen-Kombinationen (siehe Abbildungen 21-25), so wird deutlich, dass lediglich am Standort Einbeck ohne Stickstoffdüngung teilweise das Gesamtertragsniveau des Mais-Reinanbaus erreicht werden konnte. Hier zeigten sich die Kombinationen mit der Stangenbohnsorte 'WAV512' als ertragsstark im Vergleich zum reinen Maisanbau. In den anderen vier Umwelten war der Mais sowohl mit reduzierter als auch normaler Bestandesdichte im Reinanbau dem Misanbau überlegen, am Standort Wiebrectshausen sogar sehr deutlich.

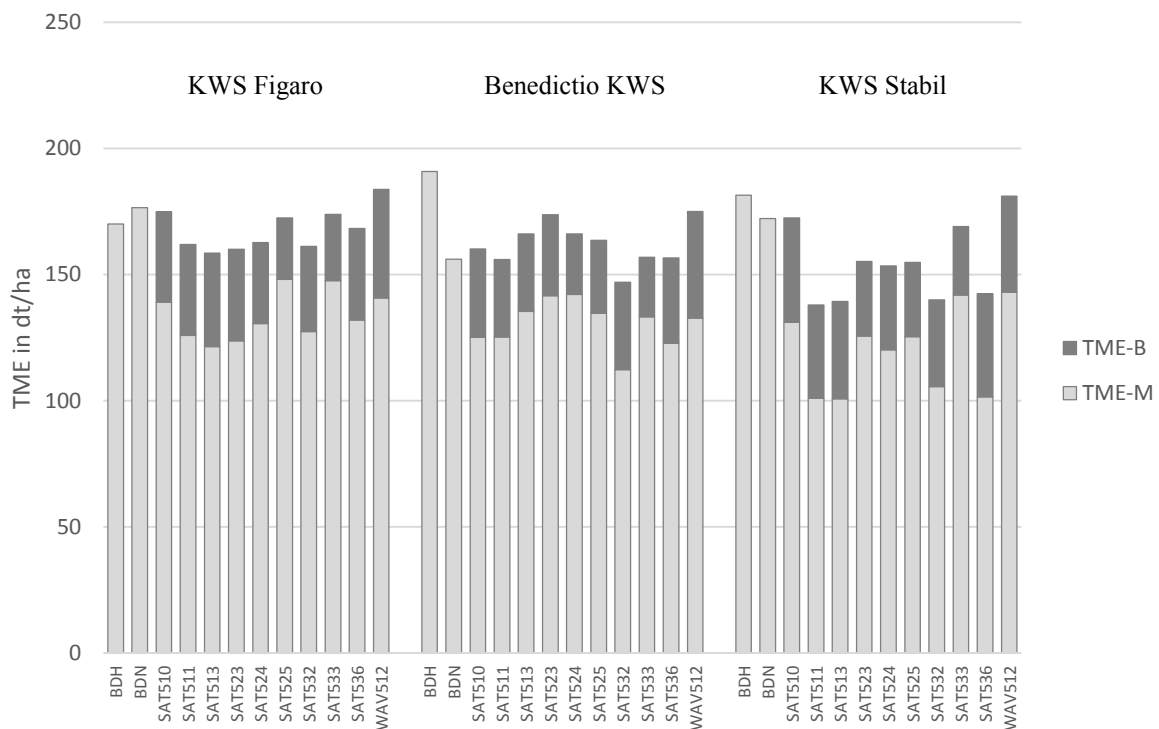


Abbildung 21: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile der Mais/Bohnen-Kombinationen sowie des Maises im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² (BDN) und 10 Pflanzen/m² (BDH) am Standort Einbeck ohne Stickstoffdüngung.

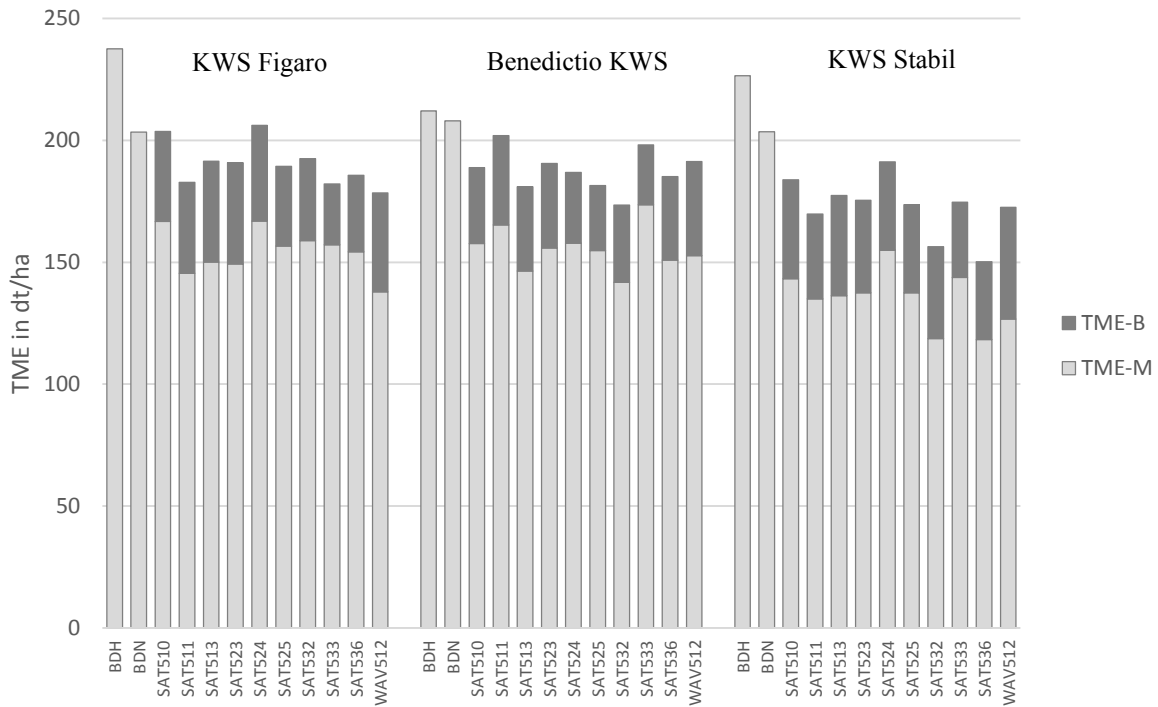


Abbildung 22: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile der Mais/Bohnen-Kombinationen sowie des Mais im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² (BDN) und 10 Pflanzen/m² (BDH) am Standort Einbeck mit Stickstoffdüngung.

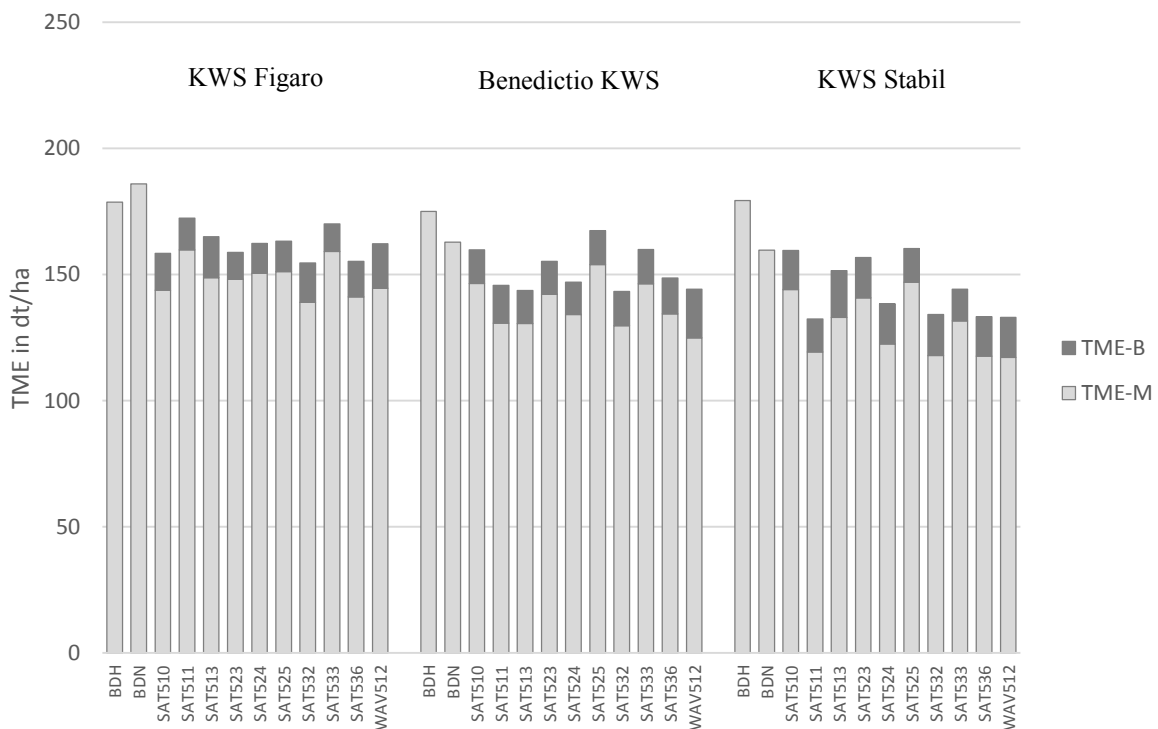


Abbildung 23: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile der Mais/Bohnen-Kombinationen sowie des Mais im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² (BDN) und 10 Pflanzen/m² (BDH) am Standort Göttingen ohne Stickstoffdüngung.

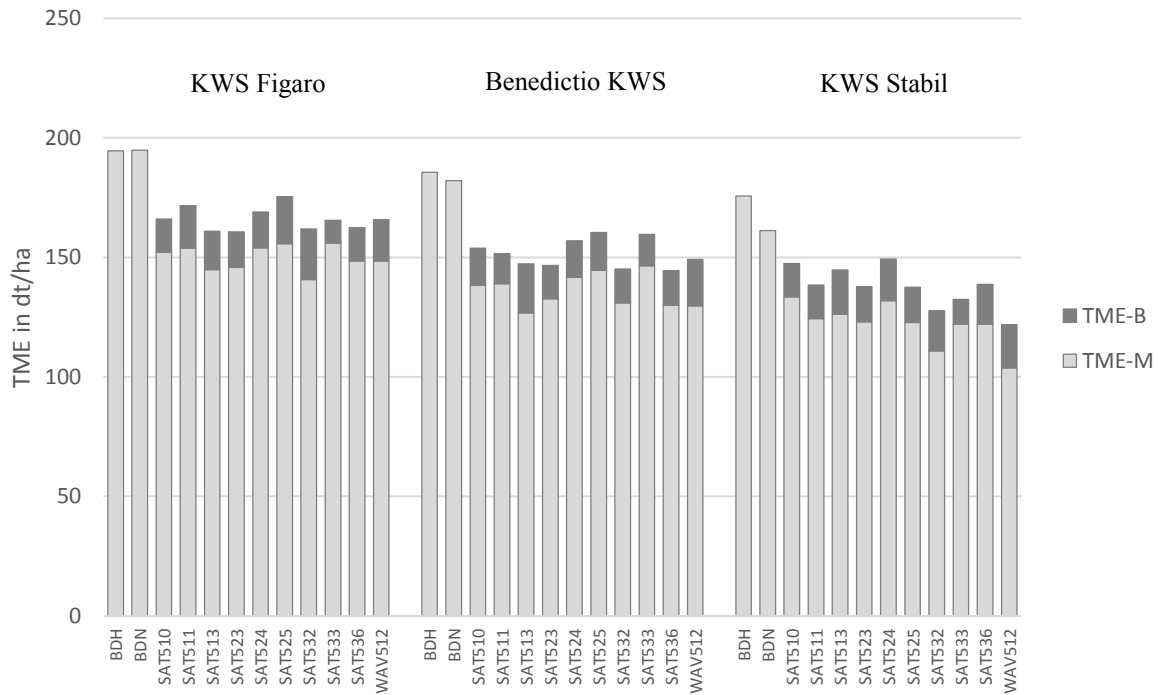


Abbildung 24: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile der Mais/Bohnen-Kombinationen sowie des Mais im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² (BDN) und 10 Pflanzen/m² (BDH) am Standort Göttingen mit Stickstoffdüngung.

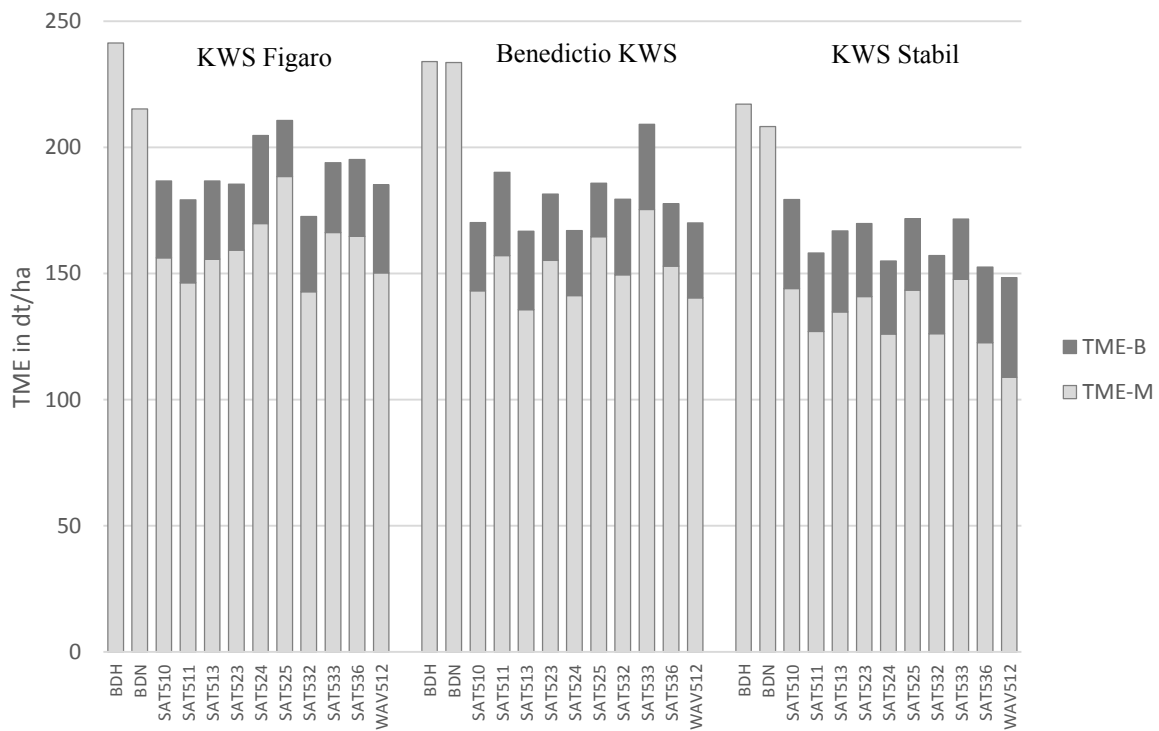


Abbildung 25: Vergleich der Trockenmasseerträge sowie Ertragsanteile der Mais/Bohnen-Kombinationen sowie des Mais im Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² (BDN) und 10 Pflanzen/m² (BDH) am Standort Wiebrechtshausen.

2.3.3.3 Rohproteingehalte und -erträge

Im Versuchsjahr 2017 wurden aus allen Versuchspartellen aller Umwelten Ernteproben genommen, um den Rohproteingehalt der ganzen Stangenbohnenpflanzen zu bestimmen. Anhand dieser Werte wurden auch die Rohproteinerträge pro Hektar ermittelt. Die Ergebnisse aus diesen Analysen werden im Folgenden aufgeführt.

Der Rohproteingehalt der gesamten Bohnenpflanze betrug im Durchschnitt über alle gemessenen Proben 16,49 %. Wie in Abbildung 26 zu sehen unterschieden sich hier einige der Stangenbohnsensorten signifikant voneinander. Die Heritabilität war mit 82 % zudem hoch. Anhand der Varianzkomponenten in Tabelle 26 lässt sich aber ableiten, dass der weitaus größere Einfluss auf den Rohproteingehalt der gesamten Bohnenpflanze von der Umwelt ausgeübt wurde. Dies wird in Abbildung 27 verdeutlicht. Am Standort Einbeck konnten im Vergleich zu den Standorten Göttingen und Wiebrechtshausen signifikant höhere Rohproteingehalte erreicht werden. Dabei fällt auf, dass die Variante der Stickstoffdüngung keinerlei Auswirkung auf den Rohproteingehalt hatte.

Tabelle 26: Ergebnisse der ANOVA für den Rohproteingehalt der gesamten Bohnenpflanze über alle Stangenbohnsensorten und alle Umwelten des Versuchsjahres 2017.

Varianzursache	FG	MQ	VarK	GD
B	9	14.33	0.40**	0.84
U	4	236.36	3.89**	0.60
W:U	5	9.75	0.27**	0.65
B x U	36	2.59	0.16*	1.45
Rest	245	1.62	1.62	
h^2_B	81.92			

B = Stangenbohnsorte, U = Umwelt, W:U = Wiederholung innerhalb einer Umwelt, h^2_B = Heritabilität der Stangenbohnsorte, FG = Freiheitsgrade, MQ = mittlere Abweichungsquadrate, VarK = Varianzkomponente, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, *, ** = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

In der Variante ohne Stickstoffdüngung am Standort Einbeck war der Rohproteingehalt mit 18,81 % im Durchschnitt sogar am höchsten gegenüber den übrigen Standorten und gegenüber 18,50 % in der Variante mit normaler Stickstoffdüngung in Einbeck. Die Standorte Göttingen und Wiebrechtshausen unterschieden sich mit 14,85 % (GOE-0), 15,15 % (GOE-N) und 15,13 % (WIE) wiederum nicht signifikant voneinander. Neben Proben von allen Stangenbohnen wurden zusätzlich Maisproben aus allen Partellen der ersten Wiederholung am Standort Einbeck hinsichtlich ihres Rohproteingehaltes analysiert. Zwischen den Maissorten gab es hier keine signifikanten Unterschiede, jedoch wurde in der Va-

riante ohne Stickstoffdüngung mit durchschnittlich 5,1 % gegenüber 6,0 % in der normal gedüngten Variante ein signifikant niedrigerer Wert ermittelt.

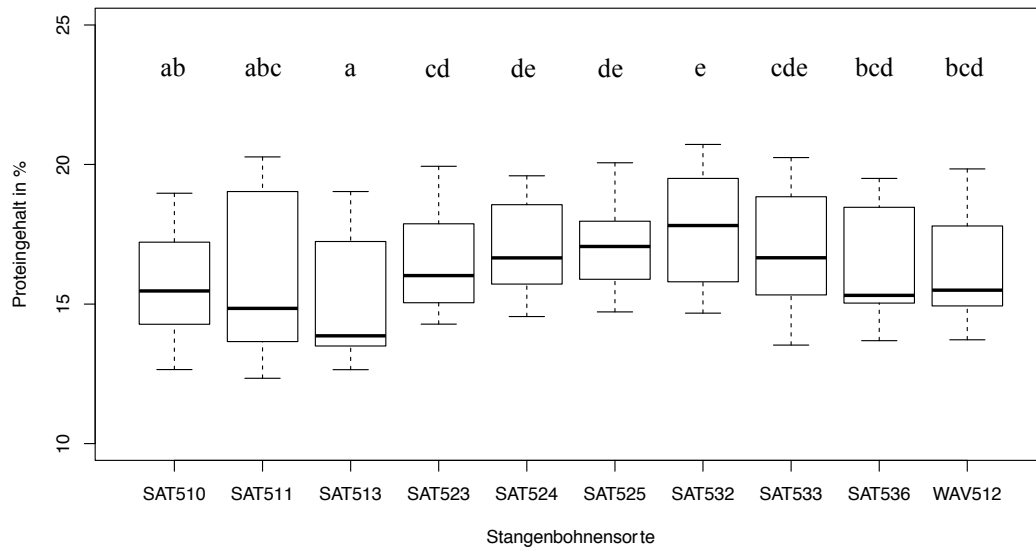


Abbildung 26: Boxplots der Rohproteingehalte aller getesteten Stangenbohnsensorten aus dem Feldversuchsjahr 2017 über alle 5 Umwelten. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).

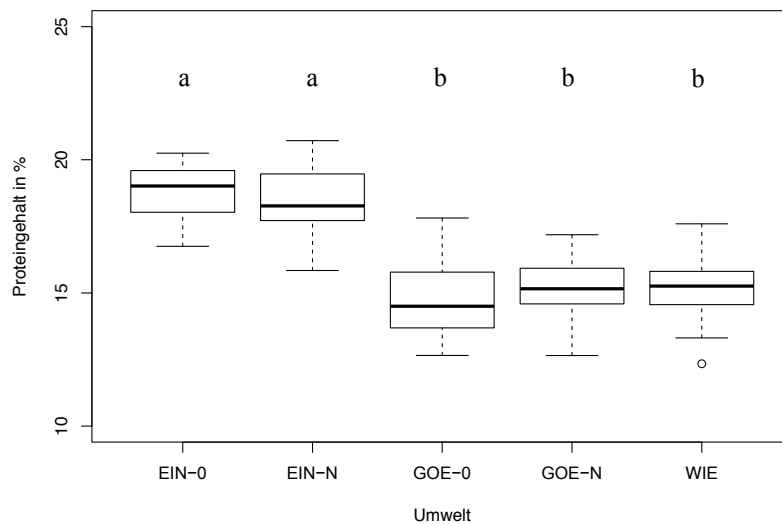


Abbildung 27: Boxplots der Rohproteingehalte in allen 5 Umwelten aus dem Feldversuchsjahr 2017 über alle getesteten Stangenbohnsensorten. EIN-0 = Standort Einbeck ohne Stickstoffdüngung, EIN-N = Standort Einbeck mit Stickstoffdüngung, GOE-0 = Standort Göttingen ohne Stickstoffdüngung, GOE-N = Standort Göttingen mit Stickstoffdüngung, WIE = Wiebrechtshausen. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).

Berechnet man aus diesen Werten die Rohproteingehalte der Mischanbauten (siehe Tabelle 27), so ergeben sich signifikante höhere Werte der Mischanbauten gegenüber dem Mais-Reinanbau. Für die Umwelten GOE-0, GOE-N und WIE, in denen der Stickstoffgehalt der Maispflanzen nicht bestimmt wurde, wurde dabei ein Rohproteingehalt für die Maispflanze von 6,0 % angenommen, da hier (ebenso wie in EIN-N) kein Stickstoffmangel vorherrschte.

Tabelle 27: Rohproteingehalte der Mischanbauten bzw. des Mais-Reinanbaus in % über alle drei getesteten Maissorten aus dem dritten Feldversuchsjahr 2017.

	EIN-0	EIN-N	GOE-0	GOE-N	WIE
BDH	5.10	6.00	6.00	6.00	6.00
BDN	5.10	6.00	6.00	6.00	6.00
SAT510	8.03	8.08	6.74	6.78	7.47
SAT511	8.32	8.64	6.70	6.87	7.36
SAT513	8.04	8.53	6.76	6.89	7.53
SAT523	7.83	8.59	6.71	6.95	7.47
SAT524	7.70	8.27	6.92	6.94	7.76
SAT525	7.40	8.21	6.77	7.09	7.30
SAT532	8.41	8.81	7.19	7.17	7.66
SAT533	7.36	7.87	6.67	6.70	7.41
SAT536	8.40	8.41	6.90	6.86	7.45
WAV512	8.28	8.64	7.12	7.10	7.97
<i>Mittelwert *</i>	7.98	8.40	6.85	6.94	7.54
<i>GD</i>	0.64	0.50	0.24	0.22	0.39

* Mittelwert der Mischanbauten, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, BDN = Mais-Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m², BDH = Mais-Reinanbau mit 10 Pflanzen/m², EIN-0 = Standort Einbeck ohne Stickstoffdüngung, EIN-N = Standort Einbeck mit Stickstoffdüngung, GOE-0 = Standort Göttingen ohne Stickstoffdüngung, GOE-N = Standort Göttingen mit Stickstoffdüngung, WIE = Wiebrechtshausen

Der Rohproteingehalt des Gemenges lag am Standort Einbeck im Durchschnitt mit 2,88 % bzw. 2,40 % an der Trockenmasse über dem des Mais-Reinanbaus. Dies entspricht einer relativen Steigerung von 56,5 % bzw. 40 %. Am Standort Göttingen dagegen konnte der Rohproteingehalt im Schnitt um weniger als 1 % an der Trockenmasse gesteigert werden und in Wiebrechtshausen um 1,54 %. Für die Berechnung des Rohproteinertrages der Mischanbauten (siehe Tabelle 28) wurden anschließend die ermittelten Rohproteingehalte mit den jeweiligen Trockenmasseerträgen multipliziert. Die ermittelten Rohproteinerträge zeigten dabei wie die Bohnen-Trockenmasseerträge und die Rohproteingehalte eine Abhängigkeit von der Test-Umwelt.

Tabelle 28: Rohproteinерträge der Mischanbauten bzw. des Mais-Reinanbaus in dt/ha über alle drei getesteten Maissorten aus dem dritten Feldversuchsjahr 2017.

	EIN-0	EIN-N	GOE-0	GOE-N	WIE
BDH	9.22	13.52	10.66	11.11	13.85
BDN	8.58	12.30	10.17	10.76	13.14
SAT510	13.53	15.46	10.72	10.55	13.35
SAT511	12.57	15.93	10.04	10.58	12.94
SAT513	12.31	15.60	10.37	10.39	13.03
SAT523	12.75	15.93	10.52	10.31	13.35
SAT524	12.31	16.11	10.30	10.99	13.61
SAT525	12.08	14.90	11.07	11.18	13.76
SAT532	12.54	15.28	10.34	10.37	12.98
SAT533	12.26	14.52	10.52	10.78	14.22
SAT536	12.97	14.56	10.03	10.73	13.00
WAV512	14.89	15.59	10.40	10.30	13.33
<i>Mittelwert *</i>	<i>12.82</i>	<i>15.39</i>	<i>10.43</i>	<i>10.62</i>	<i>13.36</i>
<i>GD</i>	<i>1.03</i>	<i>1.25</i>	<i>0.87</i>	<i>1.03</i>	<i>1.37</i>

* Mittelwert der Mischanbauten, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, BDN = Mais-Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m², BDH = Mais-Reinanbau mit 10 Pflanzen/m², EIN-0 = Standort Einbeck ohne Stickstoffdüngung, EIN-N = Standort Einbeck mit Stickstoffdüngung, GOE-0 = Standort Göttingen ohne Stickstoffdüngung, GOE-N = Standort Göttingen mit Stickstoffdüngung, WIE = Wiebrechtshausen

Am Standort Göttingen wurden in beiden Umwelten die niedrigsten Rohproteinерträge erzielt. In der Umwelt Einbeck mit Stickstoffdüngung waren die Rohproteinерträge mit 15,39 dt/ha dagegen am höchsten. Für die Bewertung der Rohproteinерträge der Mischanbauten ist wiederum ein Vergleich zum Rohproteinерtrag des Mais-Reinanbaus interessant. In Abbildung 28 ist deshalb die Mehr- bzw. Minderleistung der jeweiligen Stangenbohnsensorten im Mischanbau über alle drei getesteten Maissorten in Prozent relativ zum reinen Maisanbau mit hoher Bestandesdichte von 10 Pflanzen/m² dargestellt. Es zeigte sich hier, dass insbesondere am Standort Einbeck ohne Stickstoffdüngung die Mischanbauten deutlich höhere Rohproteinерträge lieferten als der reine Maisanbau. Diese stellten hier eine relative Steigerung von 30,97 % für die Sorte ‘SAT525‘ bis hin zu 61,55 % für die Sorte ‘WAV512‘ dar. Am Standort Einbeck konnte auch trotz einer erfolgten Stickstoffdüngung der Rohproteinерtrag im Mischanbau ebenfalls signifikant erhöht werden. Mit einer relativen Steigerung von 7,36 % (SAT533) bis 19,12 % (SAT524) fiel der Unterschied jedoch erwartungsgemäß geringer aus als im nicht mit Stickstoff gedüngten Versuch. An den Standorten Göttingen und Wiebrechtshausen erreichte der Mischanbau dagegen etwas niedrigere Rohproteinерträge als der Mais-Reinanbau. Das Signifikanzniveau wurde hier aber nicht erreicht. Für GOE-0 und GOE-N betrug der Minderertrag durchschnittlich 2,11 % bzw. 4,44 %, welcher durch die verhältnismäßig geringen Bohnenanteile im Gemenge zu erklären ist. In WIE wurden ebenfalls, trotz vergleichbarer Bohnenanteile wie in Einbeck, um 3,55 % geringere Rohproteinерträge ermittelt. Grund hierfür waren zum einen die sehr hohen Trockenmasseerträge des Mais-Reinanbaus und zum anderen die relativ niedrigeren Rohproteinergehalte der Stangenbohnen.

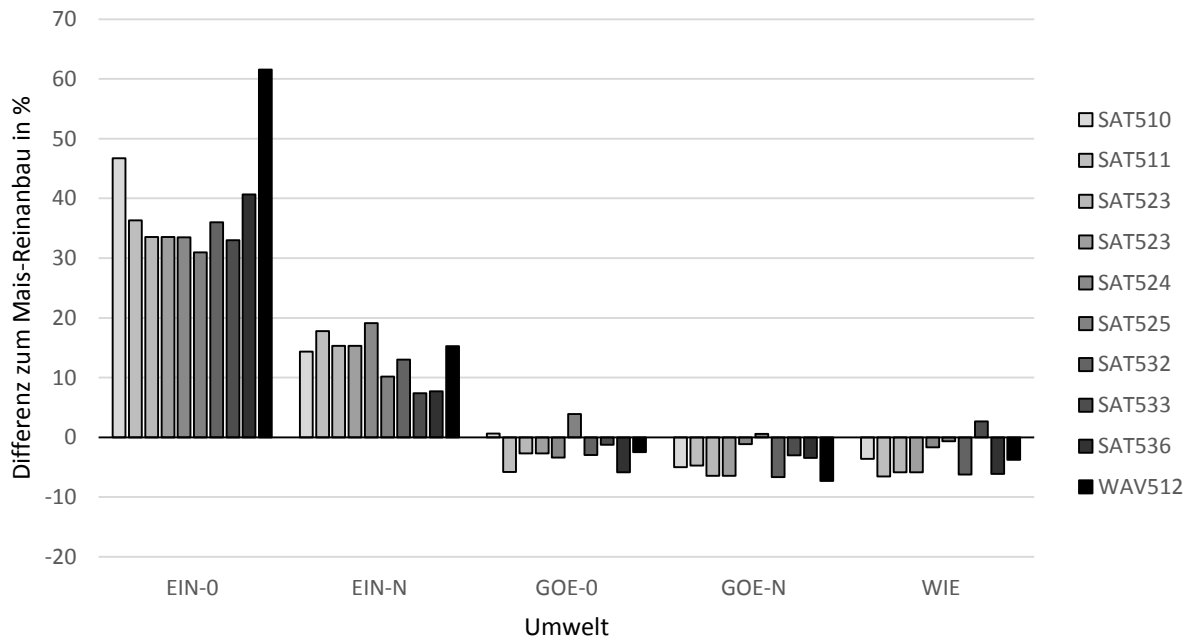


Abbildung 28: Relative Rohproteinerträge der Mischanbauten im Vergleich zum Mais-Reinanbau mit hoher Bestandesdichte (BDH) aus dem Feldversuchsjahr 2017, EIN-0 = Standort Einbeck ohne Stickstoffdüngung, EIN-N = Standort Einbeck mit Stickstoffdüngung, GOE-0 = Standort Göttingen ohne Stickstoffdüngung, GOE-N = Standort Göttingen mit Stickstoffdüngung, WIE = Wiebrechtshausen.

2.3.4 Vergleich der Feldversuchsjahre

Ein Vergleich der Mais/Stangenbohnen-Mischanbauten über alle drei Versuchsjahre ist nicht ohne weiteres möglich, da sich der Versuchsaufbau in jedem Versuchsjahr unterschied und vor allem die getesteten Mais- und Stangenbohnsensorten in jedem Jahr wechselten. Lediglich die Kombinationen aus der Maissorte ‘KWS Figaro‘ mit den Stangenbohnsensorten ‘SAT510‘ und ‘SAT511‘ wurden konstant über alle Versuchsjahre angebaut. Die Stangenbohnsensorten ‘SAT513‘ und ‘WAV512‘ waren ebenfalls über alle drei Jahre Teil der Versuche. Ein Anbau mit der Maissorte ‘KWS Figaro‘ erfolgte hier jedoch im ersten Versuchsjahr 2015 nicht. Um die Leistungsfähigkeit dieser Stangenbohnsensorten im Vergleich zueinander zu beurteilen, sollen deshalb die Bohnen-Trockenmasseerträge im Verlauf der Versuchsjahre betrachtet werden (siehe Abbildung 29). Es zeigte sich, dass die vier genannten Stangenbohnsensorten im ersten Versuchsjahr 2015 im Mittel keine signifikanten Unterschiede im Bohnen-Trockenmasseertrag besaßen. Im zweiten Versuchsjahr erreichten dagegen ‘SAT513‘ sowie ‘WAV512‘ signifikant höhere Bohnen-Trockenmasseerträge. Im letzten Versuchsjahr konnte ‘WAV512‘ sogar gegenüber allen anderen Sorten einen signifikant höheren Ertrag erzielen.

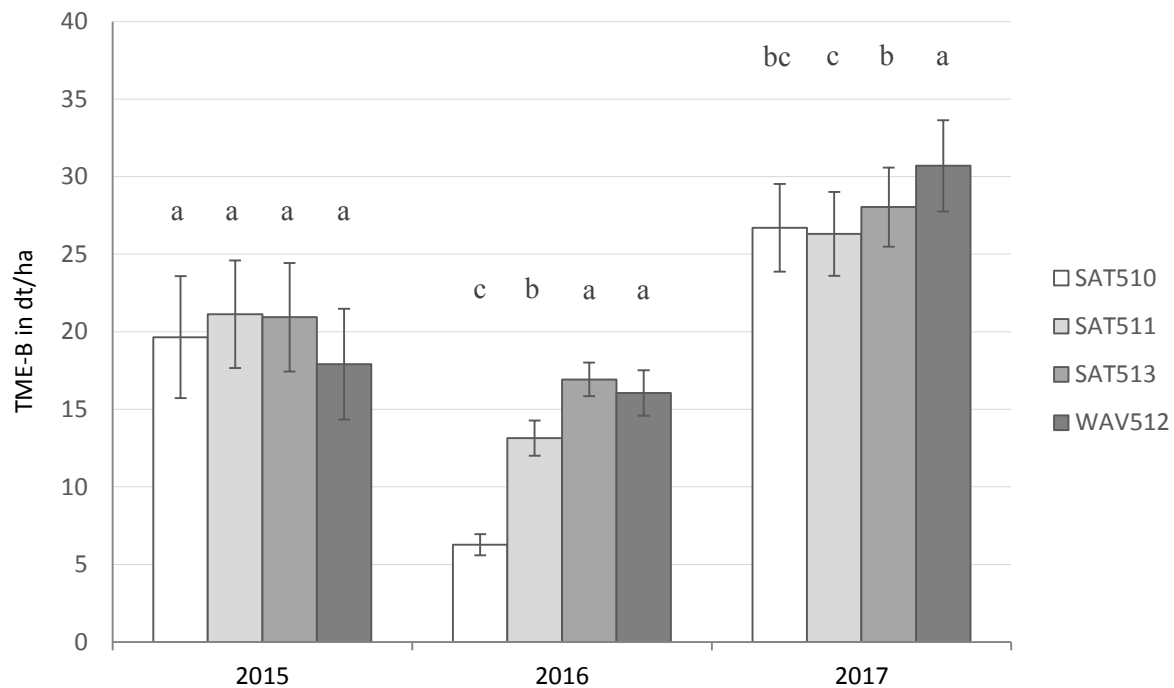


Abbildung 29: Mittelwerte der Stangenbohnsensorten in den einzelnen Versuchsjahren, berechnet über alle Maissorten und alle ausgewerteten Standorte bzw. Umwelten. Für 2016 gingen nur Daten des frühen Saattermins der Bohnen ein. Die gezeigten Fehlerindikatoren geben den Standardfehler des Mittelwertes an. Unterschiedliche Buchstaben signalisieren signifikante Unterschiede der Mittelwerte (Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit).

Vielmehr lassen sich aber als Zusammenfassung der Daten aller drei Versuchsjahre allgemeine Aussagen über den Mischanbau von Mais mit Stangenbohnen treffen, welche insbesondere Varianzursachen sowie Korrelationen der Ertragsmerkmale untereinander sowie zu anderen Merkmalen betreffen. Dabei lässt sich festhalten, dass in allen drei Versuchsjahren die Heritabilitäten der Ertragsmerkmale in Bezug auf die Mais- bzw. Stangenbohnsorte sehr hoch waren. Die Ergebnisse der Varianzanalysen zeigten zudem einheitlich, dass vor allem die Wahl der Maissorte einen hoch signifikanten Einfluss auf den Mais- und Gesamt-Trockenmasseertrag, aber auch aufgrund der Konkurrenzeffekte auf den Bohnen-Trockenmasseertrag ausübte. Die Wahl der Stangenbohnsorte hatte zudem immer einen hoch signifikanten Einfluss auf den Bohnen-Trockenmasseertrag im Gemenge. In Jahren mit einem hohen Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse des Mischanbaus (2015 und vor allem 2017) war der Einfluss auf den Mais-Trockenmasseertrag und damit auch auf den Gesamt-Trockenmasseertrag signifikant.

Weiterhin konnten für die Versuchsjahre 2015 und 2017 ein sehr hoher Einfluss des Standortes bzw. der Umwelt auf die Ertragsmerkmale beobachtet werden. Insbesondere im ersten Versuchsjahr 2015 zeigte sich, dass die Erträge des Mischanbaus sehr stark von den äußeren Umweltbedingungen abhängen. Zudem bestand im Mischanbau allgemein eine deutliche negative Korrelation zwischen dem Mais-Trockenmasse- und dem Bohnen-Trockenmasseertrag. Wie in Tabelle 29 dargestellt, manifes-

tierte sich dieser Zusammenhang in allen Versuchsjahren. Aufgrund der extrem starken positiven Korrelation zwischen dem Trockenmasseertrag des Mais im Gemenge und dem Gesamt-Trockenmasseertrag des Gemenges ergab sich auch eine negative Korrelation zwischen Bohnen-Trockenmasse- und Gesamt-Trockenmasseertrag. Die Versuchsjahre 2015 und 2016, in denen jeweils acht Maissorten im Gemenge getestet wurden, zeigten zudem, dass Maissorten aus späteren Reife-
gruppen (d. h. mit einem niedrigeren Trockensubstanzgehalt zum Erntetermin) neben höheren Mais-Trockenmasseerträgen im Gemenge auch höhere Gesamt-Trockenmasseerträge bewirkten. Im Gegensatz dazu ermöglichten diese späteren Maissorten jedoch einen niedrigeren Bohnen-Trockenmasseertrag.

Für die Stangenbohnen konnte solch eine Beziehung zwischen dem Stadium der Abreife und dem letztendlich erzielten Bohnen-Trockenmasseertrag nicht beobachtet werden. Tabelle 29 zeigt, dass keine signifikanten Korrelationen zwischen dem Trockensubstanzgehalt und dem Trockenmasseertrag der Bohnen existierten. Die Schätzung des Bohnenertrages mithilfe des Zeitpunktes des Blühbeginns der Bohnen ließ sich ebenfalls nicht einheitlich durchführen. Die Korrelationskoeffizienten aus allen Versuchsjahren zeigten dagegen aber, dass sich mittels einer visuellen Bonitur der Biomasse vor Erntezeitpunkt der Bohnenertrag gut abschätzen ließ. Hier wurde stets eine sehr starke und signifikante Korrelation beobachtet.

Tabelle 29: Korrelationskoeffizienten ausgewählter Merkmale aus allen drei Versuchsjahren.

	2015 ¹	2016 ²	2017
TME-B : TME-M	-0.837** bzw. -0.636*	-0.880**	-0.788**
TME-B : TME-G	-0.770* bzw. -0.013	-0.857**	-0.444
TME-M : TME-G	0.993** bzw. 0.748**	0.999**	0.867**
TME-B : BlBeg	-0.569 bzw. 0.298	-0.671	0.308
TME-B : TSG-B	-0.456 bzw. 0.109	-0.273	0.021
TME-B : TSG-M	0.624 bzw. 0.869**	0.893**	0.404
TME-M : TSG-M	-0.889** bzw. -0.628*	-0.795*	-0.048
TME-G : TSG-M	-0.918** bzw. -0.145	-0.775*	0.128
TME-B : spBM	0.776* bzw. 0.690*	0.828*	0.845**

¹die erste Zahl gibt die Korrelation der Daten aus der Kombination von 8 Maissorten mit 4 Bohnensorten, die zweite Zahl aus der Kombination von 4 Maissorten mit 12 Bohnensorten an. ²Angegeben sind die Korrelationskoeffizienten der Daten des frühen Saattermins der Bohnen. TME-M = Mais-Trockenmasseertrag, TME-B = Bohnen-Trockenmasseertrag, TME-G = Gesamt-Trockenmasseertrag, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, BlBeg = Blühbeginn der Bohnen, spBM = späte Bonitur der Biomasse

Der Vergleich der Gesamt-Trockenmasseerträge der Mais/Bohnen-Mischanbauten mit denen des Mais-Reinanbaus mit der praxisüblichen Bestandesdichte von 10 Pflanzen/m² zeigte außerdem, dass in allen Versuchsjahren ein Ertragsrückgang zu verzeichnen war. Dieser war aber sehr stark von dem Versuchsjahr und auch -ort abhängig und lag im Bereich zwischen 1,6 % (Göttingen, 2015) und 23,5 % (Wiebrechtshausen, 2017). Das Ertragsniveau des Mais-Reinanbaus mit reduzierter Bestandesdichte von 7,5 Pflanzen/m² unterschied sich dagegen in den Versuchsjahren 2015 und 2016 nicht signifikant von dem des Mischanbaus. Im Versuchsjahr 2017 hingegen war selbst hier ein signifikanter Ertragsrückgang im Mischanbau zu beobachten. Dies zeigte, dass insbesondere im Fall von hohen Bohnenerträgen bzw. bei hohen Anteilen des Bohnenertrages an dem Gesamtertrag des Gemenges der Mais-Reinanbau im Gesamtertrag deutlich überlegen war.

2.4 Diskussion

Die vorliegende Arbeit knüpft an die Dissertation von Hoppe (2015) an, in der das Mischanbausystem Mais/Stangenbohnen bereits über drei Versuchsjahre hinweg ausführlich untersucht wurde. Der Fokus lag dabei auf der Selektion geeigneter Maishybriden für den Mischanbau. Gleichzeitig wurden aber auch hier bereits pflanzenbauliche Maßnahmen sowie eine geeignete Sortenwahl der Stangenbohnen diskutiert. Parallel zu der genannten Arbeit fanden auch Untersuchungen anderer Arbeitsgruppen, welche auch teilweise in Kooperation mit der Georg-August-Universität Göttingen arbeiteten, statt.

Die Ergebnisse dieser Arbeiten sollen zusammen mit den Ergebnissen der vorliegenden Arbeit genutzt werden, um ein möglichst weitreichendes Bild über den Mischanbau von Mais und Stangenbohnen im Allgemeinen sowie insbesondere über die Wahl geeigneter Stangenbohnsorten im Speziellen zu zeichnen.

2.4.1 Trockenmasseerträge

In den vorherigen Abschnitten wurden ausführlich Ertragsergebnisse von Feldversuchen aus drei Jahren vorgestellt. Dabei wurde stets zwischen dem Bohnen-Trockenmasse- und dem Mais-Trockenmasseertrag des Mischanbaus unterschieden. Die Summe aus beiden Ertragskomponenten ergab den Gesamt-Trockenmasseertrag des Gemenges. In anderen Forschungsprojekten wurde zumeist die Leistungsfähigkeit des Mischanbaus vor allem durch Bestimmung des Gesamtertrages einer Parzelle beurteilt. Eine Schätzung des Anteils des Bohnenertrages an dem Gesamtertrag des Gemenges erfolgte nur durch die Handernte der Bohnen in wenigen ausgewählten Parzellen (Hoppe 2015) oder durch die Ernte eines kleinen Teilstückes einer Parzelle (Davis und Garcia 1987, Dawo *et al.* 2007, Nurk *et al.* 2017). In der vorliegenden Arbeit wurden die Handernte der Stangenbohnen und die anschließende maschinelle Ernte des Maises dagegen in der gesamten Parzelle und in allen Parzellen aller Versuchsjahre durchgeführt. Diese Datenlage machte es deshalb möglich, verlässliche Aussagen über den tatsächlichen Beitrag der Stangenbohnsorten zur Ertragsfähigkeit des Mischanbaus sowie dessen Variation zu treffen.

Um die Leistungsfähigkeit einzelner Mais/Stangenbohnen-Kombinationen zu beurteilen wurden vor allem die Höhe des Gesamtertrages und gleichzeitig die Höhe des Bohnenertrages im Gemenge genutzt. Es ist offensichtlich, dass ein gewisses Ertragsniveau der Bohnen erreicht werden muss, damit die ökologischen Vorteile des Anbaus der Leguminose zum Tragen kommen. Für eine Nutzung als Biogassubstrat bringen womöglich auch geringere Bohnenanteile im Gemenge schon einen ökologischen Mehrwert. Leider sind aber zu den konkreten Umwelteffekten des Mais/Stangenbohnen-

Mischanbaus bisher keine Arbeiten bekannt bzw. veröffentlicht worden. Für die Nutzung des Ernteproduktes zur Tierernährung und die damit verbundene angestrebte Erhöhung des Rohproteingehaltes der aus dem Gemenge produzierten Silage muss dagegen ein besonders hoher Ertragsanteil der Bohne angestrebt werden. Gleichzeitig sind aber hohe Gesamt-Trockenmasseerträge nötig, um mit dem Mais-Reinbau konkurrieren zu können.

In bisher veröffentlichten Arbeiten zum Mais/Stangenbohnen-Mischanbau kam dagegen oft ein recht niedriges Ertragsniveau zustande. Dawo (2011) erzielten zwar Bohnenertragsanteile von 12–23 %, jedoch lagen die Gesamterträge stets unter 140 dt/ha. Bei Hoppe (2015) konnten Gesamt-Trockenmasseerträge der Gemenge von über 200 dt/ha erreicht werden. Der Anteil der Bohnen lag jedoch nur bei 5–13 %. Auch bei Fischer *et al.* (2015) konnten nur Anteile der Bohnen an der Gesamt-Trockenmasse von weniger als 10 % beobachtet werden. Zudem war das Ertragsniveau mit maximal 160 dt/ha auch hier relativ niedrig. Die besten Mais/Stangenbohnen-Bestände wurden bisher bei Nurk *et al.* (2017) beobachtet. Hier konnten bei einem Anteil der Bohnen von 20–30 % Gesamt-Trockenmasseerträge von 150–200 dt/ha geerntet werden. In unseren Feldversuchen wurde teilweise ein ähnlich hohes Ertragsniveau realisiert. Im Durchschnitt über alle Kombinationen konnte im ersten Versuchsjahr ein Gesamt-Trockenmasseertrag von ca. 210 dt/ha (Standort Einbeck) bzw. ca. 170 dt/ha (Standort Göttingen) bei einem Bohnen-Trockenmasseertrag von ca. 30 bzw. 12 dt/ha erzielt werden. Im Durchschnitt aller Parzellen entsprach dies zwar nur einem Anteil der Bohnen an der Gesamt-Trockenmasse von knapp 15 bzw. 7 %. Die besten Parzellen erzielten am Standort Einbeck aber Bohnenerträge von knapp 40 dt/ha, was einen Bohnenanteil von etwa 20 % ergab. Im zweiten Versuchsjahr waren die Gesamterträge mit im Mittel 224 dt/ha sehr hoch, die Anteile der Bohnen dagegen mit maximal 11,53 % (was in etwa 22 dt/ha entsprach) sehr gering. Im dritten Versuchsjahr 2017 konnten erneut sehr hohe Bohnen-Trockenmasseerträge erzielt werden. Diese lagen zwischen durchschnittlich 14,4 dt/ha für den Standort Göttingen ohne Stickstoffdüngung und 35,2 dt/ha am Standort Einbeck mit Stickstoffdüngung und bildeten damit zwischen 9,4 % bzw. 19,3 % der Gesamt-Trockenmasse des Gemenges. Der maximale Bohnenertrag lag hier bei 45,90 dt/ha und einem Anteil der Bohnen an der Gesamtmasse von knapp 30 %. Die Gesamt-Trockenmasseerträge lagen zwischen durchschnittlich 152,4 dt/ha und 185,2 dt/ha und damit auf einem insgesamt niedrigen bis mittleren Niveau.

Diese Werte machen deutlich, dass es generell deutliche Schwankungen der Bohnen- sowie Gesamterträge zwischen den Jahren und auch zwischen den Standorten gab. Besonders auffällig waren die großen Ertragsunterschiede zwischen den Standorten im Jahr 2015. Obwohl beide Felder nur ca. 40 km voneinander entfernt lagen, führten selbst geringe Unterschiede in den Witterungsbedingungen dazu, dass der Bohnenertrag in Einbeck im Durchschnitt mehr als doppelt so hoch war als am Standort Göttingen. Der Gesamtertrag aller Parzellen lag in Einbeck gleichzeitig 20 % über dem in Göttingen. Die hohe Variation der Erträge zwischen den Versuchsjahren und -orten deckt sich mit den Ergebnissen aus Nurk *et al.* (2017). Auch hier wurden erhebliche Ertragseinbußen der Bohnen insbesondere bei

unterdurchschnittlichen Jahresniederschlagsmengen sowie bei ungünstigen Niederschlagsverteilungen beobachtet. In unserem Versuchsjahr 2015 herrschte eine ausgeprägte Vorsommertrockenheit (siehe Abbildung 30, Seite 85), wodurch sich vor allem die Bohnen zu Beginn der Vegetationsperiode deutlich verzögert und schließlich auch vermindert entwickelten. Dadurch erlangte der Mais einen Entwicklungsvorsprung, den die Bohnen nicht mehr aufholen konnten. Da der Mais im Allgemeinen relativ effizient in seiner Wassernutzung ist und Ertragsschäden durch Wassermangel vor allem erst während der Blüte zu erwarten sind (Claassen und Shaw 1970), manifestierte sich unter solchen Witterungsbedingungen die Dominanz des Maises und die damit verbundene starke Unterdrückung des Bohnenwachstums. Bohnenerträge im Mischanbau, so wie sie am Standort Einbeck im dritten Versuchsjahr 2017 zu beobachten waren, sind deshalb nur möglich, wenn vor allem in der Zeit nach der Saat ausreichende Niederschläge vorhanden sind bzw. die Wasserspeicherfähigkeit des Bodens ausreichend gegeben ist. Diese Beobachtungen zeigten somit, dass die Annahme, ein Mischanbau besitze eine größere Resilienz gegenüber unvorteilhaften Umweltbedingungen und könne dadurch Erträge besser absichern (FAO 2016), für den Mischanbau von Mais mit Stangenbohnen nicht zutrifft. Die Gefahr einer „Missernte“ und damit eines großen finanziellen Schadens bei geringer Wasserverfügbarkeit besteht jedoch dennoch kaum, da im Falle von sehr geringen Bohnenerträgen der Mais weiterhin als Leistungsträger fungieren kann.

2.4.2 Produktivität des Mischanbaus: Rohproteingehalte und -erträge

Primäres Ziel und zu gleich Herausforderung des Mais/Stangenbohnen-Mischanbaus ist es, die ökologischen Eigenschaften des Maisanbaus in Deutschland zu verbessern und durch einen erhöhten Proteingehalt des Erntegutes eine im Vergleich zum reinen Maisanbau qualitativ höherwertige Silage zu produzieren. Gleichzeitig soll eine hohe Produktivität des Mais/Stangenbohnen-Mischanbaus gegeben sein. Diese kann zum einen durch die Quantität des Ernteproduktes (also einem rein ertragsbasierten Vergleich mit dem Mais-Reinanbau) beurteilt werden. Daher wurden in dieser Studie, so wie auch in Hoppe (2015), Fischer *et al.* (2015) oder Nurk *et al.* (2017), alle Maissorten auch im Reinanbau mit der üblichen Bestandesdichte von 10 Pflanzen/m² getestet. Übereinstimmend zu den genannten Arbeiten zeigte sich über alle drei Versuchsjahre, dass der Mais/Stangenbohnen-Mischanbau im Durchschnitt einen niedrigeren Gesamtertrag gegenüber dem Mais-Reinanbau mit 10 Pflanzen/m² erzielte. In den Versuchsjahren 2016 und 2017 war dieser Ertragsrückgang um durchschnittlich 13,7 % bzw. 17,0 % im Vergleich zum Mais-Reinanbau zudem signifikant. Auch im Vergleich zum Mais-Reinanbau mit 7,5 Pflanzen/m² konnte kein Ertragsgewinn durch die Stangenbohnen erreicht werden. Es zeigte sich sogar, dass bei hohen Anteilen der Bohnen am Gesamtertrag, so wie es im Versuchsjahr 2017 zu beobachten war, der Ertragsrückgang des Maises im Gemenge stärker war als der zusätzlich erzielte Bohnenertrag.

Zum anderen kann die Produktivität auch anhand der Steigerung des Rohproteingehaltes im Vergleich zum reinen Mais beurteilt werden. Der Rohproteingehalt der gesamten Stangenbohnenpflanze lag dabei deutlich über dem der Maispflanze und unterschied sich zwischen wenigen Stangenbohnsensorten signifikant. Im Vergleich dazu gab es erstaunlicherweise aber eine deutlich größere Variation zwischen den Standorten. In Einbeck konnten sowohl in den mit Stickstoff gedüngten als auch in den nicht mit Stickstoff gedüngten Parzellen im Durchschnitt signifikant höhere Rohproteingehalte ermittelt werden als an den Standorten Göttingen und Wiebrechtshausen. Eine umweltbedingte Variation des Rohproteingehaltes ist auch in anderen Pflanzenarten, beispielsweise Reis (Gomez und Datta 1975), Weizen (Kramer 1979) oder Sojabohnen (Vollmann *et al.* 2000) zu beobachten und kann vor allem auf Unterschiede in den Niederschlagsmengen, dem Temperaturverlauf sowie der Stickstoffversorgung zwischen den Versuchsjahren zurückgeführt werden. Da Daten zum Rohproteingehalt der Stangenbohnen nur aus einem Versuchsjahr vorhanden waren ist es hier nicht möglich, Aussagen zur Variation zwischen unterschiedlichen Jahren zu treffen. Die beobachteten Unterschiede zwischen den Standorten lassen sich aber nicht ausreichend durch unterschiedliche Witterungsbedingungen erklären, da alle Standorte nur wenige Kilometer entfernt voneinander lagen und keine signifikanten Unterschiede in den Standorteigenschaften aufwiesen (vgl. Tabelle 4, Seite 14). Auch zeigte sich der Rohproteingehalt unabhängig von der Stickstoffversorgung der Stangenbohnen. Da keine signifikanten Unterschiede in der Versorgung mit anderen Nährstoffen oder in den Eigenschaften des Bodens zu erwarten waren, kann abschließend nicht geklärt werden, was der Grund für diese große Variation im Rohproteingehalt war.

Eine Steigerung des Rohproteingehaltes des Gemenges konnte aber an allen Standorten erzielt werden. Entsprechend des Rohproteingehaltes der Bohnen sowie des Anteils der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse des Gemenges schwankte diese jedoch ebenso zwischen den Standorten. Die umweltbedingte Abhängigkeit des Rohproteingehaltes des Erntegutes zeigte sich auch in anderen Arbeiten. So wurden von Steigerungen des Rohproteingehaltes einer maisbasierten Silage durch Addition von *Phaseolus*-Bohnen von 0,4 bzw. 1,3 % an der Trockenmasse (Contreras-Govea *et al.* 2009) bis hin zu 2,4 % (Dawo *et al.* 2007) oder 3,0 % (Htet *et al.* 2016) an der Trockenmasse berichtet. Bei einem künstlichen Gemenge mit einem Anteil der Bohnen von 50 % konnten Titterton und Maasdorp (1997) eine Steigerung um 5 % an der Trockenmasse feststellen. Aufgrund der Konkurrenzeffekte zwischen Mais und Stangenbohnen sind solch hohe Ertragsanteile bei einem gleichzeitig guten Ertragsniveau jedoch nicht realistisch, um den Rohproteingehalt des Gemenges weiter zu erhöhen. Die Unterschiede zwischen den Standorten zeigten aber, dass es sich lohnen könnte zu untersuchen, weshalb in Einbeck ein signifikant höherer Rohproteingehalt der Stangenbohnen zu beobachten war und dies zu nutzen, um so auch den Rohproteingehalt des Gemenges zu steigern.

Neben einem hohen Rohproteingehalt des Ernteproduktes ist aber gleichzeitig ein hoher Rohproteinertrag pro Hektar anzustreben – d. h., dass der Rohproteingehalt der Silage bei einem gleichzeitig hohen

Ertragsniveau signifikant gesteigert werden muss. In den beiden angeführten Arbeiten von Dawo *et al.* (2007) und Htet *et al.* (2016) lag der Gesamt-Trockenmasseertrag jeweils bei ca. 120 dt/ha. Dadurch ergaben sich hier Rohproteinerträge von ca. 12–13 dt/ha. In der vorliegenden Arbeit wurden ähnlich hohe Rohproteinerträge pro Hektar ermittelt. Dabei reichten diese von ca. 10,5 dt/ha am Standort Göttingen bis zu 15,39 dt/ha am Standort Einbeck mit Stickstoffdüngung. Es zeigte sich dabei, dass neben einer Erhöhung des Rohproteingehaltes ebenso eine deutliche Steigerung des Rohproteinertrages durch den Misanbau möglich ist. Dies war besonders deutlich, wenn die Misanbauten unter einem Stickstoffmangel erfolgten. Dadurch wird es sehr wahrscheinlich, dass sich der Anbau von Mais und Stangenbohnen auch aus ökonomischer Sicht lohnen kann. Anhand der monetären Bewertung verschiedener hypothetischer Szenarien wurde dies bereits ausführlich in Brandes (2017) gezeigt und konstatiert, dass ein hoher Bohnenanteil und damit ein hoher Rohprotein-Mehrertrag bei gleichzeitig hohen Sojapreisen für einen finanziellen Mehrertrag nötig sind. Wenn jedoch nur geringe Bohnenanteile am Gemenge erzielt werden und/oder der Mais-Reinbau deutlich höhere Trockenmasseerträge im Vergleich zum Misanbau erzielt, kann die Reduktion im Trockenmasseertrag nicht durch den gesteigerten Rohproteingehalt der Stangenbohnen kompensiert werden. In diesem Falle erzielt der Misanbau sogar geringere Rohproteinerträge als der Mais-Reinbau.

Gleichzeitig kann der Deckungsbeitrag des Misanbausystems erhöht werden, indem die Kosten für das Bohnensaatgut sowie für das Saatverfahren (d. h. durch eine simultane Aussaat) gesenkt werden. Ein zusätzlicher finanzieller Anreiz für Landwirte, Mais und Stangenbohnen anzubauen, könnte auch durch eine Aufnahme des Anbausystems in ein Förderprogramm im Rahmen der Agrarumwelt- und Klimamaßnahmen der Gemeinsamen Agrarpolitik (GAP) geschaffen werden. In diesem Falle würden indirekt die ökologischen Vorteile des Anbaus einer Leguminose monetarisiert werden. Bisher ist das Misanbausystem nur in wenigen Bundesländern (beispielsweise in Nordrhein-Westfalen und Baden-Württemberg) im Rahmen der Fördermaßnahme zur Anbaudiversifizierung als eigenständige Kultur akzeptiert (LWK NRW 2015). Eine Anerkennung als Ökologische Vorrangfläche (ÖVF) könnte hingegen zukünftig die Produktivität von Mais und Stangenbohne in finanzieller Hinsicht deutlich steigern und damit das Misanbausystem unabhängig vom Vergleich mit dem Mais-Reinbau lohnenswert gestalten.

2.4.3 Weitere erfasste Merkmale

Neben den Ertragsmerkmalen des Mais/Stangenbohnen-Mischanbaus, auf denen der Fokus dieser Arbeit lag, wurden auch noch weitere Merkmale erfasst. Dies waren zum einen Trockensubstanzgehalte des Erntegutes, welche zur Bestimmung des Trockenmasseertrages herangezogen wurden. Der Trockensubstanzgehalt des Ernteproduktes ist allgemein ein wichtiger Punkt, welcher von Praktikern im Laufe dieses Projektes mehrfach angesprochen wurde. Dieser darf zum einen nicht zu hoch sein, damit die Verdichtung des Erntematerials zur Silierung gut funktioniert und damit die Gefahr der Schimmelbildung während des Silierprozesses minimiert wird. Zum anderen darf dieser nicht zu niedrig sein, damit möglichst wenige Nährstoffverluste durch Gär- bzw. Sickersäfte auftreten. Wie die Ergebnisse in dieser Arbeit zeigten, besitzen ertragreiche Stangenbohnsensorten zum Erntezeitpunkt des Gemenges einen sehr geringen Trockensubstanzgehalt von nur ca. 15 % und senken dadurch erheblich den Trockensubstanzgehalt der gesamten Silage. Miller und Clifton (1965) stellten aber heraus, dass erst ab einem Trockensubstanzgehalt des Erntematerials von 30–32 % nicht mehr mit Gär- bzw. Sickersäften zu rechnen sei. Bei geringeren Trockensubstanzgehalten treten dagegen teils erhebliche Verluste auf – bei einem Trockensubstanzgehalt von 15 % waren es beispielsweise 10 % der Trockenmasse. Hinzu kommt, dass von Gär- bzw. Sickersäften neben den ökonomischen ebenso ökologische Gefahren ausgehen (Spiekers und Attenberger 2013). Daher sind Landwirte verpflichtet, in dem Falle durch bauliche Maßnahmen den Eintrag ins Grundwasser und in oberirdische Gewässer auszuschließen, was wiederum mit zusätzlichem Aufwand verbunden ist.

Da die Stangenbohnen im Vergleich zum Mais im Gemenge aber nur den geringeren Ertragsanteil ausmachen, wird der Trockensubstanzgehalt vor allem durch den Mais-Trockensubstanzgehalt bestimmt, welcher bei einem korrekten Erntetermin normalerweise ausreichend hoch ist. Wie das Versuchsjahr 2015 vor allem am Standort Einbeck zeigte, ist es aber dennoch möglich, dass durch hohe Ertragsanteile der Stangenbohnen der Trockensubstanzgehalt des Gemenges soweit herabgesetzt wird, dass 30 % nicht erreicht werden. Für Gemenge mit der Maissorte ‘KXB5172‘ konnte am Standort Einbeck 2015 im Durchschnitt beispielsweise nur ein Wert von 23,53 % ermittelt werden. Somit müsste man in diesem Falle sicherlich mit deutlichen Gär- bzw. Sickersäften rechnen. Grundsätzlich kann der Landwirt hier aber mit zwei Maßnahmen gegenwirken: Zum einen können früher abreifende Maissorten gewählt werden, welche zum üblichen Erntezeitpunkt des Mais bereits einen höheren Trockensubstanzgehalt besitzen. Zum anderen kann die Ernte des Gemenges etwas später erfolgen als normalerweise für den Mais vorgesehen. Durch beide Maßnahmen ergibt sich ein höherer Trockensubstanzgehalt des Mais, wodurch der niedrige Trockensubstanzgehalt der Stangenbohnen ausgeglichen werden kann. Im dritten Feldversuchsjahr 2017 konnten dadurch trotz sehr hoher Bohnenanteile ausreichend hohe Trockensubstanzgehalte der Mischanbauten erreicht werden.

Weiterhin wurden im Laufe der Feldversuche Merkmale der phänologischen Entwicklung der Stangenbohnen erhoben. Dies diente vor allem dazu, eventuell vorhandene signifikante Korrelationen zum Ertrag der Stangenbohnen zu erkennen, um eine zukünftige Selektion von neuen, besonders ertragreichen Stangenbohnen zu erleichtern und zu beschleunigen. Dafür wurden zum einen der Beginn des Rankens und der Blüte (sowie teilweise auch das Ende der Blüte) notiert, der Chlorophyllgehalt mit einem SPAD-Meter gemessen und eine Benotung der Wüchsigkeit bzw. der Biomasse der Stangenbohnen durchgeführt. Es zeigte sich, dass über alle Versuchsjahre keine konstant signifikanten Korrelationen des Rank- oder Blühbeginns und der SPAD-Werte zum Bohnenertrag beobachtet werden konnten. Die Messung des Chlorophyllgehaltes, um den Prozess der Seneszenz bei den Bohnen zu dokumentieren, schien zudem nicht wie beispielsweise beim Mais ausreichend informativ zu sein (Gekas *et al.* 2013). Im ersten Versuchsjahr zeigte die einzige Bohnensorte (SAT522), welche sich vor der Ernte bereits in der Abreifungsphase befand und deutlich gelbe Blätter aufwies, keine signifikant niedrigeren SPAD-Werte im Vergleich zu den übrigen Stangenbohnsorten. Aus diesem Grund wurde auf die SPAD-Messung im letzten Versuchsjahr 2017 verzichtet. Da bis auf ‘SAT522‘ alle anderen Stangenbohnsorten, die in den drei Versuchsjahren getestet wurden, als sehr spät abreifend betrachtet werden können, ist es keine Überraschung, dass keine signifikante Korrelation der Blüte zum Bohnenertrag zu erkennen war. Auch Untersuchungen in einem größeren Bohnenset, welches auch früher abreifende Sorten enthielt zeigten, dass es (anders als beim Mais) keine generelle positive Korrelation zwischen Blühbeginn und Trockenmasseertrag gab (Köhler 2014). Hoppe (2015) verdeutlichte aber, dass es dennoch wichtig sei, Stangenbohnsorten zu wählen, welche bis zum Erntezeitpunkt noch nicht ihre Blätter abwerfen. Dies wäre nämlich mit erheblichen Ertragseinbußen verbunden. Aus diesem Grund wurden in dieser Arbeit in allen Jahren, bis auf ‘SAT522‘, spät abreifende Stangenbohnsorten genutzt, welche unter den in Deutschland herrschenden klimatischen Bedingungen sicher nicht die Seneszenz erreichen und somit nicht ihre Blätter abwerfen. Der daraus resultierende niedrige Trockensubstanzgehalt der Stangenbohnen ist daher ein Kompromiss, der in diesem Falle eingegangen werden muss.

Eine deutliche Korrelation zum Bohnenertrag zeigte aber die visuelle Biomassebonitur kurz vor dem Erntetermin. Hier konnten nahezu konstant über alle drei Versuchsjahre signifikant positive Werte beobachtet werden. Diese denkbar einfache Voraussage der Ertragsfähigkeit einzelner Bohnensorten kann helfen, größere Populationen, beispielsweise Nachkommen einer Kreuzung, schnell und einfach anhand ihrer Mischanbaueignung zu beurteilen. Auf eine Handernte, wie sie in dieser Arbeit erfolgte und welche mit einem extrem hohen Arbeitsaufwand verbunden ist, kann daher in einem ersten Selektionsschritt verzichtet werden. Sollen aber nur wenige, ähnlich ertragreiche Genotypen verglichen werden, so liefert dagegen eine Handernte der Bohnen genauere Ergebnisse und ist hier zu bevorzugen.

2.4.4 Verbesserung pflanzenbaulicher Maßnahmen

Wissenschaftliche Untersuchungen zum Mais/Bohnen-Mischanbau konzentrierten sich in der Vergangenheit vor allem auf pflanzenbauliche Aspekte, welche helfen sollten, die Ertragsfähigkeit dieses Anbausystems zu evaluieren bzw. zu steigern. Dabei wurde der Fokus beispielsweise auf die Aussaatstärke (Francis *et al.* 1982a, Davis und Garcia 1987, Dawo *et al.* 2009, Nurk *et al.* 2017), den Saatzeitpunkt (Francis *et al.* 1982b, Fininsa 1997, Nurk *et al.* 2017), die Beikrautregulierung (Nurk *et al.* 2017) oder die Stickstoffdüngung (Morgado und Willey 2003) gelegt. Da solche Aspekte für Landwirte, welche an dem Anbausystem interessiert sind und dieses selber ausprobieren wollen, durchaus wichtig sind, wurde das Versuchsdesign in dieser Arbeit zwischen den Jahren ebenfalls im Hinblick auf agronomische Maßnahmen angepasst und damit praxisrelevanter gestaltet.

Dazu zählte der Wechsel von einer verzögerten Aussaat der Stangenbohnen im Vergleich zum Mais auf eine möglichst gleichzeitige Saat. Für diese Entscheidung waren zwei Punkte ausschlaggebend: Einerseits besteht zwar theoretisch die Gefahr, dass bei einer frühen Saat der Bohnen diese den Mais frühzeitig mit ihren Ranken einschnüren und damit erhebliche Mais-Ertragseinbußen verursachen. Aus diesem Grund wurde beispielsweise bei Hoppe (2015) ausschließlich auf eine gestaffelte Aussaat vertraut. Andererseits sind zwei Saattermine bei dem Mischanbau aufgrund der dadurch gesteigerten Kosten ökonomisch nicht tragbar. In der praktischen Landwirtschaft wäre das Anbausystem dadurch von vornherein zum Scheitern verurteilt. Die Ergebnisse aus dieser Arbeit zeigten, dass bei einer möglichst frühen Saat der Stangenbohnen höhere Anteile der Bohnen am Gesamt-Trockenmasseertrag erreicht werden. Bei einer deutlich gestaffelten Aussaat besteht hingegen die Gefahr, dass ungünstige Niederschlagsverteilungen Mais und Bohnen unterschiedlich stark beeinflussen. Dieser Fall trat am Standort Göttingen im ersten Versuchsjahr 2015 ein, bei dem eine stark ausgeprägte Vorsommertrockenheit mit knapp drei Wochen ohne Niederschlag vorherrschte und genau in den Zeitraum der Aussaat der Stangenbohnen fiel (siehe Abbildung 30). Aufgrund der dadurch deutlich verzögerten Keimung der Bohnen besaß der Mais einen umso größeren Entwicklungsvorsprung, der im Laufe der Vegetationszeit von den Stangenbohnen nicht mehr aufgeholt werden konnte. Das dritte Versuchsjahr 2017 zeigte dann, dass bei einer möglichst frühen Aussaat der Stangenbohnen über alle Umwelten mittlere bis hohe Bohnenerträge erreicht werden konnten. Zudem wurde hier bei keiner der Mais/Bohnen-Kombinationen beobachtet, dass die Bohnen den Mais in der frühen Entwicklungsphase strangulierten. Der Vorteil einer möglichst gleichzeitigen Aussaat von Mais und Stangenbohnen besteht somit darin, dass entweder beide oder keine der beiden Pflanzenarten von ungünstigen Witterungsbedingungen betroffen sind und dadurch die möglichst simultane Bestandesentwicklung durch äußere Einflüsse weniger stark gestört wird. Diese Beobachtungen decken sich zudem mit den Ergebnissen aus Francis *et al.* (1982b) sowie Nurk *et al.* (2017). Und auch wenn bei letzterer Untersuchung der „frühe“ Saatzeitpunkt der Stangenbohnen eher dem „späten“ Saatzeitpunkt in dieser Arbeit glich, konnte hier eben-

falls gezeigt werden, dass ein früherer Saatzeitpunkt signifikant höhere Bohnenerträge im Gemenge brachte.

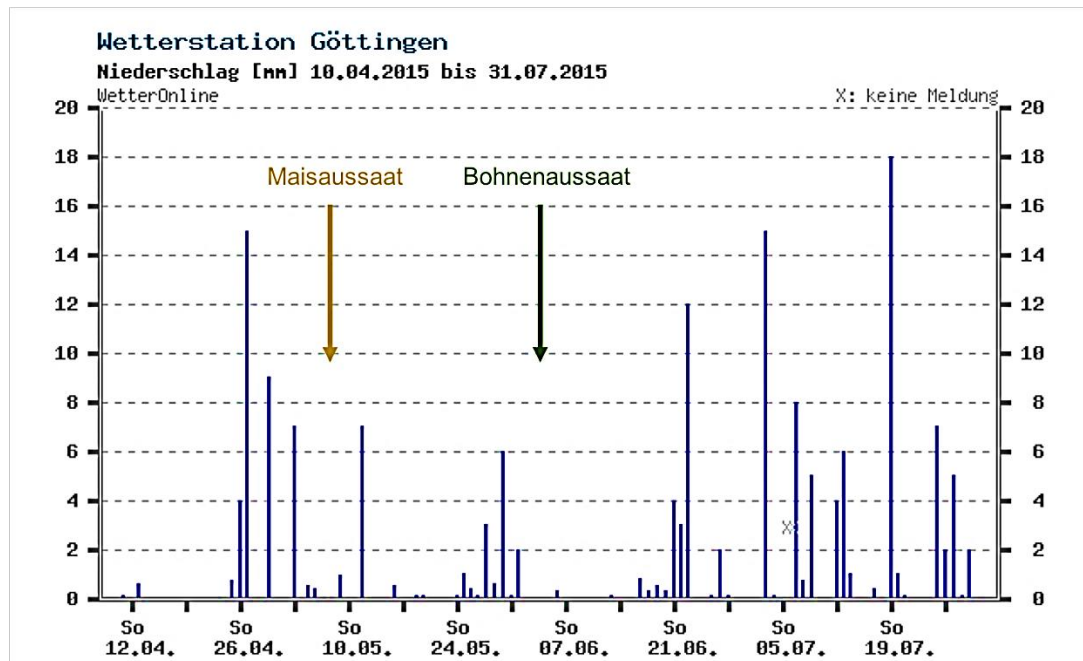


Abbildung 30: Niederschlagsmengen am Standort Göttingen, 2015 (WetterOnline 2018). Aufgerufen am 26.02.18

Ein weiterer Aspekt, der in dieser Arbeit untersucht wurde, ist das Verhalten der Mischanbauten ohne Stickstoffdüngung. Eine nicht optimale Versorgung der Bestände mit Stickstoff kann zum einen im ökologischen Landbau auftreten, sofern dieser unter *low-input*-Bedingungen geführt wird (Hauggaard-Nielsen *et al.* 2008). Zum anderen ist dies auch im konventionellen Anbau möglich aufgrund der neuen Verordnung über die Anwendung von Düngemitteln, Bodenhilfsstoffen, Kultursubstraten und Pflanzenhilfsmitteln nach den Grundsätzen der guten fachlichen Praxis beim Düngen (Düngeverordnung – DüV), welche seit Juni 2017 Gültigkeit besitzt (BMJV 2017). Hier wird vor allem auf Schlägen, welche ein geringes Ertragsniveau besitzen, die Möglichkeit der Stickstoffdüngung weiter eingeschränkt. Da im Mischanbau die Bestandesdichte des Mais reduziert wird (in unserem Falle um 25 %) und die Stangenbohne in ihrer Eigenschaft als Hülsenfrucht selber Stickstoff fixieren kann (Peoples *et al.* 1995), steht theoretisch jeder Maispflanze mehr Stickstoff zur Verfügung als im Vergleich zum reinen Maisanbau.

Fraglich bleibt aber, inwieweit der Mais direkt von dem Fixierungsvermögen der Stangenbohnen während der Vegetationsperiode profitieren kann. Durch ^{15}N -Anreicherung zeigten Giller *et al.* (1991), dass die N_2 -Fixierung dem Mais unter Gewächshausbedingungen kaum nutzte und sie konstatierten aber gleichzeitig, dass nur intensive Feldversuche Klarheit in dieser Problematik bringen können. Gleichzeitig scheint das Fixierungsvermögen von *P. vulgaris* im Vergleich zu anderen Leguminosen

gering zu sein (Isoi und Yoshida 1991) und zudem stark zwischen Sorten und Standorten zu variieren (Bliss *et al.* 1989; Kipe-Nolt *et al.* 1993; Tsai *et al.* 1993). Da es auch durchaus vorkommen kann, dass Bohnen selbst unter Mangel keinerlei Stickstoff selbst fixieren (Kipe-Nolt *et al.* 1993), stellt sich die Frage nach der ubiquitären Anwesenheit von stickstofffixierenden Rhizobakterien im Ackerboden. Dazu stellte Martínez-Romero (2003) fest, dass prinzipiell eine Vielzahl von *Rhizobia*-Spezies, welche in der Lage sind mit *P. vulgaris* Symbiosen einzugehen, existieren und eine breite Variabilität in der Interaktionsfähigkeit zwischen Bohnen und Rhizobakterien besteht. Dennoch wird in Deutschland für den Anbau von Stangenbohnen mit Mais, vor allem beim erstmaligen Anbau, der Einsatz eines Impfmittels empfohlen (Freudenberger 2017). In den drei durchgeführten Feldversuchen konnten dagegen stets Knöllchenbakterien beobachtet werden, obwohl auf allen Versuchsfeldern noch niemals zuvor Stangenbohnen angebaut wurden und auch keine künstliche Inokulation stattfand. Dass die Stangenbohnen unabhängig von der Stickstoffversorgung des Bodens wachsen, wurde auch bei Morgado und Willey (2003) und Tsai *et al.* (1993) beobachtet und zeigte sich deutlich im dritten Versuchsjahr am Standort Einbeck. Hier konnte unter starkem Stickstoffmangel ein ebenso hoher Bohnen-Trockenmasseertrag erzielt werden wie in der mit Stickstoff gedüngten Variante. Der Mais-Trockenmasseertrag reduzierte sich dagegen signifikant aufgrund des deutlich sichtbaren Stickstoffmangels. Um eine eindeutige Aussage zum N₂-Fixierungsvermögen der Stangenbohnen unter praxis-tauglichen Bedingungen zu treffen, reichen die Ergebnisse aus dem Versuchsjahr 2017 jedoch nicht aus. Da die Schlussfolgerungen aus anderen Arbeiten zudem nicht einheitlich sind, können nur mehrjährige Versuche, bei denen die Stickstofffixierung selbst quantifiziert wird, hier fundierte Ergebnisse liefern.

2.4.5 Empfehlungen zur Wahl geeigneter Sorten

Frühere Arbeiten zum Mais/Stangenbohnen-Mischanbau zeigten bereits, dass eine große genetische Variation in der Ertragsfähigkeit der Stangenbohnen im Anbau mit Mais besteht (Balcha 2014). Auch wurde in dieser Arbeit beobachtet, dass alle Ertragsmerkmale hohe Heritabilitäten besaßen und sich, neben den Unterschieden in den Ertragsleistungen der Maissorten, ebenso signifikante Unterschiede zwischen Stangenbohnsorten ergaben. Primäres Ziel war daher die Identifikation von Sorten, welche für einen Anbau mit Mais gut geeignet sind und einen möglichst hohen Beitrag zum Gesamtertrag des Gemenges leisten können. Als zweites wichtiges Selektionskriterium wurde das Tausendkorngewicht (TKG) berücksichtigt, um die Kosten für das Saatgut so gering wie möglich zu halten und damit den Deckungsbeitrag des Mischanbausystems zu erhöhen. Aus diesem Grund wurde die Stangenbohnsorte ‘SAT514’, welche im Versuchsjahr 2015 die höchsten Bohnen-Trockenmasseerträge lieferte – dabei aber ein TKG von 584 g besaß – nicht selektiert. Gleichzeitig konnten bei kleinsamigen Sorten im Vergleich zu Sorten mit einem deutlich größeren TKG eine zunächst verhaltene Entwicklung in der

frühesten Vegetationsphase nach dem Auflaufen beobachtet werden, welche die Gefahr einer frühen Maisstrangulierung minimiert und damit insbesondere bei einer gleichzeitigen Aussaat von Mais und Bohnen von Vorteil zu sein scheint. Eine Untersuchung von verschiedenen Bohnensorten hinsichtlich ihrer Eignung für den Mischanbau mit Mais, wenn auch in weit geringerem Umfang, wurde vorher bereits von Dawo (2011) und Fischer *et al.* (2015) durchgeführt. Hier wurde als Selektionsmerkmal lediglich der Bohnen- bzw. Gesamt-Trockenmasseertrag beurteilt. Eine Berücksichtigung des TKGs wurde hier jedoch nicht vorgenommen, wodurch teilweise auch Feuerbohnen (*Phaseolus coccineus* L.) mit einem TKG von mehr als 1.000 g getestet wurden. Bei Berücksichtigung der Saatgutkosten wären diese jedoch kaum für den Mischanbau geeignet. In unseren Feldversuchsjahren stellte sich hingegen die kleinsamige Stangenbohnsorte ‘WAV512‘ mit einem TKG von nur 185 g als sehr ertragreich heraus. Im Jahre 2017 konnten mit dieser Sorte zudem über alle Maissorten am Standort Einbeck mit 41,1 dt/ha (ohne N-Düngung) und 41,7 dt/ha (mit N-Düngung) die höchsten Bohnen-Trockenmasseerträge aller getesteten Stangenbohnsorten in allen drei Versuchsjahren erzielt werden. Daher kann als direktes und in der praktischen Landwirtschaft nutzbares Ergebnis dieser Arbeit die Selektion der Stangenbohnsorte ‘WAV512‘, welche eine sehr hohe Ertragsfähigkeit mit einem extrem geringen TKG kombiniert, für den Mischanbau mit Mais angesehen werden.

Da sich Mais und Stangenbohnen im Mischanbau stark gegenseitig in ihrem Wachstum beeinflussen und dadurch sehr hohe Konkurrenzeffekte auftreten, wurde zudem untersucht, ob es eine ideale Kombination einer Stangenbohnsorte mit einer der getesteten Maissorten gab. Die durchgeführten Varianzanalysen zeigten, dass zwar vereinzelt signifikante Interaktionseffekte zwischen der Mais- und Stangenbohnsorte existierten, diese jedoch nicht konstant über alle Versuchsjahre zu beobachten waren. Außerdem zeigte sich, dass die weitaus wichtigeren Varianzursachen zum einen die Wahl der Stangenbohnsorte (insbesondere bei der Betrachtung des Bohnen-Trockenmasseertrages) und zum anderen die Wahl der Maissorte (bei Betrachtung aller Ertragsmerkmale) darstellten. Die Betrachtung der Kombinationseignungen der Sorten für den Mischanbau bestätigte, dass die Variation in der allgemeinen Kombinationseignung die Variation der speziellen Kombinationseffekte meistens übertraf. Damit ist es legitim, genau jene Sorte für einen Anbau auszuwählen, welche über alle Kombinationen die beste Ertragsfähigkeit zeigte. Für den Mais wurde dies bereits ausführlich in Hoppe (2015) untersucht und geschlussfolgert, dass vor allem auf eine möglichst hohe Standfestigkeit der Maissorte geachtet werden muss. Auch in der vorliegenden Arbeit wurden mehrere Maissorten in die Feldversuche aufgenommen. Hier lag aber weniger im Fokus herauszufinden, welche spezielle Maissorte sich ideal für den Mischanbau mit Stangenbohnen eignet, als vielmehr zu dokumentieren, wie hoch die Leistungsfähigkeit des Anbausystems an sich ist, wenn auf dem Saatgutmarkt verfügbare Maissorten genutzt werden. Da Hoppe (2015) in seiner Arbeit ebenfalls zu dem Schluss kam, dass es nicht notwendig sei, Maissorten speziell für den Mischanbau mit Stangenbohnen zu selektieren, sondern es sinnvoller wäre, durch die Wahl aktueller Maissorten den allgemeinen Zuchtfortschritt zu nutzen, wurden in der vorliegenden Arbeit immer wieder neue Maissorten in den Versuch aufgenommen. Dabei war es

wichtig, ein möglichst breites und für den deutschen Markt relevantes Spektrum von Maissorten unterschiedlicher Reifegruppen zu testen.

Um möglichst schnelle Fortschritte im allgemeinen Leistungsniveau des Mais/Stangenbohnen-Mischanbaus zu generieren, war der alljährliche Wechsel der Maissorten, ebenso wie der Wechsel der Stangenbohnsorten sicherlich von Vorteil. Sorten, welche einen niedrigen Ertrag brachten und dadurch für einen praktischen Anbau nicht in Betracht gezogen wurden, konnten so schnell aussortiert und die endlichen Ressourcen der Versuchsdurchführung für neue, vielversprechende Sorten genutzt werden. Aus wissenschaftlicher Sicht muss man dieses Vorgehen jedoch auch kritisch betrachten. Ein Vergleich der konkreten Sortenleistungen über mehrere Versuchsjahre war so schwer möglich, da die Mehrzahl der Mais- und Stangenbohnsorten nur einjährig angebaut wurden. Anhand der zur Verfügung stehenden Daten besteht jedoch kein Zweifel daran, dass mit 'WAV512' eine sehr leistungsfähige Stangenbohnsorte selektiert wurde. Als von Vorteil kann dabei wiederum angesehen werden, dass deren hohe Bohnenerträge über eine Vielzahl von verschiedenen Maissorten realisiert wurden. Dadurch bleibt der Landwirt flexibel in der Wahl der Maissorte. In allen Versuchsjahren hatte sich lediglich gezeigt, dass frühreifere Maissorten einen höheren Bohnen-Trockenmasseertrag ermöglichen, dabei aber geringere Mais- und Gesamt-Trockenmasseerträge erzielt werden. Im Gegensatz dazu tolerieren spätere Maissorten nur einen geringeren Bohnen-Trockenmasseertrag, erreichen aber einen hohen Mais- und Gesamt-Trockenmasseertrag. Daher wird empfohlen, eine Maissorte zu wählen, welche neben einer sehr guten Standfestigkeit eine etwas niedrigere Reifezahl besitzt, als dies für den eigenen Standort ideal wäre.

3 Genomweite Assoziationsstudie mit *Phaseolus vulgaris* L.

3.1 Einleitung

Neben der im ersten Kapitel dieser Arbeit beschriebenen Selektion bereits existierender Stangenbohnenarten wird in diesem zweiten Kapitel ein Ansatz beschrieben, um zukünftige Züchtungsaktivitäten der Stangenbohnen für den Mais/Stangenbohnen-Mischanbau zu erleichtern und zu beschleunigen. Dieser beinhaltet genetische Daten mit phänotypischen Daten eines Sets von verschiedenen Akzessionen der Art *P. vulgaris* zu assoziieren und dadurch Kenntnisse über die Genorte (*Loci*) von für den Mischanbau mit Mais relevanten Merkmalen zu erhalten. In einer markergestützten Selektion (MAS) können diese Informationen dann genutzt werden, um frühzeitig geeignete Genotypen zu selektieren. Die allgemein als Genomweite Assoziationsstudie (*Genome-Wide Association Study* – GWAS) bekannte Methode bietet dabei den Vorteil, eine sehr große allelische Diversität nutzen zu können (Brachi *et al.* 2011), welche in Populationen aus einer biparentalen Kreuzung nicht vorhanden ist.

Grundlage für eine genomweite Assoziationsstudie sind dabei zunächst detaillierte genetische Informationen über die zu untersuchende Pflanzenart. Das Genom der Gartenbohne (*Phaseolus vulgaris* L.) ist diploid, enthält 11 verschiedene Chromosomen und wurde von Schmutz *et al.* (2014) vollständig sequenziert. Dadurch konnten Song *et al.* (2015) aus diesen Informationen den BARCBean6K_3 Bead Chip (Illumina Infinium-Technologie) entwickeln. Dieser beinhaltet insgesamt 5398 SNPs und stellt eine kostengünstige und unkomplizierte Möglichkeit dar, um das Genom der Bohnen relativ hochauflösend zu analysieren. In dieser Arbeit wurde dieser Chip genutzt, um insgesamt 276 verschiedene Gartenbohnensorten (dies beinhaltet sowohl Busch-, Reiser- als auch Stangenbohnen), welche aus der Genbank des Leibniz-Institutes für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben bezogen wurden, genetisch zu charakterisieren.

Dieses Set an Gartenbohnensorten wurde im Anschluss genutzt, um eine Reihe von Merkmalen zu erfassen, welche für den Mischanbau wichtig sind. Dies sind vor allem Eigenschaften, auf die in der bisherigen Stangen- und auch Buschbohnenzüchtung kein Wert gelegt wurde, da sie bei einem reinen Anbau der Bohnen als Gemüse nicht von Relevanz sind.

Als wichtigstes Selektionsmerkmal bleibt die Ertragsfähigkeit der Stangenbohnen im Mischanbau mit Mais bestehen. Dieses steht über allen anderen Selektionskriterien und soll sicherstellen, dass der Mais/Stangenbohnen-Mischanbau sich ökonomisch lohnt und daher von Landwirten in Deutschland praktiziert wird. Daher wurden alle genotypisierten Stangenbohnen im dritten Versuchsjahr 2017 an zwei Standorten an Mais angebaut und im Verlauf der Vegetation hinsichtlich ihrer Biomasse zum Erntezeitpunkt sowie phänologischer Merkmale bonitiert.

Als weiteres Merkmal wurden die Keimfähigkeit der Bohnen unter suboptimalen Temperaturen sowie die Toleranz gegenüber leichten Frosttemperaturen im Primärblattstadium untersucht. Da die Stangenbohnen gleichzeitig mit dem Mais zum regulären Aussaatzeitpunkt des Mais Ende April/Anfang Mai ausgesät werden sollen besteht die Gefahr, dass der Boden zu diesem Zeitpunkt noch keine ausreichend hohe Temperatur erreicht hat, um die Keimung der Bohnen zu ermöglichen. Daher benötigen diese für den Mischanbau mit Mais eine niedrigere Keimtemperatur als bei einer gartenbaulichen Nutzung mit späterer Aussaat. Idealerweise sollten Bohnen ebenso wie der Mais bei einer Bodentemperatur ab 8 °C gut keimen. Zudem ist es ebenso möglich, dass nach dem Auflaufen des Mais und der Bohnen im Mai noch leichte Nachtfröste (-1 oder -2 °C) auftreten. Aus diesem Grund sollten Bohnen in dieser sehr frühen Phase der Vegetation in der Lage sein, solch kurzzeitig auftretende niedrige Temperaturen zu überleben. *P. vulgaris* wird heutzutage oft in tropischen und subtropischen Regionen der Erde angebaut bzw. in gemäßigten Zonen erst dann ausgesät, wenn eine ausreichend hohe Bodentemperatur erreicht ist. Daher werden zur Verbesserung der Anbaueigenschaften kaum zu niedrige Temperaturen für das Bohnenwachstum thematisiert, sondern eher die Toleranz gegenüber zu hohen Temperaturen (Piha und Munns 1987; Gross und Kigel 1994). Da aber eines der zwei Genzentren von *Phaseolus vulgaris* L. die Region der Anden darstellt (Mamidi *et al.* 2013; Bitocchi *et al.* 2017) ist davon auszugehen, dass eine genetische Variation bezüglich der Toleranz gegenüber suboptimalen Temperaturen vorhanden sein sollte.

Ein weiterer wichtiger Faktor, welcher die Nutzung des Mais/Stangenbohnen-Erntegutes als Futtermittel in der Wiederkäuerernährung betrifft, ist der Gehalt der Bohnen an antinutritiven Inhaltsstoffen. Hier ist vor allem das zu den Lektinen gehörende Phasin von entscheidender Bedeutung. Lektine im Allgemeinen binden spezifische Kohlenhydratstrukturen und haften sich von dort aus an Zellen bzw. Zellmembranen, wodurch sie verschiedenste biochemische Reaktionen auslösen können. Da sie in einer Vielzahl von pflanzlichen und tierischen Spezies vorkommen (Goldstein und Hayes 1978; Chrispeels und Raikhel 1991) wird angenommen, dass sie dabei eine wichtige biologische Rolle spielen. Phasin im Speziellen wird für die menschliche Ernährung aber als gefährlich eingestuft, weil es hier bereits in relativ geringen Mengen giftig wirken kann. Durch Kochen wird dieser antinutritive Stoff aber auf einfache Weise unschädlich gemacht. Für eine tierische Ernährung ist seine Relevanz jedoch bisher ungeklärt. Bekannt ist aber, dass Phasin zur Agglutination von Erythrozyten führt und infolgedessen Erbrechen, Durchfall und Blutungen im Gastrointestinaltrakt der Nutztiere verursachen kann (Bolduan *et al.* 2016). Dadurch wird die Leistungsfähigkeit der Nutztiere deutlich herabgesenkt (Carmalt *et al.* 2003) und eine Aufnahme von großen Mengen kann auch letal wirken. Fütterungsversuche mit unbehandelten *P. vulgaris* als proteinreiche Nahrungsergänzung (Williams *et al.* 1984) bescheinigten daher bisher schlechte Fütterungseigenschaften. Bisher nicht untersucht wurde aber der Einfluss der Silierung auf Phasin, welcher bei der Verwendung einer Mais/Bohnen-Silage stattfinden wird. Reddy und Pierson (1994) zeigten zwar, dass beispielsweise der Phasingehalt durch Fermentation bei der Produktion von Tempeh um bis zu 95 % reduziert werden konnte; jedoch war dem Ferment-

tieren hier ein Schritt des Erhitzens vorausgegangen. Da *Phaseolus*-Bohnen aber bisher vor allem in der menschlichen Ernährung eine große Rolle spielten und hier Phasin keine Gefahr darstellt, wurden bisher nur wenige genetische Untersuchungen zum Phasingehalt in Gartenbohnen durchgeführt (Osborn und Bliss 1985; Osborn und Brown 1988). Gleichzeitig ist aber bereits bekannt, dass zwischen verschiedenen Gartenbohnenarten eine hohe Variabilität bezüglich des Phasingehaltes besteht (Bolduan *et al.* 2016). Es ist daher anzustreben, Stangenbohnenarten zu selektieren, welche von Natur aus einen sehr geringen Phasingehalt aufweisen. Dadurch können unabhängig von der Reaktion des Phasins auf den Silierungsprozess gesundheitliche Bedenken bzw. Leistungsrückgänge aufgrund dieses Inhaltsstoffes mit Sicherheit ausgeschlossen werden.

3.2 Material und Methoden

3.2.1 Pflanzenmaterial

Für die Genotypisierung mittels SNP-Marker wurde ein Set von Bohnen der Art *Phaseolus vulgaris* L. mit insgesamt 276 Akzessionen verwendet. Von diesen 276 Akzessionen wurden 34 Akzessionen als Wuchstyp „Buschbohne“, 65 als Wuchstyp „Reiserbohne“ sowie 177 als Wuchstyp „Stangenbohne“ klassifiziert. Dieses Merkmal wurde ebenfalls für eine GWAS genutzt. Bis auf die in den dreijährigen Feldversuchen verwendeten Stangenbohnenarten stammten alle Akzessionen aus der Genbank des Leibniz-Institutes für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben und wurden aufgrund eines Tausendkorngewichtes von unter 500 g ausgewählt. Eine Beschreibung aller Akzessionen sowie ausgewählte Merkmalsausprägungen finden sich im Anhang in der Tabelle 40. Im Jahr 2016 wurden alle Akzessionen bei der Sativa Rheinau AG in der Schweiz vermehrt und bei der Gelegenheit durch den Bohnenzüchter Friedemann Ebner entsprechend des beobachteten Wuchstyps eingeteilt. Somit war das verwendete Saatgut aller Akzessionen gleich alt und wurde auf die gleiche Art und Weise produziert und gelagert.

Die Erfassung der unterschiedlichen Merkmale erfolgte in Abhängigkeit der Saatgutverfügbarkeit mit einer Auswahl von Bohnenakzessionen. Im Falle der Keimfähigkeit unter suboptimalen Bedingungen sowie der Untersuchung der Frosttoleranz im Primärblattstadium wurden alle 177 Stangenbohnenakzessionen verwendet. 173 davon wurden in der Saison 2017 jeweils an einer Maisreihe angebaut und hinsichtlich phänologischer Merkmale beurteilt. Für die Analyse des Phasingehaltes wurde dagegen das volle Set von 276 Bohnenakzessionen genutzt, wobei bisher nur die Ergebnisse von 152 dieser Akzessionen zur Verfügung stehen.

3.2.2 Genotypisierung der Bohnen

Die Genotypisierung des Bohnensets erfolgte durch die TraitGenetics GmbH, Stadt Seeland OT Gatersleben, mit dem BARCBean6K_3 Bead Chip (Song *et al.* 2015), welcher insgesamt 5398 SNPs beinhaltet. Die Proben wurden auf Infinium Ultra HD Chips (Illumina, Inc., San Diego, USA) analysiert, die jeweils 24 Proben trugen. Die Benennung der Allele (*allele calling*) erfolgte mit einem firmeneigenen Cluster, welcher speziell für die vorliegenden Proben angefertigt wurde. Die Ausgabe der Genotypen erfolgte im 1-letter-IUB-Code.

3.2.3 Phänotypisierung der Bohnen

Erhebung von agronomischen Merkmalen im Feld

Im Feldversuchsjahr 2017 wurden 173 der 177 Stangenbohnenakzessionen an den Standorten Einbeck und Göttingen in jeweils zwei Wiederholungen einreihig auf einer Länge von 6 m an der Maissorte ‘Figaro‘ angebaut. Der Abstand zwischen den Maisreihen betrug 75 cm. Vier Stangenbohnenakzessionen mussten aufgrund mangelnder Saatgutverfügbarkeit von dem Anbau ausgeschlossen werden. Die Bestandesdichte betrug für beide Kulturen 10 Pflanzen/m². Standorte, Aussaatverfahren sowie ackerbauliche Maßnahmen entsprachen dabei denen im ersten Teil dieser Arbeit beschriebenen Bedingungen und sind den Punkten 2.2.3 sowie 2.2.4 zu entnehmen. Im Laufe der Vegetation wurden an drei verschiedenen Boniturterminen die Biomasse der Stangenbohnenakzessionen visuell bestimmt (41 Tage nach Aussaat = frBM, 91 Tage nach Aussaat = miBM und 133 Tage nach Aussaat = spBM) sowie der Zeitpunkt des Rank- und des Blühbeginns festgehalten (siehe dazu 2.2.5.2). Zusätzlich wurde die Fädigkeit der Bohnenhülsen (Prakken 1934) bestimmt. Dieses leicht zu bestimmende Merkmal, welches entweder durch Präsenz oder Absenz eines Fadens entlang des Hülsenrückens charakterisiert wird, sollte dazu dienen, die Methodik der GWAS zu überprüfen, da hier das verantwortliche Hauptgen sowie dessen Position bekannt ist. Hierfür wurden die Akzessionen an beiden Standorten mit 1 (kein Faden vorhanden) oder 9 (Faden vorhanden) bewertet. Wenn sich nicht eine einheitliche Note in beiden Wiederholungen und beiden Standorten ergab, so wurde die Akzession mit der Note 5 bewertet.

Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen

Für die Beurteilung der Keimfähigkeit wurden jeweils 2 x 10 Samen der 177 Stangenbohnsorten als komplette randomisierte Blockanlage in qualitatives und technisches Filterpapier (6 S/N, 400 x 580 mm, 145 g/m², Ahlstrom Germany GmbH, Bärenstein) eingerollt und in Plastikboxen (37 x 29 cm) aufgereiht. Das Filterpapier wurde vorher in Wasser getränkt. Anschließend wurden die Plastikboxen in eine Klimakammer (VB4018 extra, Vötsch Industrietechnik GmbH, Balingen) gestellt und verblieben dort für insgesamt 17 Tage unter einem Temperaturregime von 12 h bei 8 °C/12 h bei 12 °C ohne Beleuchtung. Um die Feuchtigkeit in dem Filterpapier zu halten wurden währenddessen Deckel lose auf die Plastikboxen gelegt. Alle 3–4 Tage wurden die Keimrollen aus der Klimakammer genommen und die Anzahl der gekeimten Bohnensamen erfasst. Als „gekeimt“ galten Bohnen, bei denen die Keimwurzel mindestens 1 mm aus der Samenschale getreten war. Zur Kontrolle der maximalen Keimfähigkeit wurden die Plastikboxen im Anschluss für weitere sieben Tage im Gewächshaus bei einer Temperatur von 20–25 °C gelagert. Abschließend wurde ein weiteres Mal die Anzahl der gekeimten Bohnensamen notiert. Die durchschnittliche maximale Keimfähigkeit lag dabei bei 82,2 %. Zur statistischen Verrechnung wurde die Keimfähigkeit stets als Quotient aus der Anzahl der gekeimten Bohnensamen zum Messzeitpunkt und der maximalen Anzahl der gekeimten Bohnensamen (Kontrolle) definiert.

Als phänotypisches Merkmal für die genomweite Assoziationsstudie wurde zum einen die Keimfähigkeit zum letzten Boniturtermin unter suboptimalen Temperaturen (nach 17 Tagen) gewählt. Zum anderen sollte auch die Anzahl der gekeimten Samen an den unterschiedlichen Boniturterminen berücksichtigt werden. Hierfür wurde die Berechnung nach Zaiter *et al.* (1994) gewählt, bei der die Keimfähigkeit anhand der Summe der Quotienten aus der zum jeweiligen Boniturzeitpunkt neu gekeimten Bohnenanzahl und der Anzahl der jeweiligen Tage nach Aussaat definiert wird. Der Quotient zur Berechnung dieser zeitlichen Entwicklung der Keimfähigkeit (EKF) ergab sich demnach wie folgt:

$$EKF = \sum_{i=1}^{N_i} \frac{(y_i - y_{i-1})}{t_i}$$

wobei y_i die Anzahl der gekeimten Bohnen prozentual zur maximalen Anzahl der gekeimten Bohnen zum Zeitpunkt i und t_i die Anzahl der Tage nach Aussaat zum Zeitpunkt i darstellt.

Toleranz gegenüber leichten Frostnächten im Primärblattstadium

Die Toleranz der Stangenbohnenakzessionen gegenüber leichten Frosttemperaturen in einem frühen Wachstumsstadium wurde mithilfe einer Klimakammer (VB4018 extra, Vötsch Industrietechnik GmbH, Balingen) untersucht. Die Methodik folgte dabei der von Arbaoui *et al.* (2008) und wurde an *P. vulgaris* angepasst. Die Anzucht der Bohnenakzessionen erfolgte im Gewächshaus in 18 x 18 cm Töpfen, welche mit ca. 3 Litern vorgemischtem Substrat (drei Teile gedämpfte Komposterde, ein Teil Sand, ein Teil Topferde – Fruhstorfer Erde, Typ T) befüllt wurden. Das Substrat wurde während des gesamten Versuches stets feucht gehalten. Pro Topf wurden zwei Bohnensamen einer Akzession und insgesamt vier verschiedene Akzessionen ausgelegt (siehe Abbildung 31). Jede Bohnenakzession war dabei in nur einem einzigen Topf vorhanden. Die Verteilung in den Töpfen erfolgte dabei vollständig randomisiert. Nach zehn Tagen Aufwuchs wurden die jungen Bohnenpflanzen in die Klimakammer gestellt, in der sie insgesamt sieben Tage verblieben.



Abbildung 31: Belegung eines Topfes mit 4 verschiedenen Bohnenakzessionen zur Aussaat (a) und zum Zeitpunkt, an dem die Töpfe in die Klimakammer gestellt wurden (b).

Dabei lief ein Temperaturprogramm ab, welches durch Vorversuche als ideal erachtet wurde um eine gute Differenzierung zwischen den Bohnenakzessionen zu erreichen. Dieses ist in Abbildung 33 dargestellt und bestand zunächst aus einer Härtingsphase, in der die Temperatur innerhalb von drei Tagen zunächst schrittweise herabgesenkt wurde. Im Anschluss erfolgte die erste Frostnacht mit einer Minimaltemperatur von -2 °C ohne Beleuchtung, welche für etwa 10 h gehalten wurde. Danach wurde die Temperatur langsam bis auf 5 °C gesteigert, dabei die Beleuchtung der Klimakammer angeschaltet und bis auf 100 % Lichtintensität erhöht. Nach wiederum etwa 10 h wurden die Temperatur sowie die Lichtintensität langsam herabgesetzt, bis die Bedingungen der Frostnacht wieder erreicht wurden. Dieser Vorgang wurde noch zweimal wiederholt, wodurch alle Bohnenpflanzen insgesamt drei Frostnächten mit jeweils -2 °C ausgesetzt waren. Nach jeder Frostnacht erfolgte die visuelle Bonitur der

Pflanzen, in der drei verschiedene Merkmale beurteilt wurden. Dies waren 1. die Standfestigkeit, 2. der Turgordruck der Primärblätter sowie 3. die Primärblattfarbe. Alle drei Merkmale wurden auf einer Skala von 1 bis 4 visuell bewertet, wobei die Note 1 keine Veränderung im Vergleich zum Zustand vor den Frostnächten und die Note 4 einen kompletten Verlust der Standfestigkeit und des Turgordrucks in den Blättern bzw. eine sehr dunkelgrüne oder gelbe Färbung der Blätter bedeutete. Beispiele für die Benotung sind in der Abbildung 32 zu sehen.

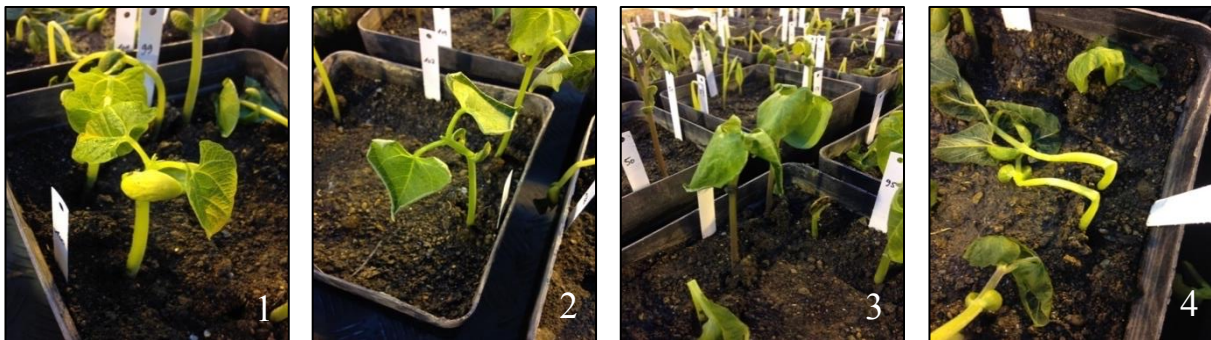


Abbildung 32: Beispiele für die durchschnittliche Benotung der Bohnenpflanzen über alle drei erfassten Merkmale nach einer Frostnacht auf der Skala von 1 bis 4.

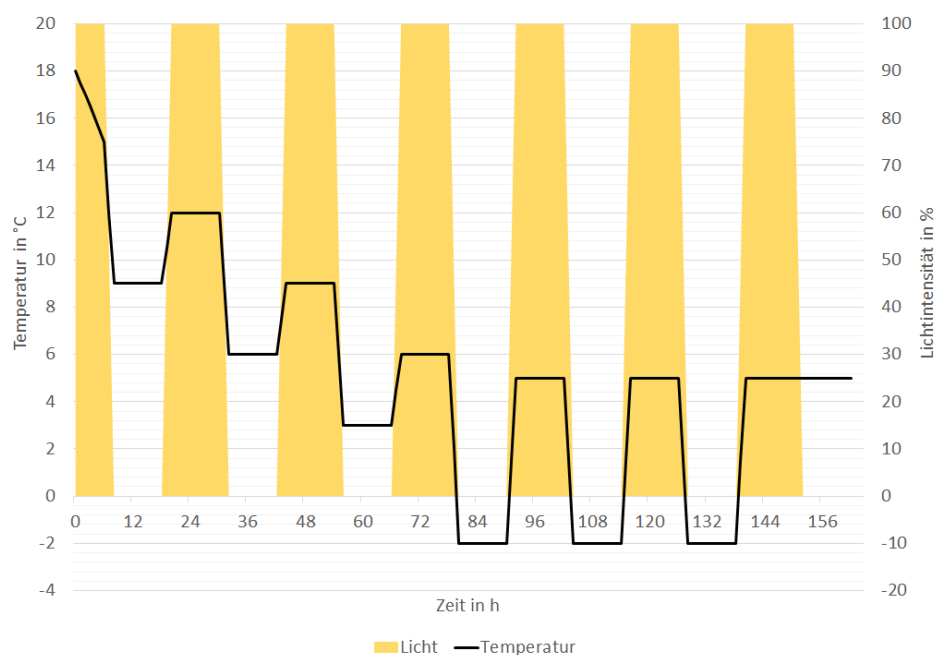


Abbildung 33: Klimakammerprogramm für die Frostversuche. In Schwarz ist der Temperaturverlauf, in Gelb die Lichtintensität dargestellt.

Insgesamt wurde das beschriebene Vorgehen sechsmal wiederholt. In jeder Wiederholung wurden von jeder Akzession zwei Pflanzen ausgesät, somit konnten insgesamt maximal 12 Pflanzen einer Akzession beurteilt werden. Jede Wiederholung wurde als vollständig randomisierter Block angelegt und statistisch verrechnet. Zum Zeitpunkt der Bonitur sollten die Bohnenpflanzen mindestens komplett entfaltete Primärblätter besitzen (BBCH-Stadium 12 – Feller *et al.* 1995). Einige der ausgesäten Bohnenakzessionen konnten dieses Kriterium aber nicht erfüllen, da diese entweder gar nicht keimten oder die Primärblätter noch nicht entfaltet waren. Die Anzahl der Akzessionen, bei denen dies der Fall war, schwankte stark zwischen den verschiedenen Wiederholungen. Dies führte dazu, dass bei Berücksichtigung aller 177 Akzessionen und aller Wiederholungen so viele Werte fehlten, dass PLABSTAT keine statistische Auswertung mehr vornehmen konnte. Daher wurden Akzessionen, welche viele Fehlwerte aufwiesen, von der Auswertung ausgenommen, sodass eine statistische Auswertung möglich wurde.

Neben der visuellen Beurteilung von Versuchspflanzen in einer Klimakammer wurde die Messung der Zellmembranstabilität bei Frost als zweite Möglichkeit genutzt, um die Frosttoleranz zu erfassen (Prášil und Zámečník 1998). Diese weit weniger aufwendige Methode beruht auf dem Prinzip, dass Zellen in den Blättern von Pflanzen durch Froststress beschädigt werden und dadurch Zellsaft aus den Vakuolen tritt. Die Menge des austretenden Zellsaftes steigt dabei proportional zum Schweregrad der Beschädigung an und ist dadurch negativ mit der Toleranz gegenüber diesen Frosttemperaturen korreliert. Aufgrund der Elektrolyte im Zellsaft kann mithilfe der elektrischen Leitfähigkeit die Menge des austretenden Zellsaftes bestimmt werden. Daher wird diese Methode auch als *Electrolyte Leakage-Test* bezeichnet. Die Methodik orientierte sich an der von Arbaoui *et al.* (2008) und Balasubramanian *et al.* (2004) und wurde an die zur Verfügung stehenden Möglichkeiten angepasst sowie für insgesamt 162 Akzessionen durchgeführt. Zunächst erfolgte die Anzucht der Bohnenakzessionen unter den zum Klimakammerversuch bereits beschriebenen Bedingungen im Gewächshaus. Danach wurden alle Pflanzen für vier Tage außerhalb des Gewächshauses bei einer Außentemperatur von 5 bis 15 °C gehärtet. Für die Versuchsdurchführung wurden von jeder Akzession mithilfe eines Korkstechers Scheiben mit einem Durchmesser von 10 mm in sechsfacher Wiederholung aus den Primärblättern ausgestochen und auf einer Multitestplatte mit 3 ml destilliertem Wasser pro Fach positioniert. Jede Wiederholung wurde dabei innerhalb der Multitestplatten vollständig randomisiert. Im Anschluss wurden alle Blattscheiben für 60 Minuten auf einem Laborschüttler (KS 250, IKA Werke GmbH & Co. KG, Staufen) geschüttelt. Mithilfe einer Pipette wurde danach die Flüssigkeit eines jeden Faches entfernt und durch neues destilliertes Wasser ersetzt. Anschließend wurden die Multitestplatten mit allen Blattscheiben in der Klimakammer (VB4018 extra, Vötsch Industrietechnik GmbH, Balingen) positioniert und das Programm, wie es in Abbildung 33 ab 72 h zu sehen ist, gestartet. Nach jeder einzelnen Frostnacht wurden zwei Wiederholungen jeder Akzession aus der Klimakammer genommen und über Nacht geschüttelt. Die Messung der in der Frostnacht/den Frostnächten freigesetzten Elektrolyte erfolgte dann am Folgetag mit einem Konduktivitätsmessgerät (B-771-LAQUAtwin Compact, HORIBA

Ltd., Kyoto, Japan), in das jeweils 120 µl der Flüssigkeit pipettiert wurden. Nach erfolgter Messung wurde die restliche Flüssigkeit sowie die Blattscheibe in ein 10 ml-Schraubröhrchen überführt und für 20 min bei 121 °C autoklaviert (DX-23, Systec GmbH, Linden). Die Messung der Konduktivität wurde dann ein weiteres Mal durchgeführt und dadurch der maximal erreichbare Wert für den *Electrolyte Leakage*-Test ermittelt. Für die statistische Verrechnung wurde schließlich der Quotient aus elektrischer Leitfähigkeit nach der Frostnacht/den Frostnächten und elektrischer Leitfähigkeit nach dem Autoklavieren verwendet.

Analyse des Phasingehaltes

Von allen 276 Akzessionen wurden Samenproben mittels einer Feinmühle (ZM 200, Retsch GmbH, Haan) auf 1mm gemahlen. Die Analyse selbst erfolgte dann am Lehrstuhl für Tierernährung der Technischen Universität München nach Boniglia *et al.* (2003), modifiziert nach Bolduan *et al.* (2016). Zur Proteinextraktion wurde hier zunächst das Probenmaterial mit einer phosphatgepufferten Salzlösung über Nacht inkubiert, mehrmals zentrifugiert und gewaschen. Der Überstand wurde anschließend abgenommen und bis zur Analytik bei 4 °C gelagert. Die Messung des Phasingehaltes erfolgte dann mittels *Enzyme Linked Immuno Sorbent Assay (ELISA)*. Das Verfahren wurde für jede Akzession zweimal durchgeführt. Die Angabe des Phasingehaltes erfolgte immer in mg Phasin pro g Trockenmasse.

Bisher konnten aufgrund von Verzögerungen in der Analytik nur Ergebnisse von 152 der insgesamt 276 Akzessionen in die Assoziationsstudie aufgenommen werden. Die bisherige Analytik erfolgte in Reihenfolge der Probennummerierung, wobei diese wiederum anhand des TKGs, beginnend mit dem niedrigsten, festgelegt wurde. Die dadurch entstandene Auswahl des Bohnensets enthält 29 Akzessionen vom Typ „Buschbohne“, 50 Akzessionen vom Typ „Reiserbohne“ und 73 Akzessionen vom Typ „Stangenbohne“. Für 69 dieser Akzessionen erfolgte außerdem nur eine einmalige Messung des Phasingehaltes.

3.2.4 Statistische Auswertung und GWAS

Statistische Auswertung der phänotypischen Daten

Für die statistische Auswertung der Boniturnoten für die Frosttoleranz, der Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen sowie den agronomischen Merkmalen wurde eine Varianzanalyse (ANOVA) mittels der Statistiksoftware PLABSTAT 3Awin (Utz 2011) durchgeführt. Dabei wurden die mittleren Abweichungsquadrate (MQ), Varianzkomponenten (VarK) sowie Grenzdifferenzen (GD) bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit für jede Varianzursache ausgegeben. Außerdem erfolgte die Berechnung

der Heritabilität im weiteren Sinne als Quotient aus genetischer und phänotypischer Varianz nach Knapp und Bridges (1987). Fehlende Boniturwerte, wie sie im Falle der Bewertung der Frosttoleranz häufig vorkamen, wurden durch PLABSTAT ersetzt.

Für die Untersuchung der Frosttoleranz im Primärblattstadium sowie der Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen wurde dabei folgendes biometrisches Modell verwendet, wobei die Stangenbohnenakzession als zufälliger Effekt festgelegt wurde:

$$x_{ij} = \mu + b_i + w_j + e_{ij}$$

- x_{ij} = Beobachtungswert der i-ten Stangenbohnenakzession in der j-ten Wiederholung
 μ = Versuchsmittelwert
 b_i = Effekt der i-ten Stangenbohnenakzession
 w_j = Effekt der j-ten Wiederholung
 e_{ij} = Restfehler

Für die Untersuchung der agronomischen Merkmale aller Stangenbohnenakzessionen im Feld wurde das biometrische Modell um den zufälligen Effekt des Standortes erweitert und lautete daher wie folgt:

$$x_{ijk} = \mu + b_i + o_j + w_{jk} + bo_{ij} + e_{ijk}$$

- x_{ijk} = Beobachtungswert der i-ten Stangenbohnenakzession am j-ten Standort in der k-ten Wiederholung
 μ = Versuchsmittelwert
 b_i = Effekt der i-ten Stangenbohnenakzession
 o_j = Effekt des j-ten Standortes
 w_{jk} = Effekt der k-ten Wiederholung innerhalb des j-ten Standortes
 bo_{ij} = Interaktionseffekt der i-ten Stangenbohnenakzession mit dem j-ten Standort
 e_{ijk} = Restfehler

Populationsstruktur und genomweite Assoziationsstudie

Um die genetische Struktur innerhalb des verwendeten Bohnensets zu bestimmen wurde zunächst mithilfe der Software STRUCTURE (Pritchard *et al.* 2000) eine Analyse der Populationsstruktur durchgeführt. Hierfür wurde eine Auswahl von 59 SNP-Markern genutzt, welche gleichmäßig über alle 11 Chromosomen verteilt waren und sich nicht im Kopplungsungleichgewicht (*Linkage Disequilibrium* – LD) befanden. Als genetischer Abstand wurden hier ca. 20 cM gewählt. Innerhalb der Software wurde die Länge der *Burn-In*-Periode auf 100.000 sowie die Anzahl der Wiederholungen des Markov-Chain-Monte-Carlo-Verfahrens (MCMC-Verfahren) ebenfalls auf 100.000 festgelegt. Die Grundlage der Berechnungen stellt dabei ein systematisches *Bayesian Clustering*-Verfahren dar, bei dem die einzelnen Individuen zufällig einer festgelegten Anzahl an Gruppen zugeordnet und die Allelfrequenzen jeder Gruppe berechnet werden. Anhand dieser Frequenzen werden die Individuen den Gruppen dann neu zugeordnet. Durch das MCMC-Verfahren wird dies sehr oft wiederholt, wodurch iterativ die Verlässlichkeit der Schätzungen der Allelfrequenzen einer tatsächlich existierenden Sub-Population erhöht wird und damit die Zugehörigkeit eines Individuums zu einer solchen Sub-Population bestimmt werden kann. Für das genutzte Bohnenset wurde die Anzahl der zu testenden Gruppen auf 1 bis 10 festgelegt. Die gesamte Berechnung wurde insgesamt dreimal wiederholt. Genaueres zur theoretischen Grundlage der Software STRUCTURE ist Porras-Hurtado *et al.* (2013) zu entnehmen. Für die Bestimmung der idealen Anzahl an Sub-Populationen wurde dann die Delta K-Methode (Evanno *et al.* 2005) verwendet, welche in der Software STRUCTURE HARVESTER (Earl und Holdt 2012) implementiert ist.

Im Anschluss wurden alle SNP-Marker, welche sich in absolutem Kopplungsungleichgewicht (LD = 1) befanden, herausgefiltert. Dadurch verringerte sich die Anzahl der SNP-Marker von anfänglich 5398 auf 2863. Für die Analyse der einzelnen Merkmale wurden zudem nur SNPs mit einer *Minor allele frequency* (MAF) von $\geq 7\%$ genutzt.

Zur Durchführung der Assoziationsstudie selbst wurde ein Compressed Mixed Linear Model (Zhang *et al.* 2010) innerhalb des GAPIT R-Pakets genutzt (Lipka *et al.* 2012), welches sowohl fixe als auch zufällige Effekte berücksichtigt. Innerhalb des Modells wurde gemeinsam die markerbasierte Verwandtschaftsmatrix aller Individuen (K) und die Populationsstruktur aus STRUCTURE (Q) genutzt. Dieser „Q+K“-Ansatz verspricht dabei eine höhere statistische Power, als wenn nur die Populationsstruktur berücksichtigt wird (Yu *et al.* 2006). Das biometrische Modell, welches die Grundlage für die Berechnung der Assoziationen zwischen phänotypischen und genotypischen Daten darstellt, ergab sich dann wie folgt:

$$Y = X\alpha + P\beta + K\chi + \varepsilon$$

Dabei steht Y für die phänotypische Beobachtung eines Individuums, X für den fixen Effekt eines SNPs, P für den fixen Effekt der Populationsstruktur, K für den zufälligen Effekt der relativen Ver-

wandtschaft der Individuen und ε für den Restfehler. Zur Neutralisierung der Alpha-Fehler-Kumulierung bei multiplen Vergleichen wurde das *False Discovery Rate*-Verfahren (Benjamini und Hochberg 1995) angewandt. In den *Manhattan Plots* wurde zusätzlich, falls von einzelnen SNPs erreicht, die Schwelle der einfachen Bonferroni-Korrektur für $p = 0,05$ grafisch dargestellt.

Neben der Wahrscheinlichkeit einer signifikanten Assoziation jedes einzelnen Markers mit dem zugrunde liegenden Merkmal (auf Basis von p-Werten), welches durch eine Darstellung der $-\log_{10}(p\text{-Werte})$ in Form eines *Manhattan Plots* visualisiert wird, erzeugt GAPIT eine Reihe weiterer Ergebnisse. Dazu gehört zum einen die Darstellung jedes Individuums anhand von Hauptkomponenten (*Principal Component Analysis*), wodurch die Populationsstruktur grafisch verdeutlicht werden kann. Zum anderen wurde ein Quantil-Quantil-Graph (*QQ-Plot*) ausgegeben. Dieser diente zur Überprüfung, inwieweit das verwendete Modell die Populationsstruktur und Verwandtschaftsverhältnisse korrekt berücksichtigt. Die *QQ-Plots* für alle durchgeführten Assoziationsstudien sind im Anhang in den Abbildungen 55 und 56 aufgeführt.

Die Positionen von SNP-Markern, welche Assoziationen mit dem zugrunde liegenden Merkmal zeigten, wurden anschließend in die Datenbank *JBrowse* (Phytozome v12.1.5. – Buels *et al.* 2016) eingegeben, um Kandidatengene zu ermitteln. Diese Informationen sollen zur abschließenden Diskussion der ermittelten Marker-Merkmal-Assoziationen dienen.

3.3 Ergebnisse

3.3.1 Populationsstruktur

Die Analyse der Populationsstruktur erfolgte zum einen für ein Set, welches alle genotypisierten Bohnenakzessionen enthält ($n = 276$) und zum anderen für ein Set, welches nur die verwendeten Stangenbohnenakzessionen beinhaltet ($n = 177$). Wie in der Abbildung 34 zu sehen wurde für beide Sets die Existenz von zwei Subpopulationen ($K = 2$) als am wahrscheinlichsten ermittelt. Für das vollständige Bohnenset ($N = 276$) war die Wahrscheinlichkeit für die Existenz einer dritten Subpopulation dabei höher, als bei Betrachtung ausschließlich der Stangenbohnen.

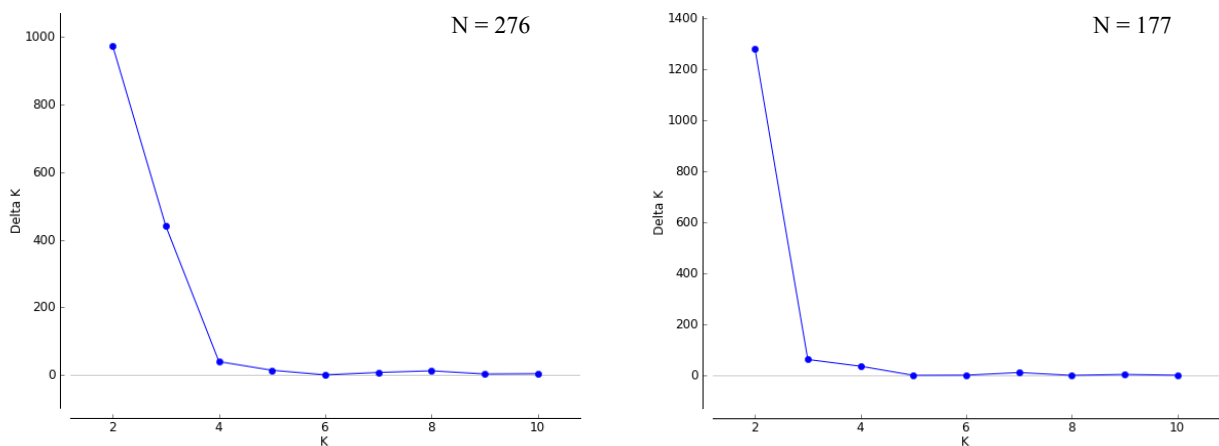


Abbildung 34: DeltaK-Diagramm des gesamten Bohnensets ($N = 276$) und des Stangenbohnensets ($N = 177$) für die Anzahl der Subpopulationen von $K = 1-10$ basierend auf den Ergebnissen der STRUCTURE-Analyse.

Die Anzahl der Subpopulationen wurde ebenfalls durch die Ergebnisse der Hauptkomponentenanalyse verdeutlicht. Verknüpft man diese mit den Zugehörigkeiten der Akzessionen zu den in STRUCTURE ermittelten Subpopulationen (siehe Abbildung 35), bewirkt die erste Hauptkomponente besonders im Stangenbohnenset eine deutliche Abgrenzung einer kleinen Gruppe von Akzessionen (Gruppe 2) von einer wiederum sehr großen Gruppe von Akzessionen, welche sich genetisch ähneln (Gruppe 1). Die ebenfalls analysierten Busch- und Reiserbohnen bildeten dagegen nicht einheitlich eine eigenständige Gruppe (siehe Abbildung 36). Eine große Anzahl an Reiserbohnenakzessionen war dabei beispielsweise der Gruppe 1 der Stangenbohnenakzessionen genetisch sehr ähnlich. Durch den Einfluss der zweiten Hauptkomponente grenzten sich aber viele der Buschbohnenakzessionen von den Stangenbohnenakzessionen ab. Der deutlich größere Teil der genetischen Variation wurde jedoch stets durch die erste Hauptkomponente erklärt.

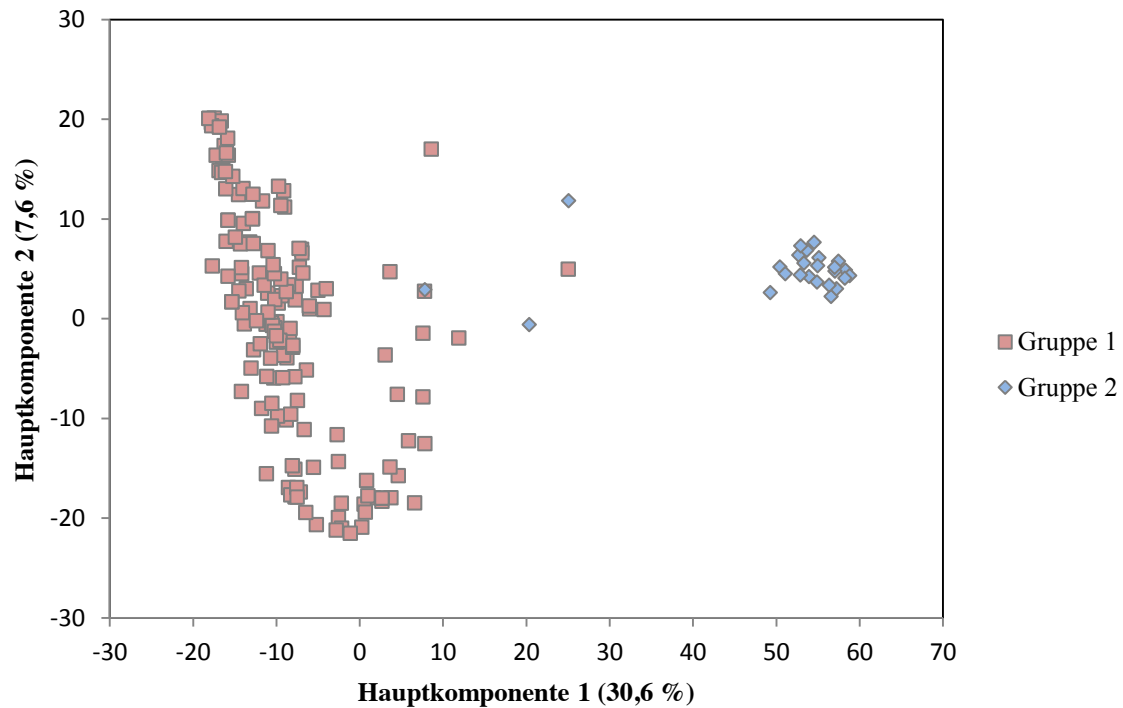


Abbildung 35: Hauptkomponentenanalyse der Stangenbohnenakzessionen dargestellt anhand der Einteilung in die durch STRUCTURE ermittelten Subpopulationen.

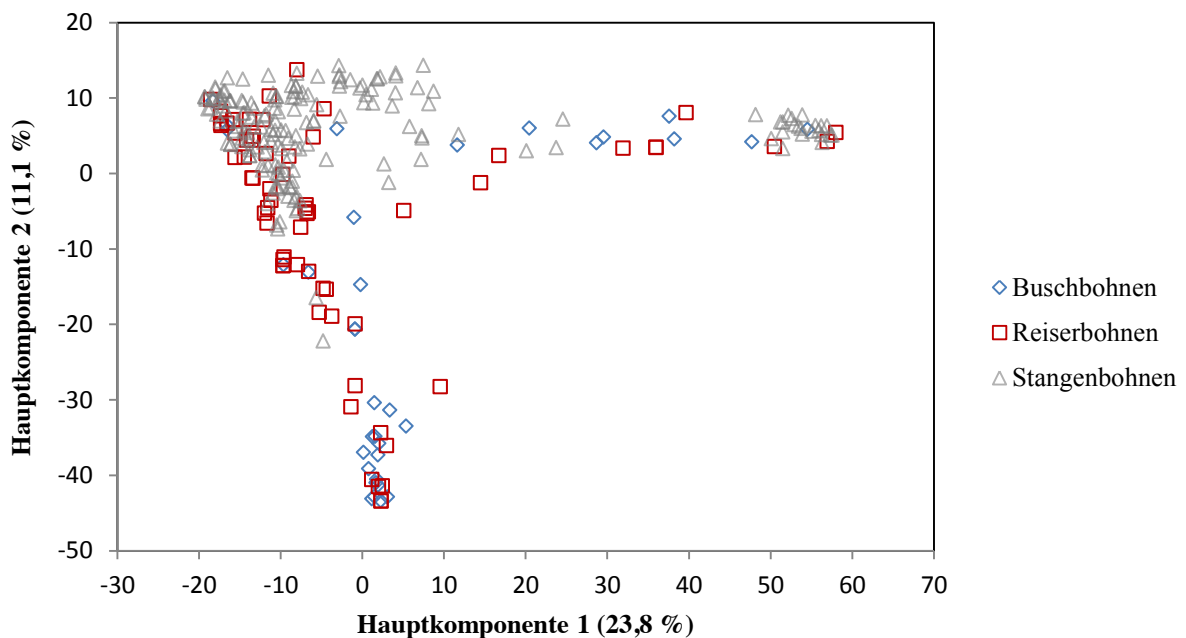


Abbildung 36: Hauptkomponentenanalyse aller genotypisierten Bohnenakzessionen dargestellt anhand des Wuchstyps.

Für einen Großteil der Akzessionen waren in der Datenbank des IPK in Gatersleben zudem Daten zum Biostatus sowie zur Herkunft hinterlegt. Wie in Abbildung 37 dargestellt, wurden 111 Akzessionen dabei als Landsorte, 112 Akzessionen als Zuchtsorte und 3 Akzessionen als Wildpflanzen beschrieben. Die Hauptkomponentenanalyse zeigte jedoch, dass zwischen diesen drei Klassen keine prinzipiellen genetischen Unterschiede zu beobachten waren.

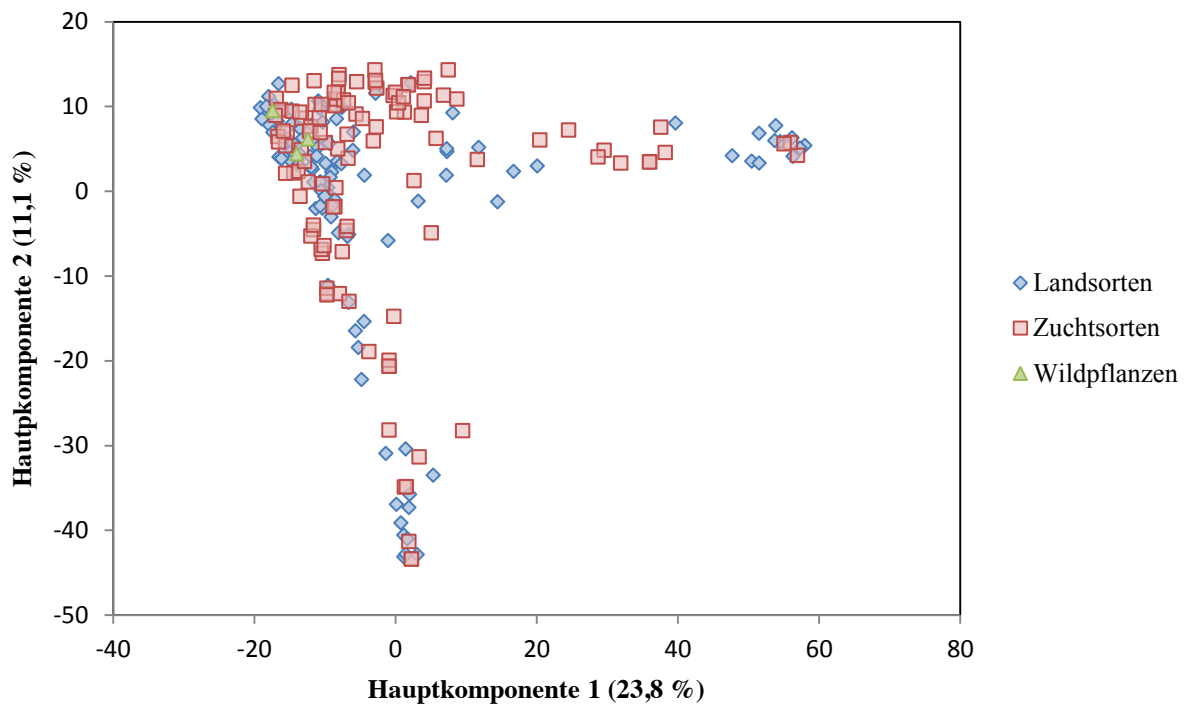


Abbildung 37: Hauptkomponentenanalyse aller genotypisierten Bohnenakzessionen dargestellt anhand des Biostatus der Akzessionen laut IPK Datenbank.

Betrachtet man die Angaben zur Herkunft der einzelnen Akzessionen, so konnte die Gruppierung einzelner Akzessionen jedoch teilweise erklärt werden. Wie die Abbildung 38 zeigt stammte die deutliche Mehrzahl der genutzten Akzessionen dabei aus Ländern Mitteleuropas, vornehmlich aus Deutschland und Italien. Alle Akzessionen aus Deutschland ähnelten sich dabei genetisch sehr stark, wobei hingegen Akzessionen aus den übrigen mitteleuropäischen Ländern (insbesondere aus Italien) sehr divers waren und sich entlang beider Hauptkomponenten verteilten. Akzessionen aus der Balkanregion besaßen ebenfalls große genetische Gemeinsamkeiten. Gleiches galt für Akzessionen aus der ehemaligen Sowjetunion, wobei sich hier aber zwei Akzessionen deutlich abgrenzten. Für Akzessionen aus dem Nahen Osten sowie aus Ost-Asien ergab sich dagegen jeweils eine Aufteilung der Akzessionen entlang der ersten Hauptkomponente. Die Mehrheit der ostasiatischen Akzessionen, welche allesamt Landsorten aus China oder Nordkorea darstellten, besaß aber wiederum eine große Ähnlichkeit zu

Akzessionen aus der Balkanregion sowie Mitteleuropas. Akzessionen aus Nordafrika besaßen ebenfalls große Gemeinsamkeiten mit den europäischen Akzessionen. Relativ geringe Gemeinsamkeiten untereinander zeigten dagegen Akzessionen aus Nordamerika. Hier grenzte sich zudem eine kleine Gruppe von Akzessionen entlang der zweiten Hauptkomponente von Akzessionen aus anderen Regionen deutlich ab.

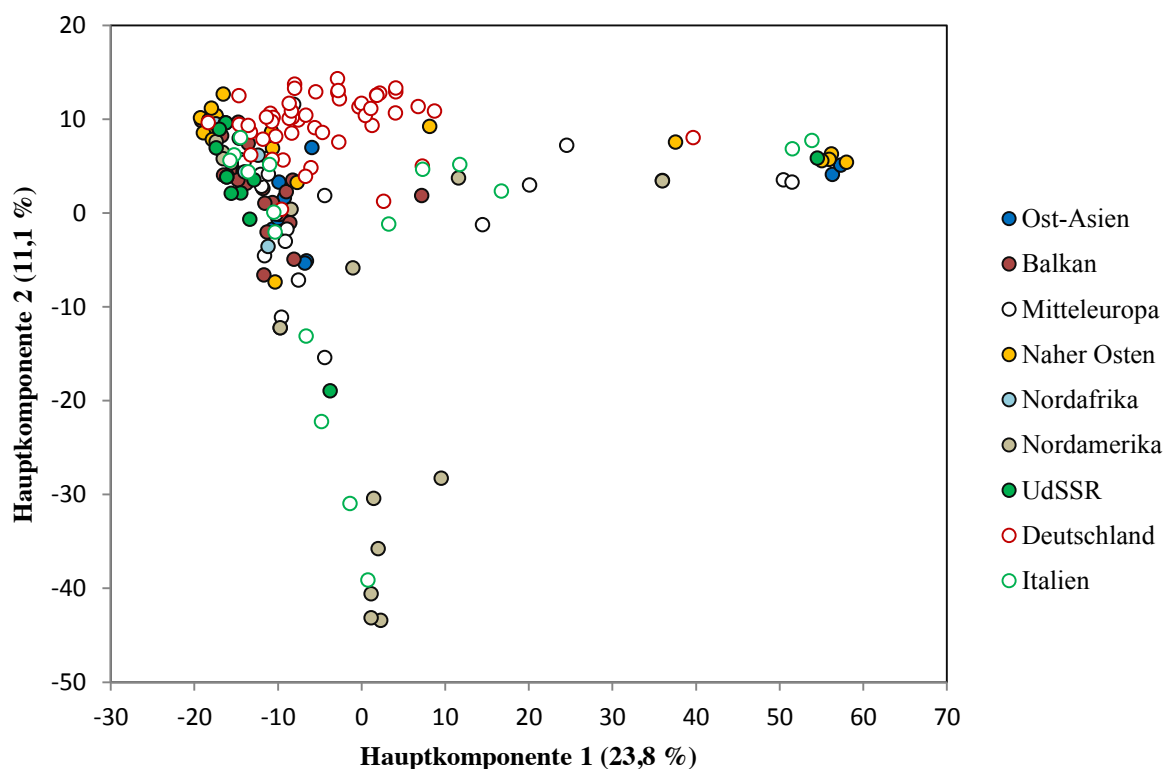


Abbildung 38: Hauptkomponentenanalyse aller genotypisierten Bohnenakzessionen dargestellt anhand der Herkunft nach Regionen.

3.3.2 Agronomische Merkmale der Stangenbohnenakzessionen

Für alle quantitativen Merkmale, welche während des Feldversuches 2017 an den Stangenbohnen erhoben wurden, zeigte sich die Stangenbohnenakzession als signifikante Varianzursache (siehe Tabelle 41 im Anhang). Wie in Tabelle 30 aufgeführt, wurden – mit Ausnahme der frühen Bonitur der Biomasse – für alle Merkmale hohe Heritabilitäten ermittelt. In Abbildung 39 ist sehen, dass sich für die frühe und mittlere Biomasse sowie für den Beginn des Rankens eine annähernde Normalverteilung der Werte ergab. Bei der späten Bonitur sowie dem Beginn der Blüte war jedoch eine Verschiebung der Häufigkeiten hin zu einer geringen Boniturnote (wobei die meisten Akzessionen mit der Boniturnote 1,0 oder 1,5 bewertet wurden) bzw. zu einem früheren Beginn der Blüte zu beobachten.

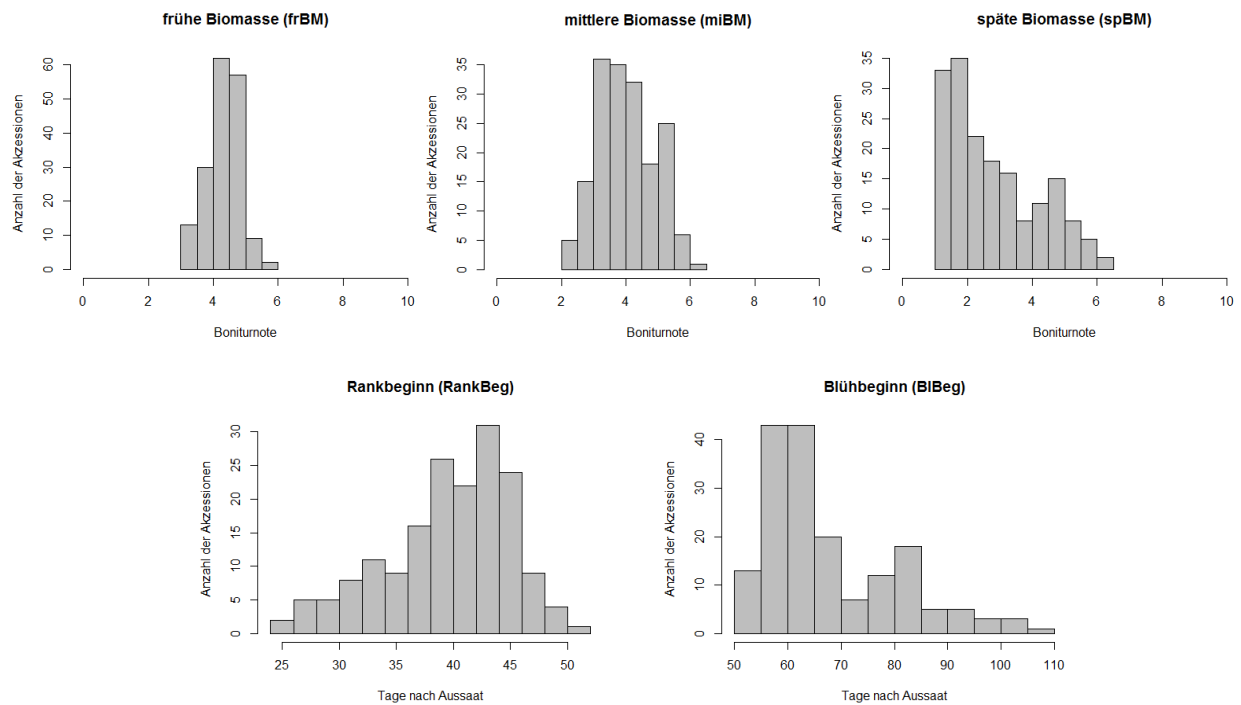


Abbildung 39: Häufigkeitsverteilungen der visuellen Bonitur der Biomasse sowie des Rank- und Blühbeginns der Stangenbohnenakzessionen.

Auch stieg die Variation zwischen den Akzessionen in der Biomasse mit jedem Boniturtermin an. Zum letzten Boniturtermin, welcher den potenziellen Erntetermin darstellen sollte, besaßen nur sehr wenige Akzessionen eine hohe Biomasse. Die meisten Akzessionen hatten hier dagegen bereits ihre Blätter abgeworfen, welche dann keinen Beitrag zur Biomasse mehr leisten konnten. Diese frühe Abreife spiegelte sich auch im Zeitpunkt des Blühbeginns wider. Obwohl hier eine sehr große Variation bestand, erreichte die Mehrzahl der Akzessionen diesen Zeitpunkt vergleichsweise früh; bei einem durchschnittlichen Blühbeginn nach nur ca. 68 Tagen nach der Aussaat (siehe Tabelle 30).

Tabelle 30: Minima, Mittel, Maxima und Heritabilitäten für die im Feld erhobenen Merkmale.

	RankBeg (TnA)	BlühBeg (TnA)	frBM	miBM	spBM
Minimum	25.30	50.25	3.00	2.25	1.00
Mittel	39.68	67.63	4.44	4.13	2.90
Maximum	50.25	106.33	5.75	6.25	6.25
Heritabilität	<i>91.23</i>	<i>93.30</i>	<i>52.81</i>	<i>83.91</i>	<i>91.10</i>

RankBeg = Rankbeginn der Bohnen, BlühBeg = Blühbeginn der Bohnen, frBM = frühe Bonitur der Biomasse, miBM = mittlere Bonitur der Biomasse, spBM = späte Bonitur der Biomasse

Zwar konnten für den Rankbeginn sowie für alle drei Bonituren der Biomasse keine assoziierten SNPs identifiziert werden, welche auch nach FDR-Adjustierung die Signifikanzschwelle erreichten. Jedoch zeigte sich für den späten Boniturtermin eine Assoziation mit einem SNP auf Chromosom 4, welcher auch signifikant mit dem Beginn der Blüte assoziiert war (siehe Abbildungen 40 und 41). Dies spiegelt die signifikante Korrelation zwischen dem Beginn der Blüte und der späten Biomassebonitur im Feld von 0,816** wider. Der Marker mit der stärksten Assoziation für den Blühbeginn war dabei für 7,5 % der phänotypischen Variation verantwortlich, wobei hier das Allel A eine signifikant spätere Blüte signalisierte. Zudem konnten weitere signifikante SNPs auf dem Chromosom 8 ermittelt werden, welche in Tabelle 31 beschrieben werden. Die jeweils am stärksten assoziierten Marker auf Chromosom 4 und 8 erklärten hier zusammen 13,5 % der phänotypischen Variation.

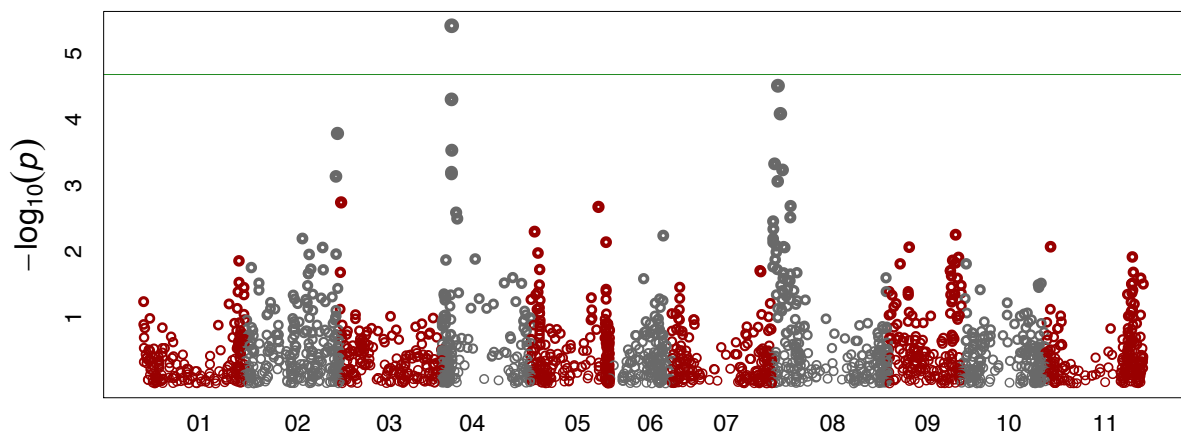


Abbildung 40: Manhattan Plot für den Beginn der Blüte der Stangenbohnen. Die grüne Linie zeigt die Signifikanzschwelle nach einfacher Bonferroni-Korrektur mit $p = 0,05$. Die Analyse beruht auf den Daten von 173 Stangenbohnenakzessionen.

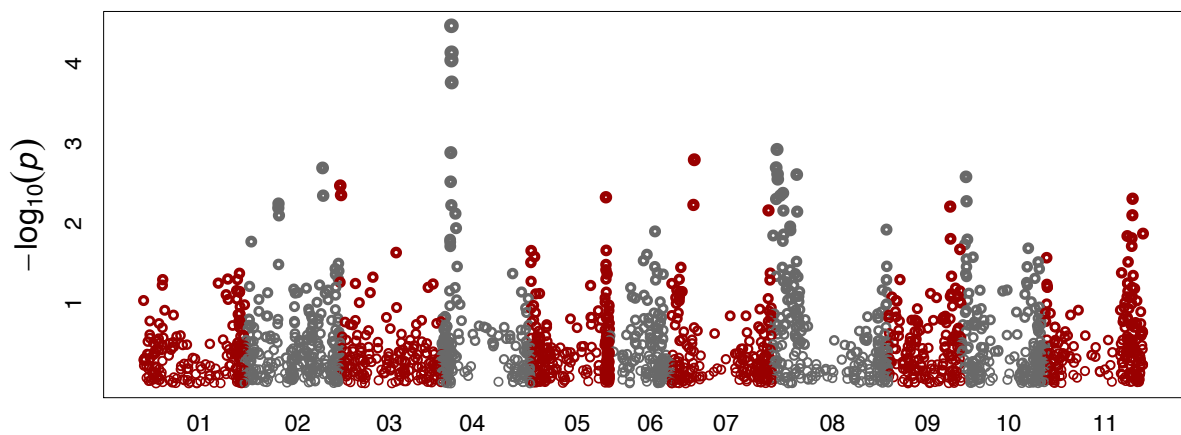


Abbildung 41: Manhattan Plot für die späte Bonitur der Biomasse der Stangenbohnen. Die Analyse beruht auf den Daten von 173 Stangenbohnenakzessionen.

Von den 173 im Feld angebauten Akzessionen wurden 44 als „eindeutig fadenlos“ (Note 1), 78 als „eindeutig fädig“ (Note 9) sowie 51 als „nicht eindeutig bestimmt“ (Note 5) bewertet. Wie die Abbildungen 42 und 43 zeigen, konnte sowohl für die Fädigkeit als auch für den Wuchstyp jeweils ein stark assoziierter SNP bestimmt werden, welcher auch nach der strengeren Bonferroni-Korrektur das Signifikanzniveau erreichte. Der Marker mit dem niedrigsten p-Wert für die Fädigkeit erklärte dabei 8,2 % der phänotypischen Variation. Zudem konnte ein weiterer signifikanter SNP auf Chromosom 7 ermittelt werden. Der am stärksten mit dem Wuchstyp assoziierte Marker erklärte wiederum 6,3 % der phänotypischen Variation, wobei zahlreiche weitere SNPs auf den Chromosomen 1, 3, 6, 7 und 9 das Signifikanzniveau erreichten (siehe Tabelle 31). Diese waren aber nur für zwischen 2,4 und 3,4 % der phänotypischen Variation verantwortlich.

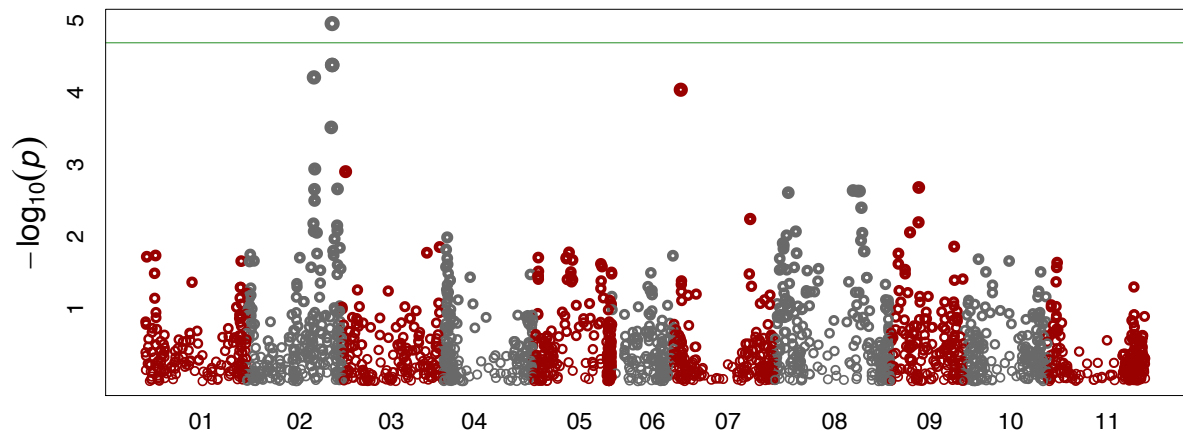


Abbildung 42: Manhattan Plot für die Bonitur der Fädigkeit der Stangenbohnen. Die grüne Linie zeigt die Signifikanzschwelle nach einfacher Bonferroni-Korrektur mit $p = 0,05$. Die Analyse beruht auf den Daten von 173 Stangenbohnenakzessionen.

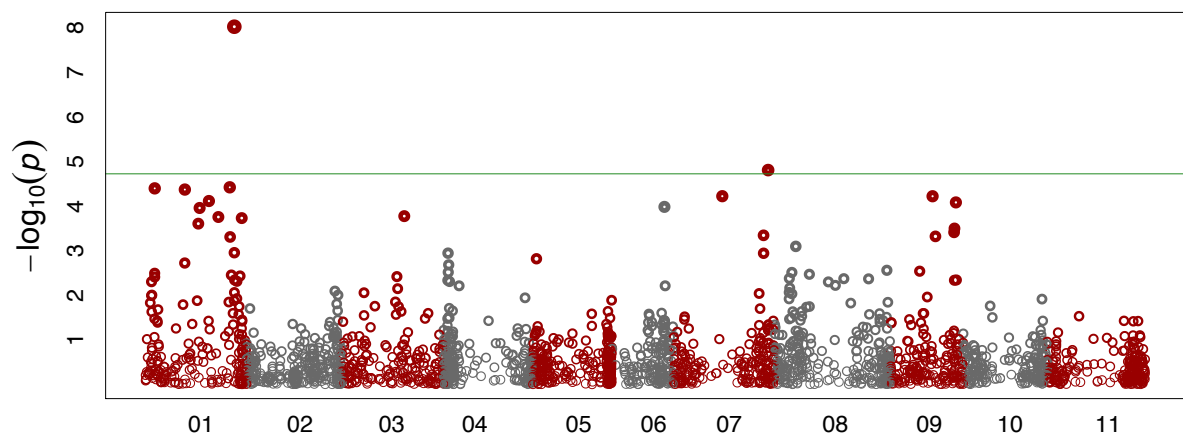


Abbildung 43: Manhattan Plot für den Wuchstyp der Bohnen. Die grüne Linie zeigt die Signifikanzschwelle nach einfacher Bonferroni-Korrektur mit $p = 0,05$. Die Analyse beruht auf den Daten von 177 Stangenbohnenakzessionen sowie 34 Buschbohnenakzessionen.

Tabelle 31: Beschreibung der nach FDR-Adjustierung signifikant mit den im Feld erfassten Merkmalen sowie mit dem Wuchstyp assoziierten SNP-Marker.

Merkmal	SNP-Code	Chromosom	SNP-Position	p-Wert	FDR-adjustierter p-Wert	R ²	MAF	Allel-Effekt
Blühbeginn	sc00410ln258431_102144_C_A_209060065	4	5109467	3.8 x 10 ⁻⁶	0.001	0.075	0.208	C-A: -7.33
	sc00020ln1038212_94260_9_G_A_31380835	8	2922586	3.1 x 10 ⁻⁵	0.037	0.060	0.373	G-A: 4.42
	sc00410ln258431_18390_C_A_20896311	4	5026296	4.9 x 10 ⁻⁵	0.039	0.057	0.410	C-A: 5.88
	sc00205ln408227_256857_T_C_143036095	8	4201220	8.1 x 10 ⁻⁵	0.049	0.053	0.159	T-C: 9.69
Fädigkeit	sc00246ln359617_20302_T_C_158535428	2	43875974	1.1 x 10 ⁻⁵	0.027	0.082	0.439	T-C: -1.66
	sc00452ln242100_199793_T_C_219659796	2	34527830	6.2 x 10 ⁻⁵	0.038	0.067	0.217	T-C: -1.90
	sc00052ln745181_550476_G_T_58892943	7	3648568	9.2 x 10 ⁻⁵	0.045	0.064	0.318	T-G: -1.14
Wuchstyp *	sc00181ln444734_422243_C_T_132937185	1	45847693	9.4 x 10 ⁻⁹	2.5 x 10 ⁻⁵	0.063	0.223	T-C: 1.85
	sc00478ln232123_103680_C_A_225731809	7	48507439	1.6 x 10 ⁻⁵	0.021	0.034	0.225	C-A: 1.13
	sc00107ln581505_495115_A_G_95325076	1	43512983	3.8 x 10 ⁻⁵	0.022	0.031	0.282	G-A: 1.09
	sc00010ln1529725_48058_6_C_A_17520176	1	4986415	4.0 x 10 ⁻⁵	0.022	0.031	0.111	C-A: 1.92
	sc00371ln279911_26103_G_A_198498876	1	20450707	4.2 x 10 ⁻⁵	0.022	0.031	0.085	G-A: -1.59
	sc04051ln13799_11833_C_A_444105603	7	24979283	6.0 x 10 ⁻⁵	0.022	0.030	0.185	C-A: -1.10
	sc00029ln929757_444645_T_C_39715331	9	21734472	6.0 x 10 ⁻⁵	0.022	0.030	0.147	T-C: 1.34
	sc00178ln451961_188256_T_C_131348579	1	32803233	7.7 x 10 ⁻⁵	0.024	0.029	0.083	T-C: -1.50
	sc00011ln1496550_13394_95_A_G_19908810	9	33710840	8.3 x 10 ⁻⁵	0.024	0.028	0.114	G-A: -1.84
	sc00145ln500759_238562_A_G_115459699	6	27063782	1.0 x 10 ⁻⁴	0.027	0.028	0.109	G-A: -1.09
	sc04921ln7305_2124_G_A_453117899	1	28035739	1.1 x 10 ⁻⁴	0.027	0.027	0.081	G-A: -1.41
	sc02372ln38635_6860_A_G_403858240	3	32016978	1.6 x 10 ⁻⁴	0.035	0.026	0.073	G-A: 1.32
	sc01076ln108355_54087_A_G_319559980	1	37661626	1.8 x 10 ⁻⁴	0.035	0.026	0.076	G-A: 1.38
	sc00022ln1003704_10962_3_C_T_32611495	1	49657760	1.9 x 10 ⁻⁴	0.035	0.025	0.090	T-C: -1.18
	sc00510ln217172_93156_T_G_232889041	1	27360325	2.4 x 10 ⁻⁴	0.044	0.024	0.092	T-G: -1.33

* Der Wuchstyp wurde als 1 = Buschbohne, 9 = Stangenbohne bonitiert. R² = Phänotypische Varianz, die durch den Marker erklärt wird, MAF = *Minor Allele Frequency*

3.3.3 Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen

Für die Beurteilung der Keimfähigkeit der Stangenbohnenakzessionen bei suboptimalen Temperaturen erfolgte die Erfassung der Anzahl der gekeimten Bohnen zu insgesamt fünf unterschiedlichen Zeitpunkten (3 Tage, 6 Tage, 10 Tage, 13 Tage und 17 Tage nach Aussaat). Im Anschluss wurde unter optimalen Temperaturbedingungen die maximal mögliche Anzahl der keimenden Samen ermittelt. Es zeigte sich, dass in dieser Kontrolle nur wenige Akzessionen eine 100-prozentige Keimfähigkeit besaßen und die durchschnittliche maximale Keimfähigkeit bei 82,2 % lag. In Abbildung 44 ist eine Übersicht zu finden, welche zum einen den Prozentsatz der nach 17 Tagen unter suboptimalen Temperaturen gekeimten Samen und zum anderen den Prozentsatz der zur Kontrolle gekeimten Samen gegenübergestellt. Nachfolgend wird die Keimfähigkeit daher stets als Prozentsatz der Anzahl zum Zeitpunkt i gekeimten Samen zu der maximal ermittelten Anzahl der zur Kontrolle gekeimten Samen angegeben.

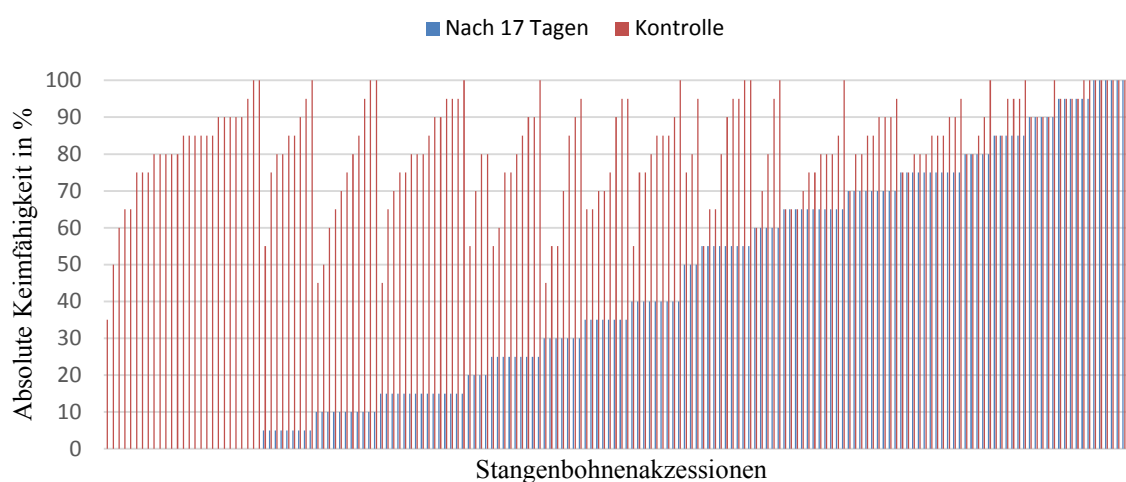


Abbildung 44: Übersicht der Keimfähigkeit der Stangenbohnen in %. Die Akzessionen werden jeweils durch eine blaue und rote Säule dargestellt und wurden aufsteigend nach ihrer Keimfähigkeit nach 17 Tagen unter suboptimalen Temperaturen angeordnet.

Nach drei Tagen keimte noch keine der ausgelegten Bohnen. Nach sechs Tagen konnten dagegen die ersten keimenden Bohnen beobachtet werden. Bei jedem weiteren Boniturtermin stieg im Durchschnitt die Anzahl der gekeimten Bohnensamen kontinuierlich an. Wie in Abbildung 45 zu sehen zeigten aber stets einige der getesteten Akzessionen keine bzw. eine sehr niedrige Keimfähigkeit. Selbst nach 17 Tagen keimte bei 27 Akzessionen kein einziger der ausgelegten Samen. Dagegen keimten zu diesem Zeitpunkt aber bei 28 Akzessionen bereits 100 % aller keimfähigen Samen. Durchschnittlich keimten hier 50,1 % aller ausgelegten keimfähigen Bohnensamen. Es zeigte sich somit eine deutliche bimodale Verteilung der Werte. Die Keimfähigkeit nach 17 Tagen korrelierte zudem signifikant mit den Werten

der anderen Boniturtermine. Die Korrelationskoeffizienten betragen dabei 0,434** (mit KF6), 0,849** (mit KF10) und 0,954** (mit KF13).

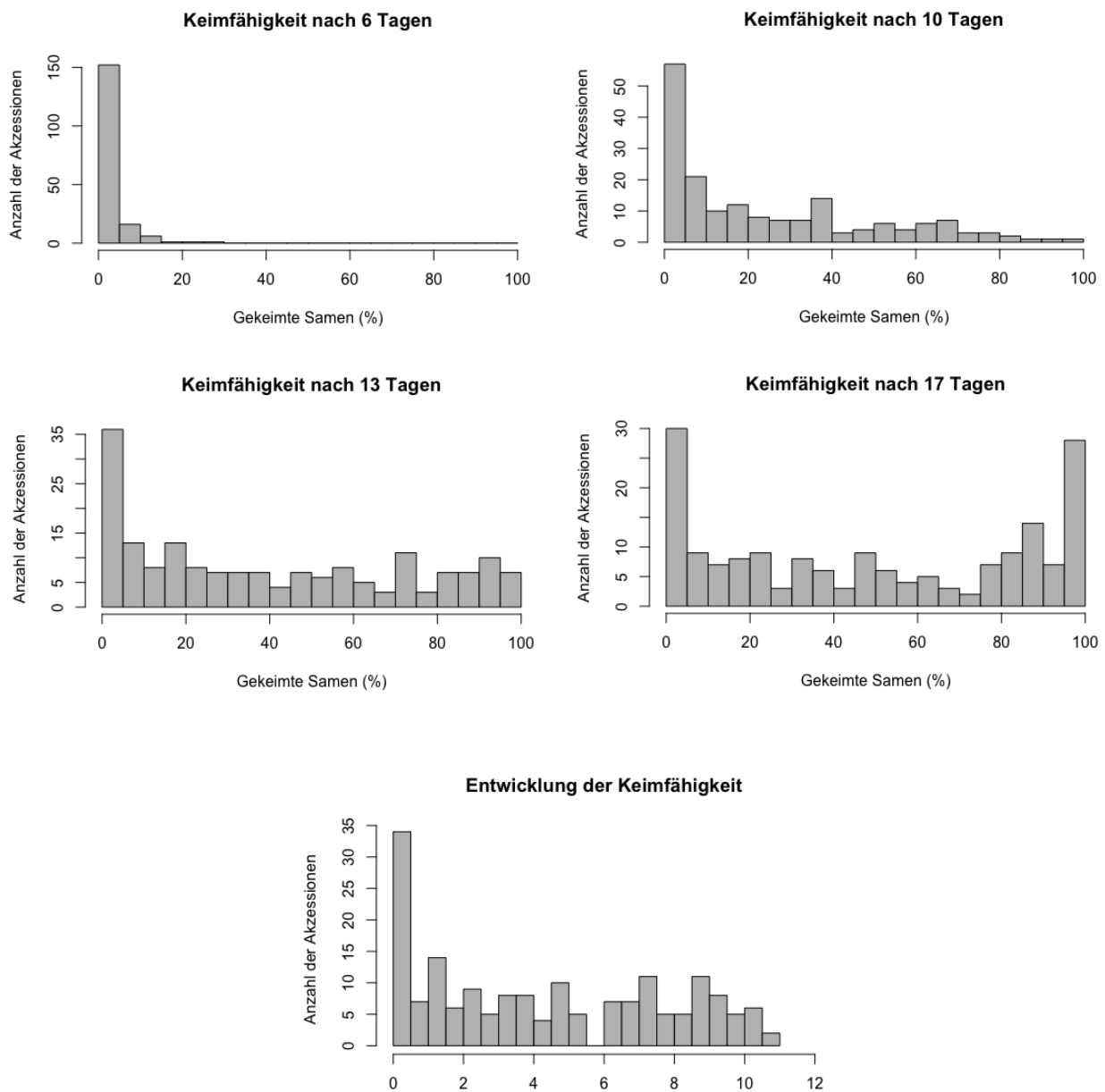


Abbildung 45: Häufigkeitsverteilungen der erfassten Merkmale zur Bestimmung der Keimfähigkeit unter sub-optimalen Temperaturen.

Für die Durchführung der Assoziationsanalyse wurde die Keimfähigkeit nach 17 Tagen (KF17) sowie die Entwicklung der Keimfähigkeit (EKF), welche auch die Keimfähigkeit zu früheren Zeitpunkten berücksichtigt, verwendet. Die EKF nahm dabei Werte zwischen 0 und 10,61 an, bei einem Mittelwert von 4,35. Abbildung 45 zeigt, dass hier nur wenige Akzessionen einen hohen Wert erreichten. Mit einem Koeffizienten von 0,984** bestand außerdem eine starke Korrelation zwischen EKF und KF17. Die Varianzanalyse der phänotypischen Daten zeigte, dass sowohl für KF17 als auch EKF signifikante

Unterschiede zwischen den Akzessionen zu beobachten waren. Die Heritabilität war zudem mit 87,5 % (KF17) und 88,8 % (EKF) auf einem hohen Niveau. Bei der genomweiten Assoziationsstudie konnte jedoch für keines der beiden Merkmale ein SNP-Marker identifiziert werden, welcher auch nach FDR-Adjustierung das Signifikanzniveau erreichte. Die Abbildungen 46 und 47 zeigen, dass es dennoch Peaks in den Manhattan-Plots gab, welche auf mögliche Assoziationen zu den untersuchten Merkmalen hinweisen. In der Tabelle 32 sind daher die fünf SNP-Marker aufgelistet, welche jeweils die höchsten Wahrscheinlichkeiten einer Assoziation zu den phänotypischen Daten besaßen. Aufgrund der starken Korrelation von KF17 und EKF sind vier dieser fünf Marker für beide Merkmale identisch und befinden sich auf den Chromosomen 1, 2, 7 und 11.

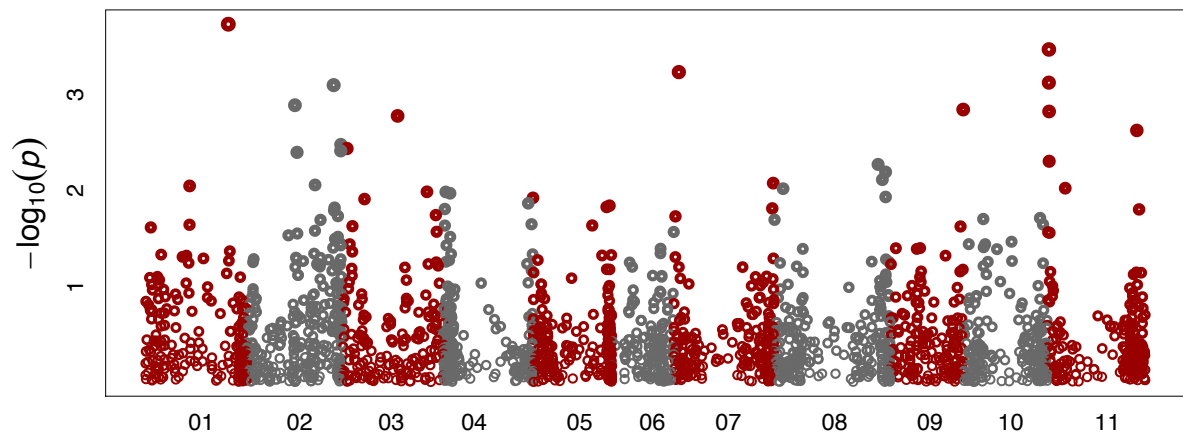


Abbildung 46: Manhattan Plot für die Keimfähigkeit nach 17 Tagen unter suboptimalen Temperaturen. Die Analyse beruht auf den Daten von 177 Stangenbohnenakzessionen.

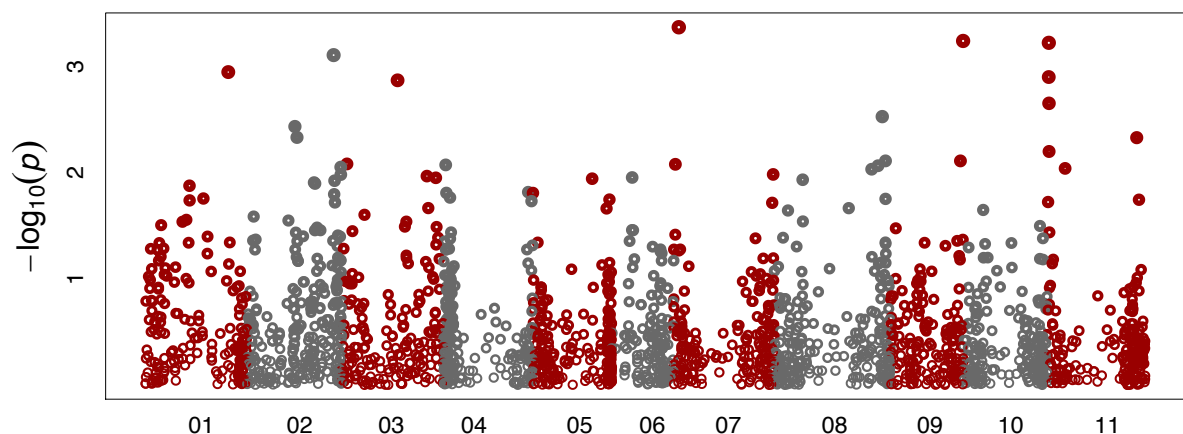


Abbildung 47: Manhattan Plot für die Entwicklung der Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen. Die Analyse beruht auf den Daten von 177 Stangenbohnenakzessionen.

Tabelle 32: Beschreibung der fünf SNP-Marker mit den niedrigsten p-Werten für die Bewertung der Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen.

Merkmal	SNP-Code	Chromosom	SNP-Position	p-Wert	FDR-adjustierter p-Wert	R ²	MAF	Allel-Effekt
KF17	sc01742ln59987_1925 6_C_T_373492508	1	42731715	1.8 x 10 ⁻⁴	0.386	0.040	0.367	T-C: -11.23
	sc00005ln1829281_67 3455_T_G_9075639	11	766124	3.4 x 10 ⁻⁴	0.386	0.036	0.291	T-G: 13.57
	sc00067ln694271_486 308_T_C_69651566	7	2623153	5.8 x 10 ⁻⁴	0.386	0.033	0.201	T-C: -15.47
	sc00005ln1829281_63 5857_A_G_9038041	11	730195	7.5 x 10 ⁻⁴	0.386	0.032	0.463	G-A: -12.47
	sc00160ln486724_338 720_T_C_122981651	2	44643723	7.9 x 10 ⁻⁴	0.386	0.032	0.198	T-C: -21.16
EKF	sc00067ln694271_486 308_T_C_69651566	7	2623153	4.2 x 10 ⁻⁴	0.469	0.037	0.201	T-C: -1.52
	sc00084ln653026_551 333_A_C_81173888	9	37374817	5.8 x 10 ⁻⁴	0.469	0.035	0.280	C-A: 1.09
	sc00005ln1829281_67 3455_T_G_9075639	11	766124	6.0 x 10 ⁻⁴	0.469	0.035	0.291	T-G: 1.24
	sc00160ln486724_338 720_T_C_122981651	2	44643723	7.8 x 10 ⁻⁴	0.469	0.034	0.198	T-C: -2.03
	sc01742ln59987_1925 6_C_T_373492508	1	42731715	1.1 x 10 ⁻³	0.469	0.032	0.367	T-C: -0.93

R² = Phänotypische Varianz, die durch den Marker erklärt wird, MAF = *Minor Allele Frequency*, KF17 = Keimfähigkeit nach 17 Tagen unter suboptimalen Temperaturen, EKF = Entwicklung der Keimfähigkeit

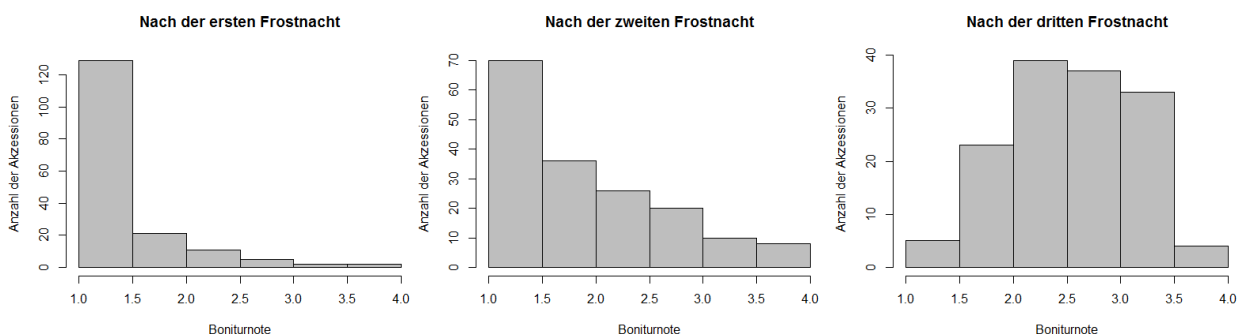
3.3.4 Toleranz gegenüber leichten Frostnächten im Primärblattstadium

Bei Berücksichtigung der zwei besten Wiederholungen, das heißt in diesem Fall mit der höchsten Anzahl an Boniturwerten, konnten 170 Akzessionen – bei den drei besten Wiederholungen 164 Akzessionen, bei den vier besten Wiederholungen 155 Akzessionen, bei den fünf besten Wiederholungen 147 Akzessionen und bei allen sechs Wiederholungen 141 Akzessionen – zur statistischen Auswertung genutzt werden. In Tabelle 33 ist zu sehen, dass sich daher für die verschiedene Anzahl an Wiederholungen unterschiedliche Heritabilitäten ergaben. Diese stiegen jedoch nicht mit Erhöhung der Wiederholungsanzahl an, so wie es laut der allgemeinen Formel zur Berechnung der Heritabilität im weiteren Sinne zu erwarten ist. Die Assoziationsanalyse wurde mit allen zur Verfügung stehenden Merkmalen sowie mit den Mittelwerten aller Merkmale zum jeweiligen Boniturzeitpunkt sowie auch mit den Rangsummen der Merkmale durchgeführt. Im Folgenden werden aber nur Ergebnisse der Merkmale präsentiert, welche die höchsten Heritabilitäten besaßen. Dies war bei allen drei Boniturzeitpunkten jeweils die Bonitur des Turgordrucks. Zudem wird sich auf die Daten aus der Anzahl jener Wiederholungen konzentriert, bei der auch die Heritabilitäten im Durchschnitt am höchsten waren. Dies war bei den Daten aus zwei (erste und zweite Frostnacht) bzw. sechs Wiederholungen (dritte Frostnacht) der Fall.

Tabelle 33: Heritabilitäten der Boniturmerkmale bei Berücksichtigung einer unterschiedlichen Anzahl an Wiederholungen. Der höchste Wert eines jeden Boniturzeitpunktes ist fett gedruckt.

Boniturzeitpunkt	Merkmal	Anzahl der berücksichtigten Wiederholungen				
		2	3	4	5	6
Nach der ersten Frostnacht	Standfestigkeit	38.45	30.42	18.07	24.11	28.41
	Turgordruck	52.39	40.82	39.85	29.89	35.20
	Blattfarbe	38.22	33.35	32.74	29.87	40.79
Nach der zweiten Frostnacht	Standfestigkeit	48.43	35.85	37.04	29.27	25.69
	Turgordruck	67.02	58.06	60.51	55.85	56.49
	Blattfarbe	48.68	47.93	45.47	37.53	34.24
Nach der dritten Frostnacht	Standfestigkeit	37.14	22.69	17.53	7.63	19.07
	Turgordruck	51.76	44.50	52.83	54.02	58.13
	Blattfarbe	46.96	43.56	44.57	46.02	41.85

Die Verteilungen der Boniturnote zum jeweiligen Boniturzeitpunkt sind in Abbildung 48 dargestellt. Nach der ersten Frostnacht betrug die durchschnittliche Boniturnote des Turgordrucks 1,42, bei der zweiten 1,96. Die überwiegende Anzahl der Akzessionen wurde nach beiden Frostnächten dabei mit der Note 1 bis 1,5 bewertet. Dies änderte sich nach der dritten Frostnacht. Hier stieg die Boniturnote im Durchschnitt auf 2,54 an und die Daten näherten sich einer Normalverteilung, bei der nur wenige Akzessionen mit der niedrigsten bzw. höchsten Boniturnote bewertet wurden.

**Abbildung 48:** Häufigkeitsverteilungen der visuellen Bonitur des Turgordrucks in der Klimakammer nach der ersten, zweiten und dritten Frostnacht.

Es ergaben sich zudem stets signifikante Korrelationen sowohl der verschiedenen Merkmale an einem Boniturzeitpunkt als auch eines Merkmals zu verschiedenen Boniturzeitpunkten (Daten nicht gezeigt). Exemplarisch soll dies für den Turgordruck nach zwei Frostnächten bei Berücksichtigung von zwei Wiederholungen angeführt werden. Der Korrelationskoeffizient zur Blattfarbe nach zwei Frostnächten betrug hier 0,690** und zur Standfestigkeit nach zwei Frostnächten 0,733**. Zum Turgordruck ergab sich nach einer Frostnacht eine Korrelation von 0,780** und nach drei Frostnächten von 0,904**.

In der genomweiten Assoziationsstudie konnten keine signifikanten Marker-Merkmal-Assoziationen identifiziert werden. Keiner der SNP-Marker erreichte nach FDR-Adjustierung das Signifikanzniveau. Marker, welche die höchste Wahrscheinlichkeit einer Assoziation besaßen, zeigten außerdem kaum Gemeinsamkeiten zwischen den Boniturwerten nach der ersten, zweiten und dritten Frostnacht (siehe Tabelle 42 im Anhang). Lediglich ein Marker auf Chromosom 2 gehörte sowohl für die Boniturnoten nach der ersten als auch nach der zweiten Frostnacht zu den fünf Markern, welche die niedrigsten p-Werte aufwiesen.

Die Varianzanalyse zur Messung der elektrischen Leitfähigkeit ergab ebenfalls signifikante Unterschiede zwischen den getesteten Akzessionen nach allen drei Frostnächten. Die Heritabilitäten waren mit 42,32 % (nach der ersten Frostnacht), 61,64 % (nach der zweiten Frostnacht) und 45,28 % (nach der dritten Frostnacht) auf einem mittleren Niveau. Die Verteilung der relativen elektrischen Leitfähigkeit in Abbildung 49 zeigt, dass nach der ersten Frostnacht wenig Variation zwischen den Akzessionen zu beobachten war. Der Mittelwert war mit 18,96 % zudem niedrig. Nach der zweiten und dritten Frostnacht zeigte sich jedoch eine deutliche Steigerung der Variation. Die Mittelwerte waren mit 46,55 % und 45,21 % außerdem deutlich höher als im Vergleich zur ersten Frostnacht. Auch fällt auf, dass sich die Verteilung und auch der Mittelwert der Messwerte nach der zweiten und nach der dritten Frostnacht kaum unterschieden. Im Gegensatz zu der visuellen Bonitur der Frostschäden, bei der insbesondere nach der dritten Frostnacht stärkere Frostschäden zu beobachten waren (siehe Abbildung 48), zeigte sich hier bereits nach der zweiten Frostnacht ein signifikanter Anstieg der Frostschädigung.

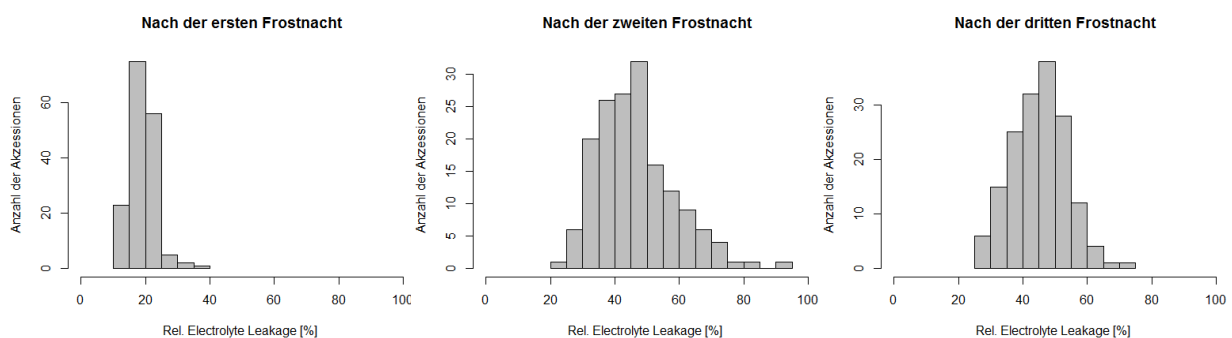


Abbildung 49: Häufigkeitsverteilungen der Messwerte des *Electrolyte Leakage*-Tests nach der ersten, zweiten und dritten Frostnacht.

Zwischen der visuellen Bonitur der Frostschäden und dem *Electrolyte-Leakage* (EL) konnten nur geringe Korrelationen beobachtet werden (Daten nicht gezeigt). Der höchste Korrelationskoeffizient wurde dabei mit 0,27** zwischen dem Turgordruck nach der zweiten Frostnacht und dem EL nach der ersten Frostnacht ermittelt. Betrachtet man hier aber jede Frostnacht getrennt voneinander, so ergab sich die einzige signifikante Korrelation mit 0,20* zwischen dem Turgordruck und dem EL nach der zweiten Frostnacht.

Die Assoziationsanalyse zeigte für die EL-Messung nach der ersten Frostnacht einen äußerst signifikant assoziierten Marker auf Chromosom 2 (siehe Abbildung 50). Der SNP-Marker mit dem niedrigsten p-Wert konnte dabei 14,4 % der phänotypischen Variation erklären. Dabei fällt auf, dass hier die SNPs mit den niedrigsten p-Werten alle geringe Minor-Allelfrequenzen von maximal 17,3 % besitzen und somit relativ seltene Allele darstellen.

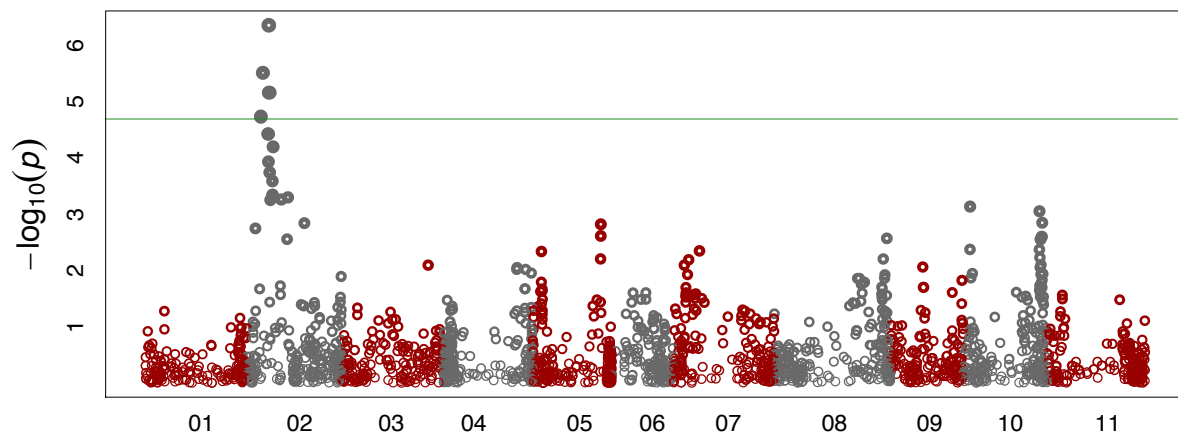


Abbildung 50: Manhattan Plot für die *Electrolyte Leakage*-Messung nach der ersten Frostnacht. Die grüne Linie zeigt die Signifikanzschwelle nach einfacher Bonferroni-Korrektur mit $p = 0,05$. Die Analyse beruht auf den Daten von 162 Bohnenakzessionen.

Für alle anderen EL-Messungen konnten dagegen keine signifikanten Assoziationen mit einem SNP-Marker identifiziert werden. Tabelle 34 zeigt, dass sich SNP-Marker, welche für die EL-Messung sowohl nach der zweiten als auch nach der dritten Frostnacht die niedrigsten p-Werte aufwiesen, vor allem auf Chromosom 8 befinden. Keiner der mit dem EL nach der ersten Frostnacht signifikant assoziierten Marker auf Chromosom 2 war außerdem mit dem EL nach der zweiten oder dritten Frostnacht assoziiert.

Tabelle 34: Beschreibung der fünf SNP-Marker mit den niedrigsten p-Werten für die Bestimmung der Frosttoleranz im Primärblattstadium mit der *Electrolyte Leakage*-Methode.

Boniturzeitpunkt	SNP-Code	Chromosom	SNP-Position	p-Wert	FDR-adjustierter p-Wert	R ²	MAF	Allel-Effekt
Nach der ersten Frostnacht	sc00049ln755052_542 264_C_A_56634239	2	11371525	4.4 x 10 ⁻⁷	0.001	0.144	0.117	C-A: -5.43
	sc01115ln104565_350 64_T_C_323691494	2	8345080	3.1 x 10 ⁻⁶	0.003	0.121	0.102	T-C: -4.07
	sc00544ln207944_457 25_A_G_240062594	2	11863174	7.0 x 10 ⁻⁶	0.004	0.112	0.123	G-A: 4.26
	sc00956ln123145_201 10_G_T_305575895	2	7303124	1.8 x 10 ⁻⁵	0.007	0.101	0.108	T-G: 4.00
	sc01506ln72303_5825 2_C_T_357996608	2	10911543	3.8 x 10 ⁻⁵	0.012	0.093	0.173	T-C: 2.77
Nach der zweiten Frostnacht	sc01788ln57885_1717 1_G_A_376199733	8	54311687	7.1 x 10 ⁻⁴	0.509	0.068	0.185	G-A: 8.83
	sc08349ln2378_1330_ G_T_466408976	10	3563241	7.1 x 10 ⁻⁴	0.509	0.068	0.228	T-G: -4.79
	sc00071ln681296_647 896_A_G_72570907	8	56911339	7.9 x 10 ⁻⁴	0.509	0.067	0.339	G-A: -5.13
	sc00390ln268480_349 04_A_G_203718438	10	3632352	9.8 x 10 ⁻⁴	0.509	0.064	0.170	G-A: -5.56
	sc01132ln102687_761 92_A_G_325493562	8	54824248	0.0016	0.509	0.059	0.188	G-A: -8.11
Nach der dritten Frostnacht	sc00071ln681296_466 314_A_C_72389325	8	56733589	2.4 x 10 ⁻⁴	0.173	0.086	0.380	C-A: -3.67
	sc00132ln520241_416 233_A_G_108996445	3	44265575	2.8 x 10 ⁻⁴	0.173	0.084	0.179	G-A: -8.70
	sc00196ln424242_128 198_C_T_139162430	7	5483860	2.8 x 10 ⁻⁴	0.173	0.084	0.179	T-C: -8.70
	sc00083ln654812_284 340_A_G_80252083	8	55219185	8.3 x 10 ⁻⁴	0.344	0.071	0.343	G-A: -3.50
	sc00083ln654812_603 920_G_A_80571663	8	55533456	0.0010	0.344	0.068	0.318	G-A: 3.91

R² = Phänotypische Varianz, die durch den Marker erklärt wird, MAF = *Minor Allele Frequency*

3.3.5 Phasingehalt

Im Folgenden werden vorläufige Ergebnisse der Assoziationsstudie zum Phasingehalt präsentiert, welche auf den Messungen von 152 Bohnenakzessionen beruhen. Diese ergaben dabei Werte zwischen 0 mg/g und 35,3 mg/g. Wie in Abbildung 51 zu sehen wurde für den Großteil der Akzessionen ein Phasingehalt zwischen 0 und 10 mg/g ermittelt. Nur wenige Akzessionen erreichten deutlich höhere Werte. Der mittlere Phasingehalt dieser Auswahl lag dementsprechend bei nur 6,5 mg/g. Da Akzessionen mit einem hohen Phasingehalt deutlich unterrepräsentiert waren, wurden alle weiteren Analysen zusätzlich mit einem Set der Akzessionen, welche einen Phasingehalt von höchstens 10 mg/g besaßen, durchgeführt. In diesem Fall verringerte sich die Anzahl der Akzessionen auf 131 und der mittlere Phasingehalt sank auf 3,8 mg/g. Wie Abbildung 51 zeigt ergab sich dadurch aber eine gleichmäßigere Verteilung der Messwerte, wobei aber immer noch die Mehrzahl der Akzessionen sehr geringe Werte zwischen 0 und 1 mg/g besaßen.

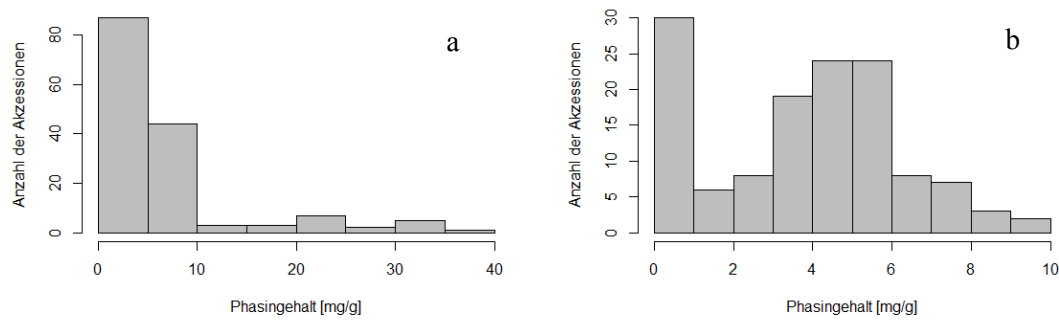


Abbildung 51: Häufigkeitsverteilungen der Phasingehalte aller 152 Akzessionen (a) sowie der Auswahl der Akzessionen mit einem Phasingehalt von ≤ 10 mg/g (b).

Die Assoziationsanalyse ergab sowohl bei Berücksichtigung aller 152 Akzessionen als auch bei Berücksichtigung ausschließlich der Akzessionen, welche höchstens 10 mg/g Phasin enthielten, signifikante Assoziationen zu SNP-Markern. Beschreibungen dieser Marker werden in Tabelle 35 aufgeführt. Wie Abbildung 52 zeigt waren signifikante Marker bei Berücksichtigung aller Akzessionen auf den Chromosomen 3 und 4 lokalisiert, welche jeweils 12,3 % bzw. 9,9 % und 7,7 % der phänotypischen Variation erklären konnten. Der SNP auf Chromosom 3 besaß nur eine geringe Minor-Allelfrequenz von 9,5 %; es ergab sich hier aber ein großer allelischer Effekt von 8,38 mg/g Phasin, wobei das Allel G einen niedrigeren Phasingehalt kennzeichnete. Der SNP in Position 44332790 auf Chromosom 4 erwies sich mit einer Minor-Allelfrequenz von nur 7,2 % ebenfalls als sehr seltenes Allel. Auf Position 44509765 konnte dagegen ein signifikanter SNP mit einer höheren Minor-Allelfrequenz ermittelt werden, bei dem der allelische Effekt mit -5,38 mg/g ausgegeben wurde und das Allel T einen geringeren Phasingehalt signalisierte.

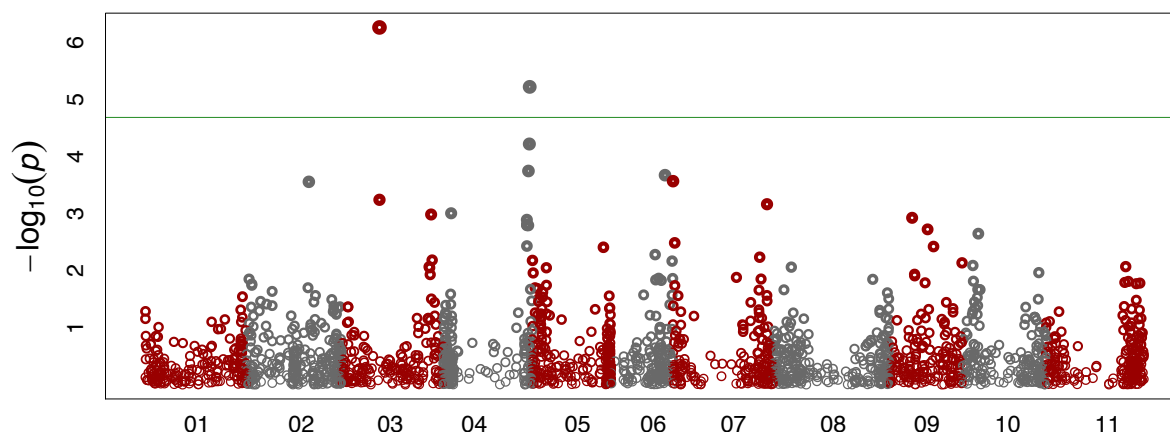


Abbildung 52: Manhattan Plot für den Phasingehalt. Die grüne Linie zeigt die Signifikanzschwelle nach einfacher Bonferroni-Korrektur mit $p = 0,05$. Die Analyse beruht auf den Daten von 152 Bohnenakzessionen.

Wurde das Bohnenset auf Akzessionen eingeschränkt, welche maximal 10 mg/g Phasin enthielten, so verschwand die vorher signifikante Assoziation des Markers auf Chromosom 3 (siehe Abbildung 53). Die Assoziation zweier benachbarter Marker auf Chromosom 4 bestand jedoch weiterhin, wobei sich die Positionen der signifikanten Marker um etwa 560 kbp unterschieden. Diese Marker spiegeln 13,2 % bzw. 12,3 % der phänotypischen Variation wider und wiesen hohe Minor-Allelfrequenzen von 37,2 % bzw. 42,0 % auf. Der allelische Effekt reduzierte sich zudem auf 1,31 bzw. 1,26 mg/g, wobei die Allele G bzw. C den geringeren Gehalt an Phasin zeigten.

Tabelle 35: Beschreibung der nach FDR-Adjustierung signifikant mit dem Phasingehalt assoziierten SNP-Marker.

Merkmal	SNP-Code	Chromosom	SNP-Position	p-Wert	FDR-adjustierter p-Wert	R ²	MAF	Allel. Effekt
Phasingehalt (152 Akzessionen)	sc00018ln1167623_980 021_T_G_29100515	3	19501613	5.5×10^{-7}	0.001	0.123	0.095	T-G: 8.38
	sc00018ln1167623_268 834_G_T_28389328	4	44509765	6.0×10^{-6}	0.007	0.099	0.277	T-G: -5.38
	sc00018ln1167623_447 914_G_A_28568408	4	44332790	6.0×10^{-5}	0.049	0.077	0.072	G-A: -5.58
Phasingehalt (131 Akzessionen)	sc00018ln1167623_108 3196_T_G_29203690	4	43773503	7.4×10^{-6}	0.015	0.132	0.372	T-G: 1.31
	sc00779ln149779_3281 1_C_T_281468855	4	43649790	1.4×10^{-5}	0.015	0.123	0.420	T-C: 1.28

R² = Phänotypische Varianz, die durch den Marker erklärt wird, MAF = *Minor Allele Frequency*

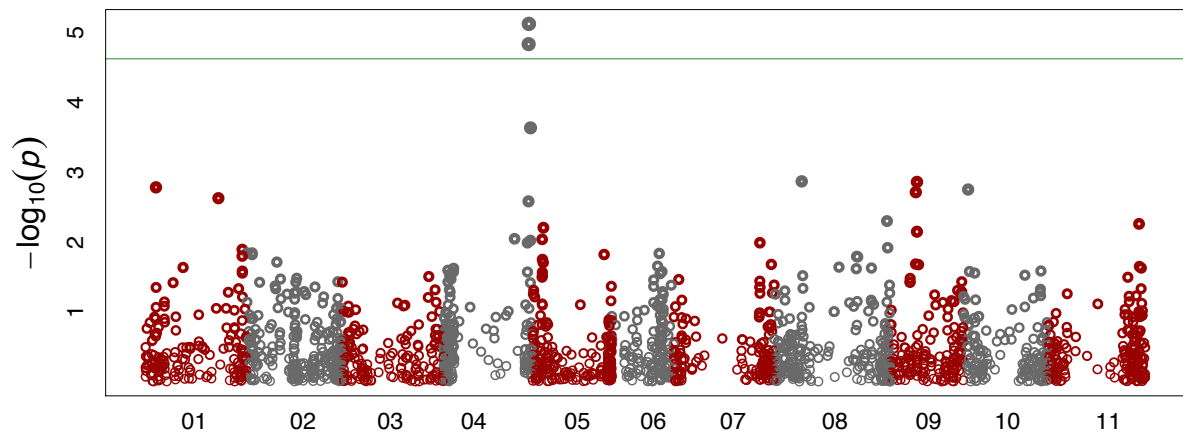


Abbildung 53: Manhattan Plot für den Phasingehalt. Die grüne Linie zeigt die Signifikanzschwelle nach einfacher Bonferroni-Korrektur mit $p = 0,05$. Die Analyse beruht auf den Daten von 131 Bohnenakzessionen, welche einen maximalen Phasingehalt von 10 mg/g besitzen.

3.4 Diskussion

Die Genomweite Assoziationsstudie (GWAS) ist ein Verfahren, welches ursprünglich vor allem zur Untersuchung von Erbkrankheiten beim Menschen eingesetzt wurde und dadurch in groß angelegten Studien zur Identifikation vieler wichtiger Loci führte (Hindorff *et al.* 2009). Konnte hier jeder signifikante Marker jedoch nur einen kleinen Teil der phänotypischen Variation erklären, wurde bei Studien in Pflanzen dagegen eine weitaus höhere Variation durch einzelne Marker repräsentiert – beim Blühzeitpunkt in *Arabidopsis thaliana* beispielsweise bis zu 45 % (Li *et al.* 2010). In vielen Studien mit verschiedensten Pflanzenarten wurde daher die GWAS genutzt, um molekulare Marker zu identifizieren, die mit wichtigen Merkmalen assoziiert sind (Brachi *et al.* 2011). Der Vorteil liegt dabei in einer vollen Ausnutzung von historischen Rekombinationsereignissen, welche sich in der natürlich auftretenden Variation von komplexen Merkmalen widerspiegelt. Ein Set an diversen Genotypen kann zudem eine permanente Ressource darstellen, an der nach einmaliger Genotypisierung viele verschiedene Merkmale untersucht werden können. Dadurch ist diese weitaus flexibler einsetzbar, als eine Kreuzungsnachkommenschaft aus zwei Eltern (Huang und Han 2014).

Um die Erfolgsaussichten für eine Identifikation von tatsächlich vorhandenen Assoziationen zwischen dem interessierenden Merkmal und einem oder mehreren molekularen Markern zu erhöhen, sind jedoch einige Dinge vorauszusetzen und zu beachten: Zunächst müssen genotypische Informationen, welche möglichst gleichmäßig und hochauflösend über das Genom verteilt sind, für eine ausreichend große Anzahl an Genotypen vorhanden sein. In dieser Arbeit wurde der BARCBean6K_3 Bead Chip (Song *et al.* 2015) genutzt, welcher insgesamt 5398 SNP umfasst. Verglichen mit den Möglichkeiten in anderen Kulturpflanzenarten, für die genomweite Genotypisierungsplattformen existieren, welche ein Vielfaches der SNP-Markernumfänge aufweisen (z. B. 60.000 SNPs in *Brassica* – Clarke *et al.* 2016, 180.000 SNPs in Sojabohnen – Lee *et al.* 2015, 600.000 SNPs in Mais – Unterseer *et al.* 2014, oder sogar 820.000 SNPs in Weizen – Winfield *et al.* 2016), ist die Anzahl der potenziell nutzbaren SNPs bei der Gartenbohne sicherlich relativ gering. Dabei muss aber berücksichtigt werden, dass das haploide Genom von *Phaseolus vulgaris* L. nur etwa 520 Mbp umfasst (Schmutz *et al.* 2014) und dadurch deutlich kleiner ist, als bei Mais, Weizen, Raps und Soja. In mehreren Arbeiten konnte die erfolgreiche Nutzung des BARCBean6K_3 Bead Chip bereits unter Beweis gestellt werden (Hagerty *et al.* 2016; Kamfwa *et al.* 2015; Moghaddam *et al.* 2016; Zuiderveen *et al.* 2016). Dafür wurden hier Bohnensets eingesetzt, welche aus 230 (Zuiderveen *et al.* 2016), 237 (Kamfwa *et al.* 2015) oder 280 verschiedenen Genotypen (Moghaddam *et al.* 2016) bestanden. In der vorliegenden Arbeit beinhaltete das gesamte genotypisierte Bohnenset 276 verschiedene Akzessionen, was somit eine ausreichend hohe Anzahl an Genotypen darstellen sollte. Alle Merkmale wurden aber aufgrund mangelnder Saatgutverfügbarkeit bzw. noch nicht verfügbarer Ergebnisse nur an Subsets analysiert, welche jeweils aus einer deutlich reduzierten Anzahl an Akzessionen bestanden. Die Ergebnisse der GWAS für die einzelnen untersuch-

ten Merkmale, welche im Folgenden noch ausführlich diskutiert werden legten nahe, dass hier sicherlich jeweils eine kritische Anzahl an Genotypen erreicht wurde. Die Ergebnisse für die Fädigkeit der Hülsen sowie den Wuchstyp der Bohnen zeigten zwar, dass es prinzipiell möglich ist, signifikante Assoziationen auch in diesen kleineren Subsets zu identifizieren; jedoch war hier eine genaue und verlässliche Phänotypisierung die essenzielle Voraussetzung. Gestaltete sich die Erfassung der Merkmale als sehr schwierig bzw. wurden stark quantitative Merkmale untersucht, wie beispielsweise für die Frosttoleranz im Primärblattstadium, so waren signifikante Assoziationen nicht vorhanden.

Grundlage für die Berechnung der Wahrscheinlichkeiten von Marker-Merkmal-Assoziationen stellte ein biometrisches Modell dar, welches neben den Effekten der einzelnen Marker auch die zufälligen Effekte der Verwandtschaftsverhältnisse und die fixen Effekte einer Populationsstruktur einbezog. Für Letzteres wurde mithilfe der Software STRUCTURE die Anzahl von Subpopulationen innerhalb des Bohnensets bestimmt. Die Zugehörigkeiten der einzelnen Genotypen zu diesen Subpopulationen wurden dann über eine Q-Matrix im GAPIT R-Paket berücksichtigt. Es zeigte sich dabei, dass sich die hier untersuchten Bohnenakzessionen in zwei Gruppen einteilen ließen, insbesondere wenn man nur die Stangenbohnen betrachtete. Möglich ist, dass sich die Akzessionen entsprechend der zwei großen Genzentren von *P. vulgaris* (Mesoamerika und die Andenregion – Kwak und Gepts 2009; Schmutz *et al.* 2014) aufteilten. In mehreren Untersuchungen wurde dies auch in Populationen italienischer Landsorten beobachtet (Lioi *et al.* 2005; Piergiovanni *et al.* 2006; Marotti *et al.* 2007). Land- und Zuchtsorten verteilten sich dagegen gleichmäßig entlang beider Hauptkomponenten. Dies ist ein Hinweis darauf, dass im Allgemeinen Zuchtsorten von *P. vulgaris* im Vergleich zu Landsorten wenig züchterisch bearbeitet wurden. Vielmehr scheint es, dass die vorhandene genetische Diversität ausreichend ist, um für den Gartenbau leistungsfähige Sorten zu finden und Landsorten hier bereits eine hohe Produktivität zeigen. Synonym dafür steht die im ersten Teil dieser Arbeit verfolgte Nutzung bereits vorhandener Diversität, um geeignete Sorten für den Mischanbau mit Mais zu selektieren ohne spezielle Kreuzungsarbeit leisten zu müssen.

Anhand der Herkünfte der verwendeten Akzessionen, so wie sie für einen Großteil der Akzessionen in der Datenbank der Genbank Gatersleben vermerkt sind, konnten aber Unterschiede in der genetischen Vielfalt innerhalb der einzelnen Länder bzw. Regionen beobachtet werden. Besonders auffällig war, dass sich alle Akzessionen aus Deutschland genetisch sehr ähnelten. Dies zeigt, dass für einen Anbau in Deutschland spezifische Anforderungen an eine Bohnensorte gestellt werden. Hierzu zählt vor allem die Fähigkeit, auch unter den gegebenen klimatischen Bedingungen die Erntereife zu erlangen. Dafür wird in den Land- und Zuchtsorten scheinbar auf eine enge genetische Basis zurückgegriffen. Zudem beschäftigen sich in Deutschland vergleichsweise wenige Zuchtfirmen mit *P. vulgaris*. Dadurch ist es möglich, dass die hier untersuchten deutschen Zuchtsorten aus nur sehr wenigen Zuchtprogrammen stammen bzw. von nur wenigen Landsorten abstammen. Dagegen war besonders innerhalb der italienischen Akzessionen eine hohe Vielfalt zu finden. Die klimatischen Bedingungen in

Italien erlauben es, dass sowohl sehr frühe als auch sehr späte Sorten, welche für einen Anbau in Deutschland nicht in Frage kämen, angebaut werden können. Zudem hat der Bohnenanbau dort eine lange Tradition, wodurch eine deutlich größere genetische Diversität erhalten bleibt.

3.4.1 Agronomische Merkmale

Zur Überprüfung der allgemeinen Plausibilität der Ergebnisse der GWAS wurden zunächst der Wuchstyp und die Fädigkeit der Bohnen analysiert. Die Fädigkeit der Hülsen ist bereits seit vielen Jahrzehnten Gegenstand von genetischen Untersuchungen (Prakken 1934; Drijfhout 1970, 1978; Koinange *et al.* 1996; Hagerty *et al.* 2016), in denen unterschiedliche Modelle der qualitativen Vererbung vorgeschlagen wurden. Dies liegt darin begründet, dass dieses Merkmal nicht von klarer qualitativer Struktur ist, sondern durch mindestens zwei verschiedene Loci bestimmt wird. Einer dieser Loci ist zudem temperatursensitiv (Drijfhout 1970, 1978), wodurch zu erwarten war, dass dieses Merkmal nicht homogen über alle Umwelten ausgebildet wird. In Koinange *et al.* (1996) wurde dieses Merkmal aber dennoch qualitativ bewertet und ein Haupt-QTL (*St*) auf Chromosom 2 bestimmt. Die Hülsen der 2017 angebauten Stangenbohnenakzessionen wurden quantitativ als „ohne Faden“, „mit Faden“ oder „nicht konstante Fadenbildung“ bewertet. Dadurch konnte in der GWAS übereinstimmend mit Koinange *et al.* (1996) sowie Hagerty *et al.* (2016) eine signifikante Assoziation auf Chromosom 2 identifiziert werden. Dieser SNP-Marker auf Position 43875974 befindet sich laut *JBrowse* in unmittelbarer Nachbarschaft eines Gens zur Zellulosesynthese (*Phvul.002G268200*) auf Position 43898081 bis 43904998. Über die Position des temperaturabhängigen Locus ist dagegen bisher nichts bekannt, wodurch nicht geklärt werden kann, ob der ebenfalls signifikant assoziierte SNP-Marker auf Position 3648568 des Chromosoms 7 tatsächlich diesen abbildet. Die Überprüfung möglicher Kandidatengene ergab hier jedoch, dass sich hier in geringer Entfernung an den Positionen 3653475 bis 3657140 und 3659892 bis 3664177 zwei Gene befinden, welche im Zusammenhang mit der Bildung von Endo-1,4-Beta-Xylanasen stehen (*Phvul.007G045400* und *Phvul.007G045500*) und damit über die Hydrolyse von glycosidischen Bindungen Einfluss auf den Aufbau komplexer Kohlenhydratstrukturen nehmen. Laut Simpson *et al.* (2003) tragen sie dadurch unter anderem zum Abbau und zur Umstrukturierung der Zellwand bei und geben damit einen Hinweis auf eine potenzielle Rolle in der Fadenbildung der Hülsen.

Eine Reihe von signifikant assoziierten SNP-Markern konnte ebenfalls für den Wuchstyp der Bohnen ermittelt werden. Diese sind auf den Chromosomen 1, 3, 6, 7 und 9 lokalisiert. Allgemein ist bekannt, dass der Wuchstyp vor allem von dem *Fin*-Locus bestimmt wird, welcher sich auf Chromosom 1 befindet und mit dem Kandidatengen *Phvul.001G189200* (*PvTFL1y*) co-segregiert (González *et al.* 2016). *Fin* codiert dabei dominant für einen indeterminierten Wuchs, wie es bei den Stangenbohnen zu

beobachten ist. Der SNP-Marker, welcher in unserer Studie den niedrigsten p-Wert besaß, befindet sich in einer Entfernung von etwa 990 kbp zu diesem Kandidatengen. Außerdem ist bekannt, dass eine Reihe weiterer QTLs die Wuchsform beeinflussen, wodurch auch die allgemeine Einteilung der Gartenbohnen in vier Wuchstypen (van Schoonhoven und Pastor-Corrales 1987) zu erklären ist. Einige dieser konnten in früheren Arbeiten auf Chromosom 7 (Kolkman und Kelly 2003; Kwak *et al.* 2008) und 9 (Tar'an *et al.* 2002) kartiert werden, was wiederum mit unseren Ergebnissen übereinstimmt.

Für den Beginn der Blüte konnten signifikant assoziierte SNPs auf den Chromosomen 4 und 8 identifiziert werden. Diese stehen aber nicht im Einklang mit anderen Untersuchungen, in denen wichtige QTLs auf Chromosom 1 bzw. anderen Positionen von Chromosom 4 und 8 gefunden wurden (Mukeshimana *et al.* 2014; Kamfwa *et al.* 2015). Grund hierfür könnten zum einen QTLs sein, welche nicht einheitlich in allen Umwelten eine Rolle spielen, da sie beispielsweise die photoperiodische Sensitivität kontrollieren. Außerdem wurden genetische Untersuchungen an *P. vulgaris* zu meist mit Akzessionen des Wuchstyps Buschbohne durchgeführt. Da sich diese in ihrer Pflanzenarchitektur grundsätzlich von Stangenbohnen unterscheiden, ist es denkbar, dass auch zur Kontrolle des Blühzeitpunktes andere QTLs eine größere Rolle spielen. In unserer Studie zeigte sich aber, dass ein auf Chromosom 4 lokalisierter Marker nicht nur mit dem Beginn der Blüte assoziiert war, sondern ebenfalls einen deutlichen, wenn auch nicht signifikanten Einfluss auf die späte Biomasse besaß. Damit wird die grundsätzliche Beobachtung gestützt, dass spätreife Bohnenakzessionen ein höheres Ertragspotenzial besitzen und dadurch besser für den Anbau mit Mais geeignet sind. In einem frühen Selektionsschritt mit neuem genetischem Material könnte dadurch dieser Marker auf Chromosomen 4 zusammen mit dem ebenfalls signifikant mit dem Blühbeginn assoziierten Marker auf Chromosom 8 sehr hilfreich sein, ohne einen Anbau gegen eine frühe Blüte der Bohnenakzessionen zu selektieren.

Da in unserer Studie Ergebnisse aus anderen genetischen Untersuchungen zu agronomischen Merkmalen bestätigt werden konnten ist anzunehmen, dass die von uns verwendete Anzahl an Akzessionen prinzipiell ausreichend war, um signifikante Assoziationen identifizieren zu können. Zudem zeigte sich, dass das zugrunde gelegte Modell zur Berechnung der Assoziationen geeignet war, um die Populationsstruktur innerhalb des verwendeten Bohnensets korrekt zu berücksichtigen.

3.4.2 Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen

Beide verwendeten Merkmale zur Beurteilung der Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen besaßen eine große Variation, jedoch waren deren Ausprägungen weit von einer Normalverteilung entfernt. Stattdessen zeigte die Keimfähigkeit nach 17 Tagen eine Konzentration der Werte in beiden Extremen (0 bzw. 100) und die Entwicklung der Keimfähigkeit an dem Minimalwert (0). Dies kann als problematisch für die Durchführung der GWAS erachtet werden, da diese im Grunde auf einer

Varianzanalyse und damit auf der Annahme einer Normalverteilung der Residuen basiert. In beiden Merkmalen, insbesondere aber bei der Keimfähigkeit nach 17 Tagen, waren die Residuen jedoch nicht normalverteilt. Zwar besteht prinzipiell die Möglichkeit, Datensätze zu normalisieren und dadurch die Leistungsfähigkeit der GWAS zu erhöhen (Goh und Yap 2009). Jedoch war dies in den hier vorhandenen Daten nicht möglich, da sich für viele Akzessionen eine Keimfähigkeit von Null ergab und durch eine Normalisierung der Verlust an Informationen sehr hoch gewesen wäre. Goh und Yap (2009) stellten jedoch zugleich fest, dass generell nicht geklärt sei, wie stark nicht-normalverteilte Residuen die Ergebnisse einer GWAS beeinflussen bzw. wie viel „Normalität“ der Werte vorausgesetzt werden sollte. Daher wurde die GWAS trotzdem mit den tatsächlich ermittelten Keimfähigkeiten der Akzessionen durchgeführt, welche aber wiederum für beide Merkmale zu keiner nach FDR-Adjustierung signifikanten Marker-Assoziation führte.

Deutliche Peaks in den Manhattan-Plots gaben dennoch Hinweise auf Marker, welche mit der Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen assoziiert sein könnten. Es zeigte sich zudem, dass vier der fünf SNP-Marker mit den niedrigsten p-Werten für beide untersuchten Merkmale identisch waren. Aufgrund einer sehr starken Korrelation zwischen beiden Merkmalen war dies jedoch auch zu erwarten. Bei Überprüfung dieser SNP-Positionen auf mögliche Kandidatengene konnten in einer Entfernung von 2,6 kbp bzw. 56 kbp zu den Markern auf Chromosom 2 bzw. 7 jeweils Gene ermittelt werden, welche durch Auxin reguliert werden. Auxin ist ein Phytohormon, welches in unterschiedlichsten Wachstums- und Entwicklungsvorgängen von Pflanzen, unter anderem auch bei der Keimung (Liu *et al.* 2007; Bentsink und Koornneef 2008), eine Rolle spielt, meistens indem es die Expression von Genen bewirkt (Guilfoyle und Hagen 2007). Das auf Chromosom 2 lokalisierte Gen *Phvul.002G276800* codiert dabei für ein Protein aus der SAUR-Familie (*small auxin up RNAs*), die laut Ren und Gray (2015) eine Expansion der Zellen fördert und entscheidend die Wirkung von hormonellen und umweltbedingten Einflüssen auf Pflanzenwachstum und -entwicklung umsetzt. Das auf Chromosom 7 befindliche Kandidatengen *Phvul.007G032200* codiert dagegen für Aux/IAA (*Auxin/indoleacetic acid*), eine weitere Gruppe von Auxin-regulierten Genen. Mehrfach wurde deren Rolle in der Reaktion auf abiotische Stressfaktoren beleuchtet (Jain und Khurana 2009; Wang *et al.* 2010; Kumar *et al.* 2012; Çakir *et al.* 2012), wobei Singh und Jain (2015) explizit zeigen konnten, dass Aux/IAA-Gene in Sojabohne und Kichererbse auch unter Kältestress induziert werden.

Allgemein wird die Keimfähigkeit bei niedrigen Temperaturen als ein äußerst komplexes Merkmal angesehen, welches durch viele Gene kontrolliert wird. Rabbani *et al.* (2003) konnten in Reis beispielsweise 36 Gene identifizieren, welche bei der Keimung unter kühlen Temperaturen exprimiert werden. Die von uns beobachtete deutliche bimodale Verteilung der Werte für die Keimfähigkeit nach 17 Tagen unter suboptimalen Bedingungen würde zunächst jedoch den starken Einfluss eines einzelnen Gens vermuten lassen. Dabei muss aber berücksichtigt werden, dass vollständig gekeimte Akzessionen dies in einer unterschiedlichen Geschwindigkeit erreicht haben, wodurch ein Einfluss mehrerer

Gene verdeutlicht wird. In unserer Studie konnte aber keiner der SNP-Marker das Signifikanzniveau erreichen. Berücksichtigte man außerdem nur die Akzessionen, welche eine Keimfähigkeit von 0–20 % oder 80–100 % besaßen, ergab sich ebenfalls keine signifikante Assoziation mit einem Marker. Um mehr über die genetische Struktur dieses Merkmales bei *P. vulgaris* zu erfahren, wäre es daher interessant eine Kreuzungspopulation aus einem sehr gut und einem nicht unter suboptimalen Temperaturen keimenden Elter zu untersuchen. Da keine QTLs in *P. vulgaris* bekannt sind, welche die Keimung unter Kältestress beeinflussen, kann hier nur spekuliert werden, dass die Marker mit den niedrigsten p-Werten Hinweise auf vorhandene QTLs geben. Die Funktion zwei dieser möglichen Gene scheint jedoch plausibel zu sein, um mögliche Unterschiede in der Fähigkeit zur Keimung unter suboptimalen Temperaturen zu erklären. Um gesicherte Aussagen treffen zu können, sind jedoch ausführlichere Untersuchungen nötig. Hierfür könnten beispielsweise die bisher nicht phänotypisierten, aber dafür genotypisierten Akzessionen dienen. Da die Keimfähigkeit nach 17 Tagen hoch signifikant mit den Werten der übrigen Boniturtermine und der Entwicklung der Keimfähigkeit korreliert war, kann eine Beurteilung der Keimfähigkeit außerdem deutlich effizienter gestaltet werden, indem man nur diesen Boniturtermin durchführt. Dadurch könnte durch eine Staffelung der Versuchsdurchgänge eine deutlich größere Anzahl an Genotypen oder Wiederholungen in einem kürzeren Zeitraum untersucht werden.

3.4.3 Toleranz gegenüber leichten Frostnächten im Primärblattstadium

Für die Erfassung der Toleranz der Bohnenakzessionen gegenüber leichten Frostnächten im Primärblattstadium wurden zwei verschiedene Methoden verwendet. Zum einen wurden die im Gewächshaus angezogenen Bohnenpflanzen drei aufeinanderfolgenden Nächten mit $-2\text{ }^{\circ}\text{C}$ ausgesetzt und Merkmale des äußeren Erscheinungsbildes bonitiert. Zum anderen wurden aus den Primärblättern der Bohnenpflanzen Blattscheiben ausgestanzt, welche dann dem gleichen Temperaturregime ausgesetzt wurden. Die Frosttoleranz wurde im Anschluss mithilfe der Messung der Leitfähigkeit der in destilliertes Wasser austretenden Zellflüssigkeit ermittelt. Beide Methoden wurden bereits erfolgreich in anderen Pflanzenarten angewandt, um Frostschäden zu quantifizieren (Prášil und Zámečník 1998; Balasubramanian *et al.* 2004; Arbaoui *et al.* 2008). Im Unterschied zu der von uns gewählten Minimaltemperatur von $-2\text{ }^{\circ}\text{C}$, wurden in Raps, Weizen oder Ackerbohne jedoch deutlich niedrigere Temperaturen verwendet. Bei Tomaten wurde die *Electrolyte Leakage*-Methode dagegen auch bei höheren Temperaturen von $+1\text{ }^{\circ}\text{C}$ erfolgreich eingesetzt (Ronga *et al.* 2018). Da *P. vulgaris* eine Pflanzenart darstellt, welche bereits empfindlich gegenüber Temperaturen knapp über dem Gefrierpunkt reagiert (Assefa *et al.* 2014), konnte schon bei nur leichten Frosttemperaturen die größte Variation der Frostschädigungen unter den Bohnenakzessionen beobachtet werden. Dadurch fielen jedoch die nicht gänzlich homogenen Temperaturen innerhalb der verwendeten Klimakammer stark ins Gewicht. Abweichungen von

± 1 °C, welche ohne weiteres auftreten konnten, stellten hier schon einen relativ großen Temperaturunterschied dar. Als problematisch erwiesen sich zudem die zwischen den Wiederholungen unterschiedlichen Temperatur- und Lichtbedingungen während der Anzucht der Bohnenpflanzen im Gewächshaus. Diese wurden deutlich durch die außerhalb des Gewächshauses herrschenden Bedingungen beeinflusst und führten dazu, dass teilweise viele Bohnenakzessionen nicht bzw. nicht schnell genug keimten, um daran Frostschäden bonitieren zu können. Um trotz der so entstandenen vielen Fehlwerte eine statistische Auswertung durchführen zu können, mussten einige Akzessionen unberücksichtigt bleiben. Der beobachtete sehr hohe Versuchsfehler bedingte zudem, dass bei Berücksichtigung einer steigenden Anzahl an Wiederholungen die Heritabilität nicht anstieg, sondern stets auf einem mittleren bis niedrigen Niveau blieb. Der höchste Wert konnte dabei für die Bonitur des Turgordrucks nach zwei Frostnächten mit 67,02 % bei nur zwei berücksichtigten Wiederholungen erzielt werden. Arbaoui *et al.* (2008), die dieselbe Klimakammer für die Untersuchung der Frosttoleranz von Ackerbohnen nutzten, konnten eine deutlich höhere Heritabilität von 88,8 % ermitteln und konstatierten daher, dass solche Klimakammerversuche eine effiziente Selektionsmethode darstellen. Für die Selektion von *P. vulgaris* kann dies jedoch bisher nicht behauptet werden. Vielmehr wurde klar, dass eine Aufzucht der Bohnen unter kontrollierten Bedingungen notwendig ist, wodurch es wahrscheinlicher wird, dass die Heritabilität mit einer größeren Anzahl an Wiederholungen gesteigert werden kann.

Die Toleranz gegenüber Frosttemperaturen kann ebenfalls als stark quantitatives Merkmal angesehen werden (Visioni *et al.* 2013; Wang *et al.* 2014), bei denen einzelne QTLs jeweils nur einen geringen Teil der Variation erklären können. Um signifikant assoziierte Marker für solche Merkmale zu identifizieren, sind daher phänotypische Daten einer relativ großen Anzahl von Akzessionen nötig. Die Anzahl der von uns genutzten Akzessionen reichte jedoch nicht aus, um für die bonitierten Merkmale der Frosttoleranz signifikant assoziierte Marker zu ermitteln. Aufgrund der Größe der verwendeten Klimakammer war es nicht möglich, eine größere Anzahl von Akzessionen zu testen. Mit der Messung der Leitfähigkeit nach Frosttemperaturen konnten ebenfalls keine höheren Heritabilitäten erreicht werden und die Werte korrelierten kaum mit den Werten aus der visuellen Bonitur. Für die Leitfähigkeitsmessung nach der ersten Frostnacht konnte zwar ein signifikanter SNP ermittelt werden, jedoch erwies sich keines der in der Nähe befindlichen Gene als potenzielles Kandidatengen. Es bleibt daher offen, ob die Leitfähigkeitsmessungen bei Stangenbohnen ebenso wie in anderen Kulturpflanzen die Frosttoleranz widerspiegeln können.

3.4.4 Phasingehalt

Brugger *et al.* (2016) analysierten in Vorarbeit zu den in dieser Arbeit beschriebenen Untersuchungen bereits 20 verschiedene Sorten von *P. vulgaris* und konnten dabei eine große Variation im Phasingehalt zwischen 0,15 mg/g und 67,4 mg/g feststellen. Lediglich acht Sorten lagen dabei in einem niedrigen Bereich zwischen 0,15 und 10 mg/g. Alle übrigen Sorten enthielten mehr als 23 mg/g. Daher überraschte es, dass der weitaus größere Teil der von uns analysierten Bohnenakzessionen (86 %) einen sehr geringen Gehalt zwischen 0 und 10 mg/g aufwies. Mit einem Maximalwert von 35,3 mg/g schießen zudem Akzessionen mit einem extrem hohen Gehalt an Phasin nicht repräsentiert gewesen zu sein. Evolutionär gesehen sollten hohe Gehalte aber häufiger vorkommen, da Osborn und Bliss (1985) in einer der wenigen genetischen Studien zum Phasingehalt zeigen konnten, dass ein rezessives Gen hier niedrige Gehalte bewirkte. Außerdem erfolgte auch keine Züchtung bzw. Selektion gegen einen hohen Phasingehalt in Bohnen, da dieser antinutritive Inhaltsstoff in der menschlichen Ernährung keine Rolle spielt. Das verwendete Analyseverfahren besaß außerdem bei den Akzessionen, an denen eine zweimalige Messung des Phasingehaltes stattfand nur eine geringe Standardabweichung von durchschnittlich 4,3 %, wodurch die Messergebnisse als vertrauenswürdig gelten können. Daher muss davon ausgegangen werden, dass hier zufällig Bohnenakzessionen ausgewählt wurden, welche sehr niedrige Gehalte aufweisen.

Die Assoziationsanalyse ergab dennoch insgesamt drei signifikante Assoziationen von Markern auf den Chromosomen 3 und 4. Der SNP-Marker mit dem größten allelischen Effekt auf Chromosom 3 befindet sich dabei nahe des Centromers (Schmutz *et al.* 2014), wobei in *JBrowse* im Umkreis dieser Markerposition von etwa 660 kpb keinerlei Gentranskripte dokumentiert sind. Denkbar ist aber, dass dieser Marker mit einem regulatorischen Element assoziiert sein kann. Für die Region um die Positionen der zwei signifikanten SNP-Marker auf Chromosom 4 werden dagegen zahlreiche Transkripte aufgeführt. Deren Funktionen erscheinen jedoch nicht plausibel, um einen Einfluss auf den Phasingehalt der Bohnen auszuüben.

Da offensichtliche Abweichungen der phänotypischen Daten von einer Normalverteilung als nicht optimal für die Durchführung von Assoziationsstudien angesehen werden können (Goh und Yap 2009), wurde die Assoziationsanalyse zusätzlich mit einer Auswahl von Akzessionen durchgeführt, welche einen Phasingehalt zwischen 0 und 10 mg/g besaßen. Dadurch wurde zwar nur eine sehr geringe Variation abgedeckt – es ergab sich aber eine gleichmäßigere Häufigkeitsverteilung der Werte. Ein sehr großer Teil der Akzessionen war dabei aber immer noch im niedrigsten Bereich von 0 bis 1 mg/g angesiedelt. Überraschenderweise erwiesen sich hier zwei andere SNP-Marker, welche in direkter Nachbarschaft zueinander liegen, als signifikant assoziiert, als bei Berücksichtigung aller vorhandenen Messwerte. In einem Bereich von 60 bzw. 16 kbp um den SNP-Marker auf Position 43773503 befin-

det sich dabei eine Reihe von Genen (siehe Abbildung 54), welche für zwei Arten von Proteinen codieren:

Insgesamt fünf Genen (*Phvul.004G137900*, *Phvul.004G138100*, *Phvul.004G138200*, *Phvul.004G138400* und *Phvul.004G138450*) konnte eine Funktion in der Transkription für UDP-Glycosyltransferasen zugeordnet werden. Diese Enzyme besitzen ein breites Wirkungsfeld in der post-translationalen Modifikation bei der Proteinbiosynthese und spielen dadurch eine Rolle bei der Bildung einer Vielzahl von sekundären Metaboliten in Pflanzen (Vogt und Jones 2000).

Vier weitere Gene (*Phvul.004G137600*, *Phvul.004G138000*, *Phvul.004G138300* und *Phvul.004G138500*) codieren jeweils für Trypsin- und Protease-Inhibitoren. Der Gehalt an Trypsin-Inhibitoren (TI) stellt neben dem Phasingehalt den zweiten wichtigen Faktor dar, welcher die Verdaulichkeit und damit die Eignung der Bohnen als Futtermittel beeinflusst (Fernández *et al.* 1982).

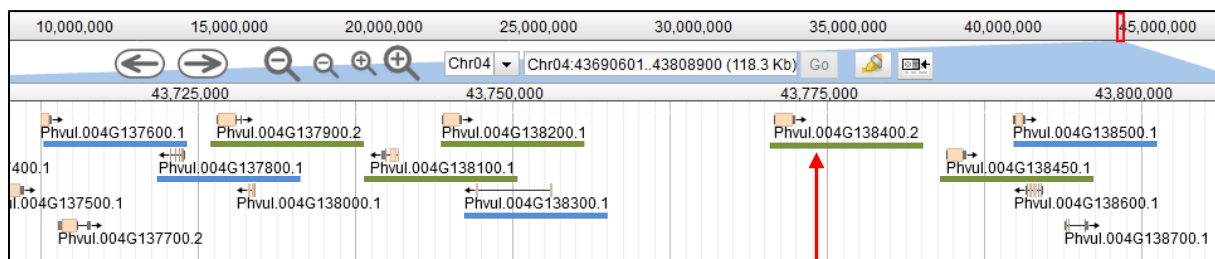


Abbildung 54: Positionen der Kandidatengene zum Phasingehalt um den SNP-Marker auf Position 43773503 (roter Pfeil). Grün unterstrichen sind die Namen von Genen, welche für UDP-Glycosyltransferase 88A1 codieren, blau unterstrichen sind die Namen der Gene, welche für Proteine aus der Familie der Trypsin- und Protease-Inhibitoren codieren.

Brugger *et al.* (2016) konnten bereits eine signifikante positive Korrelation im Gehalt der Bohnen an Phasin und an TI feststellen und konstatierten gleichzeitig, dass alle von ihnen untersuchten Bohnensorten den für Futtermittel festgesetzten Grenzwert an TI überschritten. Da an den von uns untersuchten Bohnenakzessionen jedoch nicht der TI-Gehalt erhoben wurde, ist nicht zu klären, ob hier Phasin- und TI-Gehalt phänotypisch korrelierten. Die genannten Kandidatengene legen jedoch nahe, dass eine enge Beziehung dieser beiden Inhaltsstoffe besteht. Für die Nutzung der Bohnen als Futtermittel wäre es zudem äußerst günstig, wenn das in Abbildung 54 dargestellte Gen-Cluster QTLs sowohl für den Phasin- als auch den TI-Gehalt beinhaltet oder ein Gen hier pleiotropisch wirkt. Damit könnten Genotypen auf einfache Weise selektiert werden, welche für beide Inhaltsstoffe einen sehr niedrigen Gehalt aufweisen.

Die Funktionen der im Bereich des signifikanten Markers liegenden Kandidatengene sind daher plausibel, um die Variation der Bohnenakzessionen zwischen einem niedrigen Phasingehalt und einem

Phasingehalt von nahezu 0 zu erklären. Durchaus denkbar ist, dass eine Mutation in einem der Kandidatengene bewirkt, dass Akzessionen nahezu kein Phasin enthalten. Dass dies von einem einzigen rezessiven Gen verursacht wird, wurde von Osborn und Bliss (1985) in einer Kreuzungspopulation gezeigt, wobei auch hier der phasinreiche Elter mit einem Gehalt von 12,7 % des Gesamtproteins (entspricht bei einem Gesamtproteingehalt von 20 % einem Phasingehalt von etwa 25 mg/g) auf einem mittleren Niveau einzuordnen ist. Um die von Brugger *et al.* (2016) beobachtete sehr große Variation der Bohnensorten im Phasingehalt zu erklären, reicht der ermittelte signifikante SNP-Marker alleine jedoch nicht aus. Die Assoziationsanalyse mit allen 152 Akzessionen gab bereits einen Hinweis darauf, dass andere QTLs vorhanden sein müssen, um auch extrem hohe Phasingehalte zu erklären. Plausible Kandidatengene konnten hier jedoch bisher nicht gefunden werden. Ergebnisse aus den Phasinuntersuchungen von 124 der insgesamt 276 Bohnenakzessionen liegen aber bisher noch nicht vor und konnten dementsprechend nicht in der Assoziationsanalyse berücksichtigt werden. Da in naher Zukunft aber auch deren Phasinbestimmung abgeschlossen sein wird, bleibt zu hoffen, dass dann insgesamt eine deutlich größere Anzahl an Akzessionen den Bereich der hohen Phasingehalte repräsentiert. In diesem Falle wäre es möglich, die bisher gefundenen signifikanten Marker zu verifizieren/zu verwerfen und/oder neue signifikante SNP-Marker zu identifizieren.

Zukünftig sollte zudem die Rolle der Trypsin-Inhibitoren stärker in den Fokus rücken. Das von uns verwendete Bohnenset könnte zusätzlich hinsichtlich dieses Inhaltsstoffes untersucht werden und dadurch die offensichtlich enge Beziehung zwischen Phasin und TI genauer beschreiben.

4 Schlussfolgerungen

In dreijährigen Feldversuchen wurde gezeigt, dass trotz der langen ko-evolutionären Entwicklung von Mais und Stangenbohnen in der Region Mesoamerikas ein deutlicher Konkurrenzeffekt zwischen beiden Kulturen wirkt. Dies resultierte in einer signifikant negativen Korrelation zwischen dem Mais-Trockenmasseertrag und dem Bohnen-Trockenmasseertrag im Gemenge. Vor allem Maissorten aus einer früheren Reifegruppe ermöglichten hohe Bohnenanteile an der Gesamtmasse, wobei jedoch der Gesamt-Trockenmasseertrag im Vergleich zum Mais-Reinanbau signifikant absank. Für eine Nutzung als Substrat in der Biogasanlage sind hohe Bohnenanteile dabei weniger wichtig, da hier nur die Ökosystemleistungen des Leguminosenanbaus eine Rolle spielen. Primäres Ziel des Misanbaus von Mais und Stangenbohne für die Nutzung als Futtermittel muss es aber zwangsläufig sein, möglichst hohe Bohnenanteile zu bewerkstelligen. Nur so ist ein erhöhter Rohproteingehalt und -ertrag des Ernteproduktes im Vergleich zum reinen Maisanbau möglich. Hier stellt sich grundsätzlich die Frage, ob auch zukünftig ein Vergleich des Misanbausystems mit dem Mais-Reinanbau – so wie er in dieser Arbeit durchgeführt wurde – genutzt werden sollte, um die Produktivität des Mais/Stangenbohnen-Misanbaus zu quantifizieren. Möglicherweise ist es sinnvoller, den Vergleich zur Wertschöpfung anderer als Futtermittel eingesetzter Leguminosen, wie beispielsweise Ackerbohnen oder Futtererbsen zu suchen. Mit der Stangenbohnenart ‘WAV512‘ konnte eine Sorte selektiert werden, welche durch ihre Ertragsfähigkeit sowie niedrigen Saatgutkosten schon jetzt in der Lage ist, einen großen Beitrag zu einem möglichst hohen Deckungsbeitrag zu leisten. Dabei ist jedoch zu erwähnen, dass Faktoren, welche nicht vom Landwirt beeinflusst werden können, auch eine große Rolle spielen. In erster Linie ist hier der Anspruch des Misanbausystems an die Niederschlagsmenge sowie -verteilung zu nennen, welcher deutlich größer ist, als für den reinen Maisanbau.

Für den Mais konnte gezeigt werden, dass kein eigenes Zuchtprogramm für den Misanbau zu rechtfertigen ist. Für die Stangenbohne ist dies im Gegensatz dazu aber notwendig, da sich die Zuchtziele hier prinzipiell von denen der üblichen gartenbaulichen Nutzung unterscheiden. Da bisher nur die Diversität bereits vorhandener Stangenbohnenarten für den Misanbau mit Mais genutzt wurde, ist es sehr wahrscheinlich, dass durch gezielte Kreuzungsarbeit zukünftig noch leistungsfähigere Stangenbohnenarten entwickelt werden könnten. Eine markergestützte Selektion zeigte sich dabei auch in *P. vulgaris* als ein effizientes Werkzeug, um Zuchtfortschritte zu beschleunigen (Schneider *et al.* 1997; Yu *et al.* 2000; Ender *et al.* 2008; Meziadi *et al.* 2016). Die in dieser Arbeit ermittelten signifikanten Marker-Merkmal-Assoziationen stellen hier einen ersten Schritt zu solch einer Nutzung molekularer Marker bei *P. vulgaris* speziell für die Eignung im Misanbau mit Mais dar. Besonders Marker, welche signifikant mit dem Gehalt der Stangenbohnen an Phasin sowie dem Zeitpunkt der Blüte und damit der Biomasseleistung assoziiert waren, scheinen hier vielversprechend zu sein. Für die

Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen sowie der Frosttoleranz im Primärblattstadium bedarf es jedoch weiterer Untersuchungen, um statistisch gesicherte Aussagen treffen zu können.

Inwieweit in Zukunft die Notwendigkeit eines Zuchtprogrammes der Stangenbohne für den Mischanbau mit Mais bestehen wird, hängt in erster Linie vom Erfolg des Mischanbausystems an sich ab. Bisher ist der Anbau in Deutschland auf wenige Hektar beschränkt. Wenn das Mischanbausystem jedoch großflächigen Einzug in die deutsche Agrarlandschaft erhält, dann könnten Zuchtprogramme für Zuchtunternehmen lohnenswert erscheinen. Eine Schlüsselrolle kommt dabei der potenziellen Fördermöglichkeit im Rahmen der Gemeinsamen Agrarpolitik (GAP) zu, wodurch den Landwirten ein deutlicher finanzieller Anreiz zum Anbau geboten werden könnte.

5 Zusammenfassung

Der Misanbau von Mais und Stangenbohnen (*Phaseolus vulgaris* L.) ist eine interessante Alternative zum Reinanbau von Silomais, da hier das hohe Ertragspotenzial des Maises mit den ökologischen Vorteilen des Anbaus einer Leguminose kombiniert werden könnte. Durch die symbiotische Stickstofffixierung der Stangenbohnen ist eine Reduzierung des Einsatzes von mineralischem N-Dünger möglich. Eine verbesserte Bodenbedeckung vermindert außerdem den Unkrautdruck sowie die Erosionsgefahr bei Starkregen. Die so produzierte Silage kann entweder als Substrat in der Biogasanlage eingesetzt werden oder als wertvolle Quelle pflanzlichen Eiweißes für die Rinderfütterung dienen. Aus früheren Arbeiten ist bekannt, dass ein spezielles Mais-Zuchtprogramm für den Misanbau mit Stangenbohnen nicht nötig ist, sondern moderne Sorten mit einer hohen Standfestigkeit bereits gut dafür geeignet sind. Im Gegensatz dazu stehen aber bisher kaum leistungsfähige Stangenbohnsorten zur Verfügung, da sich die Nutzung im Misanbau mit Mais grundsätzlich von der Nutzung im Gartenbau unterscheidet. Aus diesem Grund beschäftigte sich die vorliegende Arbeit mit der Selektion von Stangenbohnsorten speziell für den Misanbau mit Mais. Hierzu wurden mehrere spätreife Stangenbohnsorten, welche potenziell eine hohe Biomasseleistung zum Erntezeitpunkt des Maises besitzen, in Kombination mit aktuellen, auf dem Saatgutmarkt verfügbaren Maissorten angebaut. Auf der Basis der Gesamt-Trockenmasseerträge der Gemenge sowie des Anteils der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse wurde die Ertragsfähigkeit der Misanbauten untereinander beurteilt, sowie im Vergleich zum Reinanbau des Maises betrachtet. Dadurch sollte eine Sortenempfehlung der Stangenbohnen für den praktischen Anbau ausgesprochen werden können. Durch die Messung der Stickstoffgehalte der Bohnenpflanzen im Versuchsjahr 2017 wurde außerdem ein Vergleich der Rohproteingehalte und -erträge des Erntegutes aus den Misanbauten und dem Mais-Reinanbau möglich, durch den das Potenzial des Mais/Stangenbohnen-Misanbaus in der Rinderfütterung bewertet werden konnte.

Der Anbau von Mais- und Stangenbohnsorten erfolgte in dreijährigen Feldversuchen, wobei Mais und Stangenbohnen im Misanbau mit einer Bestandesdichte von jeweils 7,5 Pflanzen/m² ausgesät wurden. Der Mais-Reinanbau erfolgte zusätzlich mit einer Bestandesdichte von 7,5 und 10 Pflanzen/m². Zur Versuchsauswertung konnten Daten der Standorte Einbeck (2015, 2016 und 2017), Göttingen (2015, 2017) und Wiebrechtshausen (2017) genutzt werden. Im Jahr 2015 wurde ein durchschnittlicher Gesamt-Trockenmasseertrag der Misanbauten von 197 dt/ha bei einem Anteil der Stangenbohnen von etwa 10 % erreicht. Die besten Parzellen lieferten dabei Bohnenanteile von ca. 24 %. Am Standort Göttingen waren die Erträge aufgrund starken Wassermangels während des Auflaufens beider Kulturen aber deutlich niedriger, als am Standort Einbeck. Die Versuche des Jahres 2016 zeigten, dass eine möglichst kurz aufeinanderfolgende Aussaat von Mais und Stangenbohnen signifi-

kant höhere Bohnenanteile verursachte, als eine deutlich gestaffelte Aussaat – so wie sie im Jahr 2015 durchgeführt wurde. Mit im Schnitt 6 % waren die Bohnenanteile aber dennoch sehr niedrig, wobei gleichzeitig mit etwa 225 dt/ha sehr hohe Gesamt-Trockenmasseerträge erreicht wurden. Im Durchschnitt über alle Umwelten des Versuchsjahres 2017 konnten sehr hohe Bohnenanteile von etwa 15 % erzielt werden. Dabei wurde ausschließlich auf eine möglichst gleichzeitige Aussaat von Mais und Stangenbohne vertraut, wodurch ein Bohnenanteil bis maximal 30 % an der Trockenmasse ermöglicht wurde. Über alle Versuchsjahre zeigte sich die Stangenbohnsorte ‘WAV512‘ als sehr ertragsstark und erreichte 2017 sogar mit 45,9 dt/ha den höchsten Bohnenertrag einer speziellen Mais/Stangenbohnen-Kombination. Besonders geeignet für den Mischanbau ist diese Sorte zudem, da sie ein extrem kleines Tausendkorngewicht von nur 185 g besitzt und damit die Mehrkosten des Saatgutes auf ein Minimum reduziert. Für einen praktischen Anbau wird diese Sorte daher empfohlen und kann bei der VanWaveren Saaten GmbH, Göttingen, bezogen werden. Da neben mehreren Stangenbohnsorten auch verschiedene Maissorten Teil der Feldversuche waren, konnte zusätzlich herausgefunden werden, dass Maissorten aus früheren Reifegruppen prinzipiell höhere Bohnenerträge im Gemenge erlauben, gleichzeitig aber geringere Gesamterträge erzielen. Mischanbauten mit späteren Maissorten erreichten dagegen höhere Gesamterträge, wobei aber niedrigere Bohnenanteile ermöglicht wurden. In allen Versuchsjahren manifestierte sich hier die deutlich negative Korrelation zwischen dem Mais- und dem Bohnenertrag im Gemenge (zwischen $-0,64^*$ und $-0,88^{**}$). Ein Vergleich mit dem Mais-Reinanbau zeigte, dass die Ertragsreduzierung des Maises im Mischanbau bei hohen Bohnenanteilen stärker war, als der Ertragsgewinn durch die Stangenbohnen. Im Versuchsjahr 2017 wurden dabei die höchsten Ertragsrückgänge mit 17 % gegenüber dem Mais-Reinanbau mit 10 Pflanzen/m² beobachtet. Die Erfassung der Stickstoffgehalte der Stangenbohnen im Versuchsjahr 2017 zeigte aber, dass es möglich ist, einen Mehrwert durch eine Erhöhung des Rohproteingehaltes des Erntegutes im Mischanbau zu erlangen, welche zwischen 0,85 % und 2,88 % an der Trockenmasse betrug. Dabei wurde eine starke Abhängigkeit von dem Standort beobachtet, der sich durch Unterschiede im Bohnen-Trockenmasseertrag sowie im Rohproteingehalt der Bohnenpflanzen ergab. Insbesondere unter einem Stickstoffmangel wurde auch ein höherer Rohproteinertrag pro Hektar erreicht. Bei relativ niedrigen Bohnenanteilen im Gemenge erzielte dagegen der Mais-Reinanbau mit 10 Pflanzen/m² höhere Rohproteinerträge.

Im zweiten Teil dieser Arbeit sollte eine Genomweite Assoziationsstudie (GWAS) genutzt werden, um molekulare Marker zu identifizieren, welche signifikant mit Eigenschaften der Stangenbohnen assoziiert sind, die für den Mischanbau mit Mais wichtig sind. Dadurch sollen zukünftige Züchtungsvorhaben der Stangenbohnen speziell für dieses Anbausystem erleichtert werden. Hierfür wurde ein Set von 276 Akzessionen der Art *P. vulgaris* mit dem BARCBear6K_3 Bead Chip genotypisiert, welcher insgesamt 5398 SNPs beinhaltet. Die Erfassung der Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen sowie die Frosttoleranz im Primärblattstadium – beides Eigenschaften, die für eine gleichzeitige Aussaat von Mais und Stangenbohnen zum regulären Saatzeitpunkt des Maises wichtig sind – erfolgte

dann an 177 Stangenbohnenakzessionen in einer Klimakammer. Die Frostschädigungen wurden dabei durch eine visuelle Bonitur der Merkmale Turgordruck, Blattfarbe und Standfestigkeit erfasst. Signifikant mit den Merkmalen assoziierte SNPs konnten hier jedoch nicht identifiziert werden. Für 173 Stangenbohnenakzessionen erfolgte zudem die Erhebung agronomischer Merkmale im Feldversuch 2017 an den Standorten Einbeck und Göttingen. Hier konnten für die Fädigkeit der Bohnenhülsen sowie den Blühbeginn signifikant assoziierte SNP-Marker entdeckt werden. Ein Vergleich mit der Literatur bestätigte einen Großteil der gefundenen Assoziationen, unter anderen auch für den Wuchstyp der Bohnen. Gleichzeitig konnte festgestellt werden, dass eine starke, aber nicht signifikante Assoziation der späten Biomasseleistung der Stangenbohnen sich in Position eines signifikant mit dem Blühzeitpunkt assoziierten SNPs befand. Dadurch wäre eine frühzeitige Selektion von spätblühenden und damit ertragreichen Akzessionen ohne einen Anbau denkbar. Ein weiteres untersuchtes Merkmal war der Gehalt der Bohnenakzessionen an dem antinutritiven Inhaltsstoff Phasin. Dieser stellt potenziell eine erhebliche Gefahr für die Eignung der Stangenbohnen als Futtermittel dar; wobei aber die tatsächliche Bedeutung in der Wiederkäuerernährung noch nicht ausreichend untersucht wurde. Da aber bereits bekannt ist, dass eine große Variation im Phasingehalt der Bohnen existiert, würde eine Selektion von sehr phasinarmeren Sorten alle Bedenken bezüglich dieses Inhaltsstoffes beseitigen. Die Assoziationsstudie mit 152 Akzessionen zeigte signifikante Assoziationen von Markern auf den Chromosom 3 und 4. Eine Überprüfung möglicher Kandidatengene in der Online-Datenbank *JBrowse* ergab ein Gen-Cluster in unmittelbarer Umgebung des SNPs auf Chromosom 4, das einen funktionalen Zusammenhang des Phasingehaltes zum Gehalt an Trypsin-Inhibitoren, einem weiteren antinutritiven Inhaltsstoff der Bohnen, nahelegte. Für die Position des signifikanten Markers auf Chromosom 3 konnte dagegen kein Kandidatengen ausfindig gemacht werden.

Durch Selektion einer sehr ertragsfähigen Stangenbohnenart konnte die vorliegende Arbeit einen Beitrag dazu leisten, dass sich der Mischanbau von Mais und Stangenbohnen auch in der Praxis als eine Alternative zum Mais-Reinanbau positionieren kann. Gleichzeitig lieferte die genomweite Assoziationsstudie an *P. vulgaris* molekulare Marker, welche mit Merkmalen, die in einem speziellen Zuchtprogramm der Stangenbohnen für den Mischanbau mit Mais berücksichtigt werden sollten, assoziiert waren. Diese Informationen können helfen, zukünftig noch leistungsfähigere Stangenbohnenarten für den Mischanbau mit Mais zu entwickeln.

6 Literaturverzeichnis

- Altieri, M. A.; Francis, C. A.; van Schoonhoven, A.; Doll, J. D. (1978):** A review of insect prevalence in maize (*Zea mays* L.) and bean (*Phaseolus vulgaris* L.) polycultural systems. In: *Field Crops Research* 1, S. 33–49. DOI: 10.1016/0378-4290(78)90005-9.
- Arbaoui, M.; Balko, C.; Link, W. (2008):** Study of faba bean (*Vicia faba* L.) winter-hardiness and development of screening methods. In: *Field Crops Research* 106 (1), S. 60–67. DOI: 10.1016/j.fcr.2007.10.015.
- Assefa, M.; Shimelis, B.; Punnuri, S.; Sripathi, R.; Whitehead, W.; Singh, B. (2014):** Common Bean Germplasm Diversity Study for Cold Tolerance in Ethiopia. In: *AJPS* 05 (13), S. 1842–1850. DOI: 10.4236/ajps.2014.513198.
- Balasubramanian, P.; Vandenberg, A.; Hucl, P.; Gusta, L. (2004):** Resistance of *Phaseolus* species to ice crystallization at subzero temperature. In: *Physiologia plantarum* 120 (3), S. 451–457. DOI: 10.1111/j.0031-9317.2004.00257.x.
- Balcha, A. (2014):** Genetic Variation for Grain Yield of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Sole and Maize/Bean Intercropping Systems. In: *Asian Journal of Crop Science* 6 (2), S. 158–164. DOI: 10.3923/ajcs.2014.158.164.
- Belel, M. D.; Halim, R. A.; Rafii, M. Y.; Saud, H. M. (2014):** Intercropping of Corn With Some Selected Legumes for Improved Forage Production. A Review. In: *JAS* 6 (3). DOI: 10.5539/jas.v6n3p48.
- Bellon, M. R.; Berthaud, J. (2004):** Transgenic maize and the evolution of landrace diversity in Mexico. The importance of farmers' behavior. In: *Plant physiology* 134 (3), S. 883–888. DOI: 10.1104/pp.103.038331.
- Benjamini, Y.; Hochberg, Y. (1995):** Controlling the False Discovery Rate: A Practical and Powerful Approach to Multiple Testing. In: *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)* 57 (1), S. 289–300.
- Bentsink, L.; Koornneef, M. (2008):** Seed dormancy and germination. In: *The arabidopsis book* 6, e0119. DOI: 10.1199/tab.0119.
- Bilalis, D.; Papastylianou, P.; Konstantas, A.; Patsiali, S.; Karkanis, A.; Efthimiadou, A. (2010):** Weed-suppressive effects of maize-legume intercropping in organic farming. In: *Int. J. of Pest Man.* 56 (2), S. 173–181. DOI: 10.1080/09670870903304471.
- Birol, E.; Villalba, E. R.; Smale, M. (2009):** Farmer preferences for milpa diversity and genetically modified maize in Mexico. A latent class approach. In: *Envir. Dev. Econ.* 14 (04), S. 521. DOI: 10.1017/S1355770X08004944.

- Bitocchi, E.; Rau, D.; Bellucci, E.; Rodriguez, M.; Murgia, M. L.; Gioia, T. et al. (2017):** Beans (*Phaseolus* spp.) as a Model for Understanding Crop Evolution. In: *Frontiers in plant science* 8, S. 722. DOI: 10.3389/fpls.2017.00722.
- Bliss, F. A.; Pereira, P. A. A.; Araujo, R. S. (1989):** Registration of Five High Nitrogen Fixing Common Bean Germplasm Lines. In: *Crop Science* 29 (1), S. 240–241.
- BMEL (2018):** Eiweißpflanzenstrategie. Hg. v. Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft. Online verfügbar unter https://www.bmel.de/DE/Landwirtschaft/Pflanzenbau/Ackerbau/_Texte/Eiweisspflanzenstrategie.html#doc3743388bodyText1, zuletzt geprüft am 20.03.2018.
- BMJV (2017):** Verordnung über die Anwendung von Düngemitteln, Bodenhilfsstoffen, Kultursubstraten und Pflanzenhilfsmitteln nach den Grundsätzen der guten fachlichen Praxis beim Düngen. Hg. v. Bundesministerium für Justiz und für Verbraucherschutz. Online verfügbar unter http://www.gesetze-im-internet.de/d_v_2017/index.html, zuletzt geprüft am 09.04.2018.
- Boessenkool, B. (2014):** Schattenseite der erneuerbaren Energien: Maisanbau in Brandenburg. In: *Forum Geoökol* 25 (1), S. 43–48.
- Bolduan, C.; Stäbler, R.; Buffler, M.; Windisch, W. (2016):** Untersuchungen zum Gehalt von aktiven Lektinen in Gartenbohnen mittels ELISA. In: *Arbeitsgemeinschaft für Lebensmittel-, Veterinär- und Agrarwesen - „Eiweißpflanzen - Strategien und Chancen für Landwirtschaft und Industrie“* (ALVA-Jahrestagung 2016, Klagenfurt), S. 314–316.
- Boniglia, C.; Fedele, E.; Sanzini, E. (2003):** Measurement by ELISA of Active Lectin in Dietary Supplements Containing Kidney Bean Protein. In: *J Food Science* 68 (4), S. 1283–1286. DOI: 10.1111/j.1365-2621.2003.tb09640.x.
- Brachi, B.; Morris, G. P.; Borevitz, J. O. (2011):** Genome-wide association studies in plants. The missing heritability is in the field. In: *Genome biology* 12 (10), S. 232. DOI: 10.1186/gb-2011-12-10-232.
- Brandes, M. (2017):** Ökonomische Bewertung des Mischanbaus von Mais (*Zea mays*) mit Stangenbohnen (*Phaseolus vulgaris*), basierend auf zwei Versuchsjahren. Bachelorarbeit. Hochschule für Wirtschaft und Umwelt Nürtingen-Geislingen. Fakultät für Agrarwissenschaft, Volkswirtschaft und Management.
- Brugger, D.; Buffler, M.; Windisch, W.; Bolduan, C. (2016):** Untersuchungen zum antinutritiven Potential von Gartenbohnen (*Phaseolus vulgaris*). In: *VDLUFA-Schriftenreihe* 73/2016 (VDLUFA-Verlag, Darmstadt).
- Buels, R.; Yao, E.; Diesh, C. M.; Hayes, R. D.; Munoz-Torres, M.; Helt, G. et al. (2016):** JBrowse. A dynamic web platform for genome visualization and analysis. In: *Genome biology* 17, S. 66. DOI: 10.1186/s13059-016-0924-1.

- Bushnell, G.H.S. (1976):** The Beginning and Growth of Agriculture in Mexico. In: *Philosophical Transactions of the Royal Society of London* 275 (936), S. 117–120. Online verfügbar unter <http://www.jstor.org/stable/2418215>.
- Çakir, B.; Kiliçkaya, O.; Olcay, A. C. (2012):** Genome-wide analysis of Aux/IAA genes in *Vitis vinifera*. Cloning and expression profiling of a grape Aux/IAA gene in response to phytohormone and abiotic stresses. In: *Acta Physiol Plant* 55 (3), S. 115. DOI: 10.1007/s11738-012-1079-7.
- Carmalt, J.; Rosel, K.; Burns, T.; Janzen, E. (2003):** Suspected white kidney bean (*Phaseolus vulgaris*) toxicity in horses and cattle. In: *Australian veterinary journal* 81 (11), S. 674–676.
- Chrispeels, M. J.; Raikhel, N. V. (1991):** Lectins, lectin genes, and their role in plant defense. In: *The Plant cell* 3 (1), S. 1–9. DOI: 10.1105/tpc.3.1.1.
- Claassen, M. M.; Shaw, R. H. (1970):** Water Deficit Effects on Corn. I. Grain Components. In: *Agronomy Journal* 62 (5), S. 652. DOI: 10.2134/agronj1970.00021962006200050032x.
- Clarke, W. E.; Higgins, E. E.; Plieske, J.; Wieseke, R.; Sidebottom, C.; Khedikar, Y. et al. (2016):** A high-density SNP genotyping array for *Brassica napus* and its ancestral diploid species based on optimised selection of single-locus markers in the allotetraploid genome. In: *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* 129 (10), S. 1887–1899. DOI: 10.1007/s00122-016-2746-7.
- Contreras-Govea, F. E.; Muck, R. E.; Armstrong, K. L.; Albrecht, K. A. (2009):** Nutritive value of corn silage in mixture with climbing beans. In: *Animal Feed Science and Technology* 150 (1-2), S. 1–8. DOI: 10.1016/j.anifeedsci.2008.07.001.
- Davis, J. H. C.; Garcia, S. (1983):** Competitive ability and growth habit of indeterminate beans and maize for intercropping. In: *Field Crops Research* (6), S. 59–75.
- Davis, J.H.C.; Garcia, S. (1987):** The effects of plant arrangement and density on intercropped beans (*Phaseolus vulgaris*) and maize I. Traits related to dry matter and seed productivity. In: *Field Crops Research* 16 (2), S. 105–115. DOI: 10.1016/0378-4290(87)90001-3.
- Dawo, M. I. (2011):** Assessment of new phaseolus lines as animal feed. Common beans: interactions with maize plants, their nutritive value as animal feed and potential for human consumption. Saarbrücken: LAP Lambert Academic Publ.
- Dawo, M. I.; Wilkinson, J. M.; Pilbeam, D. J. (2009):** Interactions between plants in intercropped maize and common bean. In: *J. Sci. Food Agric.* 89 (1), S. 41–48. DOI: 10.1002/jsfa.3408.
- Dawo, M. I.; Wilkinson, J. M.; Sanders, F. E. T.; Pilbeam, D. J. (2007):** The yield and quality of fresh and ensiled plant material from intercropped maize (*Zea mays*) and beans (*Phaseolus vulgaris*). In: *J. Sci. Food Agric.* 87 (7), S. 1391–1399. DOI: 10.1002/jsfa.2879.

- Destatis (2018):** Anbaufläche ausgewählter Anbaukulturen im Zeitvergleich. Hg. v. Statistisches Bundesamt. Online verfügbar unter <https://www.destatis.de/DE/ZahlenFakten/Wirtschaftsbereiche/LandForstwirtschaftFischerei/FeldfruechteGruenland/Tabellen/FeldfruechteZeitreihe.html>, zuletzt geprüft am 06.03.2018.
- Diemont, S. A. W.; Martin, J. F. (2009):** Lacandon Maya ecosystem management. Sustainable design for subsistence and environmental restoration. In: *Ecological Applications* 19 (1), S. 254–266. DOI: 10.1890/08-0176.1.
- DMK (2016):** Prozentualer Anteil des Maisanbaus an der Ackerfläche für Deutschland auf Kreisebene 2016. Deutsches Maiskomitee (DMK) e.V. Online verfügbar unter www.maiskomitee.de, zuletzt geprüft am 04.01.2018.
- Drijfhout, E. (1970):** Influence of temperature on string formation of beans (*Phaseolus vulgaris*). In: *Euphytica* 19 (2), S. 145–151. DOI: 10.1007/BF01902938.
- Drijfhout, E. (1978):** Inheritance of temperature-dependent string formation in common bean. In: *Ann. Rpt. Bean Improv. Coop.* 21, S. 33–34.
- Dwivedi, A.; Dev, I.; Kumar, V.; Yadav, R. S.; Yadav, M.; Gupta, D. et al. (2015):** Potential role of maize-legume intercropping systems to improve soil fertility status under smallholder farming systems for sustainable agriculture in India. In: *Int. J. Life Sci. Biotech. Pharm. Res.* (4(3)), S. 145–157.
- Dziewiaty, C.; Bernardy P. (2007):** Auswirkungen zunehmender Biomassenutzung (EEG) auf die Artenvielfalt. Erarbeitung von Handlungsempfehlungen für den Schutz der Vögel der Agrarlandschaft. Endbericht für das Bundesumweltministerium.
- Earl, D. A.; Holdt, B. M. von (2012):** STRUCTURE HARVESTER. A website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. In: *Conservation Genet Resour* 4 (2), S. 359–361. DOI: 10.1007/s12686-011-9548-7.
- EEG (2000):** Erneuerbare-Energien-Gesetz, BGBl. I, S.305.
- Ender, M.; Terpstra, K.; Kelly, J. D. (2008):** Marker-assisted selection for white mold resistance in common bean. In: *Mol Breeding* 21 (2), S. 149–157. DOI: 10.1007/s11032-007-9115-9.
- Evanno, G.; Regnaut, S.; Goudet, J. (2005):** Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE. A simulation study. In: *Molecular ecology* 14 (8), S. 2611–2620. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x.
- Everaars, J.; Frank, K.; Huth, A. (2014):** Species ecology and the impacts of bioenergy crops. An assessment approach with four example farmland bird species. In: *GCB Bioenergy* 6 (3), S. 252–264. DOI: 10.1111/gcbb.12135.

- FAO (2016):** Save and Grow in practice: maize, rice, wheat. A guide to sustainable cereal production. Rom: Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO).
- Feller, C.; Bleiholder, H.; Buhr, L.; Hack, H.; Heß, M.; Klose, R. et al. (1995):** Phänologische Entwicklungsstadien von Gemüsepflanzen. II. Fruchtgemüse und Hülsenfrüchte. Codierung und Beschreibung nach der erweiterten BBCH-Skala- mit Abbildungen. In: *Nachrichtenbl. Deut. Pflanzenschutzd.* 47 (9), S. 217–232.
- Fernández, R.; Elías, L. G.; Braham, E.; Bressani, R. (1982):** Trypsin Inhibitors and Hemagglutinins in Beans (*Phaseolus vulgaris*) and Their Relationship with the Content of Tannins and Associated Polyphenols. In: *J. Agr. Food Chem.* (30), S. 734–739.
- Fininsa, C. (1997):** Effects of planting pattern, relative planting date and intra-row spacing on a haricot bean/maize intercrop. In: *African Crop Science Journal* 5 (1). DOI: 10.4314/acsj.v5i1.27866.
- Fininsa, C. (2008):** Effect of intercropping bean with maize on bean common bacterial blight and rust diseases. In: *International Journal of Pest Management* 42 (1), S. 51–54. DOI: 10.1080/09670879609371969.
- Fischer, J.; Böhm, H. (2015):** Mais und Bohne im Gemenge. In: *bioland* 4, S. 22–24.
- Fischer, J.; Höppner, F.; Böhm, H. (2015):** Gemengeanbau von Mais mit Phaseolus-Bohnen: Einfluss von Sorte und Saattiefe der Bohnen auf die Bestandeszusammensetzung. In: *Mitteilungen der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften* 27, S. 177–178.
- Fischler, M. (1997):** Legume green manures in the management of maize-bean cropping systems in eastern Africa with special reference to *Crotalaria* (*C. ochroleuca* G. Don.). Unter Mitarbeit von Urs Christoph Scheidegger und Peter Stamp. Dissertation. ETH Zürich.
- FNR (2017):** Entwicklung der Maisanbaufläche in Deutschland. Hg. v. Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR). Online verfügbar unter <https://mediathek.fnr.de/grafiken/daten-und-fakten/anbau/entwicklung-der-maisanbauflaeche-in-deutschland.html>, zuletzt geprüft am 06.03.2018.
- Francis, C. A.; Flor, C. A.; Prager, M.; Sanders, J. H. (1978):** Density response of climbing beans in two cropping systems. In: *Field Crops Research* 1, S. 255–267. DOI: 10.1016/0378-4290(78)90030-8.
- Francis, C. A.; Prager, M.; Tejada, G. (1982a):** Density interactions in tropical intercropping. I. Maize (*Zea mays* L.) and climbing beans (*Phaseolus vulgaris* L.). In: *Field Crops Research* 5, S. 163–176. DOI: 10.1016/0378-4290(82)90016-8.
- Francis, C. A.; Prager, Martin; Tejada, Gerardo (1982b):** Effects of relative planting dates in bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and maize (*Zea mays* L.) intercropping patterns. In: *Field Crops Research* 5, S. 45–54. DOI: 10.1016/0378-4290(82)90005-3.

- Francis, C. A.; Sanders, J. H. (1978):** Economic analysis of bean and maize systems. Monoculture versus associated cropping. In: *Field Crops Research* 1, S. 319–335. DOI: 10.1016/0378-4290(78)90034-5.
- Freudenberger (2017):** Mais-Stangenbohnen-Gemenge. Zur Erfüllung der vielfältigen Fruchtfolge! Hg. v. Feldsaaten Freudenberger GmbH & Co. KG. Online verfügbar unter http://www.freudenberger.net/media/files/FF_Mais-Stangenbohnen-Gemenge.pdf, zuletzt geprüft am 09.04.2018.
- Gekas, F.; Pankou, C.; Mylonas, E.; Ninou, E.; Sinapidou, A. Lithourgidis, F. Papathanasiou, J. –K. Petrevska, F. Papadopoulou, P. Zouliamis, G. Tsaprounis, I. Tokatlidis, C. Dordas (2013):** The Use of Chlorophyll Meter Readings for the Selection of Maize Inbred Lines under Drought Stress. In: *Int. J. Biolog. Biomol. Agr. Food and Biotechn. Eng.* 7 (8), S. 815–820.
- Giller, K. E.; Ormesher, J.; Awah, F. M. (1991):** Nitrogen transfer from Phaseolus bean to intercropped maize measured using ¹⁵N-enrichment and ¹⁵N-isotope dilution methods. In: *Soil Biology and Biochemistry* 23 (4), S. 339–346. DOI: 10.1016/0038-0717(91)90189-Q.
- Goh, L.; Yap, V. B. (2009):** Effects of normalization on quantitative traits in association test. In: *BMC bioinformatics* 10, S. 415. DOI: 10.1186/1471-2105-10-415.
- Goldstein, I. J.; Hayes, C. E. (1978):** The Lectins. Carbohydrate-Binding Proteins of Plants and Animals 35, S. 127–340. DOI: 10.1016/S0065-2318(08)60220-6.
- Gomez, K. A.; Datta, S. K. de (1975):** Influence of Environment on Protein Content of Rice. In: *Agronomy Journal* 67 (4), S. 565. DOI: 10.2134/agronj1975.00021962006700040029x.
- González, A. M.; Yuste-Lisbona, F. J.; Saburido, S.; Bretones, S.; Ron, A. M. de; Lozano, R.; Santalla, M. (2016):** Major Contribution of Flowering Time and Vegetative Growth to Plant Production in Common Bean As Deduced from a Comparative Genetic Mapping. In: *Frontiers in plant science* 7, S. 1940. DOI: 10.3389/fpls.2016.01940.
- Graham, P. H.; Ranalli, P. (1997):** Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: *Field Crops Research* 53 (1-3), S. 131–146. DOI: 10.1016/S0378-4290(97)00112-3.
- Gross, Y.; Kigel, J. (1994):** Differential sensitivity to high temperature of stages in the reproductive development of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: *Field Crops Research* 36 (3), S. 201–212. DOI: 10.1016/0378-4290(94)90112-0.
- Guilfoyle, T. J.; Hagen, G. (2007):** Auxin response factors. In: *Current opinion in plant biology* 10 (5), S. 453–460. DOI: 10.1016/j.pbi.2007.08.014.
- Guzmán-Maldonado, S. H.; Acosta-Gallegos, J.; Paredes-Lopez, O. (2000):** Protein and mineral content of a novel collection of wild and weedy common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: *J. Sci.*

- Food Agric.* 80 (13), S. 1874–1881. DOI: 10.1002/1097-0010(200010)80:13<1874::AID-JSFA722>3.0.CO;2-X.
- Habte, A.; Kassa, M.; Sisay, A. (2016):** Maize (*Zea mays* L.)- Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Intercropping Response to Population Density of Component Crop in Wolaita Zone Southern Ethiopia. In: *J. Nat. Sci. Res.* 6 (15), S. 69–74.
- Hagerty, C. H.; Cuesta-Marcos, A.; Cregan, P.; Song, Q.; McClean, P.; Myers, J. R. (2016):** Mapping Snap Bean Pod and Color Traits, in a Dry Bean x Snap Bean Recombinant Inbred Population. In: *Journal of the American Society for Horticultural Science* 141 (2), S. 131–138.
- Hauggaard-Nielsen, H.; Jørnsgaard, B.; Kinane, J.; Jensen, E. S. (2008):** Grain legume–cereal intercropping. The practical application of diversity, competition and facilitation in arable and organic cropping systems. In: *Renew. Agric. Food Syst.* 23 (01), S. 3–12. DOI: 10.1017/S1742170507002025.
- Hindorff, L. A.; Sethupathy, P.; Junkins, H. A.; Ramos, E. M.; Mehta, J. P.; Collins, F. S.; Manolio, T. A. (2009):** Potential etiologic and functional implications of genome-wide association loci for human diseases and traits. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 106 (23), S. 9362–9367. DOI: 10.1073/pnas.0903103106.
- Hoppe, C. (2015):** Entwicklung von Energiemaissorten für die Mischkultur mit Stangenbohnen. Dissertation. Georg-August-Universität Göttingen.
- Htet, M. N. S.; Soomro, R. N.; Jiang bo, H. (2016):** Intercropping of maize and climbing bean: fodder yield, quality and nutrient composition of silages. In: *Int. J. Agr. Agri. Res.* 9 (1), S. 25–31.
- Huang, X.; Han, B. (2014):** Natural variations and genome-wide association studies in crop plants. In: *Annual review of plant biology* 65, S. 531–551. DOI: 10.1146/annurev-arplant-050213-035715.
- Isoi, T.; Yoshida, S. (1991):** Low nitrogen fixation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: *Soil Science and Plant Nutrition* 37 (3), S. 559–563. DOI: 10.1080/00380768.1991.10415069.
- Jain, M.; Khurana, J. P. (2009):** Transcript profiling reveals diverse roles of auxin-responsive genes during reproductive development and abiotic stress in rice. In: *The FEBS journal* 276 (11), S. 3148–3162. DOI: 10.1111/j.1742-4658.2009.07033.x.
- Kamfwa, K.; Cichy, K. A.; Kelly, J. D. (2015):** Genome-Wide Association Study of Agronomic Traits in Common Bean. In: *The plant genome* 8 (2), S. 0. DOI: 10.3835/plantgenome2014.09.0059.
- Kipe-Nolt, J. A.; Vargas, H.; Giller, K. E. (1993):** Nitrogen fixation in breeding lines of *Phaseolus vulgaris* L. In: *Plant and Soil* (152), S. 103–106. DOI: 10.1007/978-94-011-2100-2_10.
- Kirchhoff, P. (1943):** Mesoamérica. Sus límites geográficos, composición étnica y caracteres culturales. In: *Acta Americana* (1), S. 92–107.

- Knapp, S. J.; Bridges, W. C. (1987):** Confidence interval estimators for heritability for several mating and experiment designs. In: *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* 73 (5), S. 759–763. DOI: 10.1007/BF00260787.
- Knödler, G. (2007):** Nabu befürchtet Vermaischung Niedersachsens. In: *taz. die tageszeitung*, 29.05.2007 (8285), S. 21.
- Köhler, S. (2014):** Untersuchung von Sorten der Gattungen Phaseolus und Vigna auf Eignung für den Gemenge-Anbau mit Mais zur Biomasse-Nutzung. Bachelorarbeit. Georg-August-Universität Göttingen.
- Koinange, E. M. K.; Singh, S. P.; Gepts, P. (1996):** Genetic control of the domestication syndrome in common bean. In: *Crop Science* 36, S. 1037–1045.
- Kolkman, J. M.; Kelly, J. D. (2003):** QTL conferring resistance and avoidance to white mold in common bean. In: *Crop Science* 43 (2), S. 539–548.
- Kramer, T. (1979):** Environmental and genetic variation for protein content in winter wheat (*Triticum aestivum* L.). In: *Euphytica* 28 (2), S. 209–218. DOI: 10.1007/BF00056577.
- Kumar, R.; Agarwal, P.; Tyagi, A. K.; Sharma, A. K. (2012):** Genome-wide investigation and expression analysis suggest diverse roles of auxin-responsive GH3 genes during development and response to different stimuli in tomato (*Solanum lycopersicum*). In: *Molecular genetics and genomics : MGG* 287 (3), S. 221–235. DOI: 10.1007/s00438-011-0672-6.
- Kwak, M.; Gepts, P. (2009):** Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). In: *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* 118 (5), S. 979–992. DOI: 10.1007/s00122-008-0955-4.
- Kwak, M.; Velasco, D.; Gepts, P. (2008):** Mapping homologous sequences for determinacy and photoperiod sensitivity in common bean (*Phaseolus vulgaris*). In: *The Journal of Heredity* 99 (3), S. 283–291. DOI: 10.1093/jhered/esn005.
- Landon, A. J. (2008):** The "How" of the Three Sisters: The Origins of Agriculture in Mesoamerica and the Human Niche. In: *Nebraska Anthropologist* (40), S. 110–124.
- Lee, Y.-G.; Jeong, N.; Kim, J. H.; Lee, K.; Kim, K. H.; Pirani, A. et al. (2015):** Development, validation and genetic analysis of a large soybean SNP genotyping array. In: *The Plant journal : for cell and molecular biology* 81 (4), S. 625–636. DOI: 10.1111/tpj.12755.
- Li, Y.; Huang, Y.; Bergelson, J.; Nordborg, M.; Borevitz, J. O. (2010):** Association mapping of local climate-sensitive quantitative trait loci in *Arabidopsis thaliana*. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 107 (49), S. 21199–21204. DOI: 10.1073/pnas.1007431107.

- Lima, P. L. T.; Silva, M. L. N.; Curi, N.; Quinton, J. (2014):** Soil loss by water erosion in areas under maize and jack beans intercropped and monocultures. In: *Ciênc. agrotec.* 38 (2), S. 129–139. DOI: 10.1590/S1413-70542014000200004.
- Lioi, L.; Piergiovanni, A. R.; Pignone, D.; Puglisi, S.; Santantonio, M.; Sonnante, G. (2005):** Genetic diversity of some surviving on-farm Italian common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces. In: *Plant Breeding* 124 (6), S. 576–581. DOI: 10.1111/j.1439-0523.2005.01153.x.
- Lipka, A. E.; Tian, F.; Wang, Q.; Peiffer, J.; Li, M.; Bradbury, P. J. et al. (2012):** GAPIT. Genome association and prediction integrated tool. In: *Bioinformatics (Oxford, England)* 28 (18), S. 2397–2399. DOI: 10.1093/bioinformatics/bts444.
- Liu, P.-P.; Montgomery, T. A.; Fahlgren, N.; Kasschau, K. D.; Nonogaki, H.; Carrington, J. C. (2007):** Repression of AUXIN RESPONSE FACTOR10 by microRNA160 is critical for seed germination and post-germination stages. In: *The Plant journal : for cell and molecular biology* 52 (1), S. 133–146. DOI: 10.1111/j.1365-313X.2007.03218.x.
- LWK NRW (2015):** Merkblatt zum Antrag auf Förderung des Anbaus vielfältiger Kulturen im Ackerbau nach den Richtlinien zur Förderung von Agrarumweltmaßnahmen Runderlass des Ministeriums für Klimaschutz, Umwelt, Landwirtschaft, Natur- und Verbraucherschutz, Az.: II A 4 – 62.71.30 vom 29. Oktober 2015. Online verfügbar unter <https://www.landwirtschaftskammer.de/foerderung/formulare/merkblaetter/mb-aum-ackerbauvielfalt-antrag.pdf>, zuletzt geprüft am 05.05.2018.
- Mamidi, S.; Rossi, M.; Moghaddam, S. M.; Annam, D.; Lee, R.; Papa, R.; McClean, P. E. (2013):** Demographic factors shaped diversity in the two gene pools of wild common bean *Phaseolus vulgaris* L. In: *Heredity* 110 (3), S. 267–276. DOI: 10.1038/hdy.2012.82.
- Marotti, I.; Bonetti, A.; Minelli, M.; Catizone, P.; Dinelli, G. (2007):** Characterization of Some Italian Common Bean (*Phaseolus Vulgaris* L.) Landraces by RAPD, Semi-random and ISSR Molecular Markers. In: *Genet Resour Crop Evol* 54 (1), S. 175–188. DOI: 10.1007/s10722-005-3133-4.
- Márquez, A. R. C.; Schwartz, N. B. (2008):** Traditional Home Gardens Of Petén, Guatemala. Resource Management, Food Security, And Conservation. In: *Journal of Ethnobiology* 28 (2), S. 305–317. DOI: 10.2993/0278-0771-28.2.305.
- Martínez-Romero, E. (2003):** Diversity of Rhizobium-*Phaseolus vulgaris* symbiosis. Overview and perspectives. In: *Plant and Soil* 252 (1), S. 11–23. DOI: 10.1023/A:1024199013926.
- Matusso, J. M. M.; Mugwe, J. N.; Mucheru-Muna, M. (2014):** Potential role of cereal-legume intercropping systems in integrated soil fertility management in smallholder farming systems of Sub-Saharan Africa. In: *Res. J. Agr. Envir. Managm.* (3(3)), S. 162–174.

- Meziadi, C.; Richard, M. M. S.; Derquennes, A.; Thareau, V.; Blanchet, S.; Gratias, A. et al. (2016):** Development of molecular markers linked to disease resistance genes in common bean based on whole genome sequence. In: *Plant science: an international journal of experimental plant biology* 242, S. 351–357. DOI: 10.1016/j.plantsci.2015.09.006.
- Miller, W. J.; Clifton, C. M. (1965):** Relation of Dry Matter Content in Ensiled Material and Other Factors to Nutrient Losses by Seepage. In: *Journal of Dairy Science* 48 (7), S. 917–923. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(65)88362-X.
- Moghaddam, S. M.; Mamidi, S.; Osorno, J. M.; Lee, R.; Brick, M.; Kelly, J. et al. (2016):** Genome-Wide Association Study Identifies Candidate Loci Underlying Agronomic Traits in a Middle American Diversity Panel of Common Bean. In: *The plant genome* 9 (3). DOI: 10.3835/plantgenome2016.02.0012.
- Morgado, L. B.; Willey, R. W. (2003):** Effects of plant population and nitrogen fertilizer on yield and efficiency of maize-bean intercropping. In: *Pesq. agropec. bras.* 38 (11), S. 1257–1264. DOI: 10.1590/S0100-204X2003001100002.
- Mukeshimana, G.; Butare, L.; Cregan, P. B.; Blair, M. W.; Kelly, J. D. (2014):** Quantitative Trait Loci Associated with Drought Tolerance in Common Bean. In: *Crop Science* 54 (3), S. 923. DOI: 10.2135/cropsci2013.06.0427.
- Nekesa, P.; Maritim, H. K.; Okalebo, J. R.; Woolmer, P. L. (1999):** Economic analysis of maize-bean production using a soil fertility replenishment product (PREP-PAC) in Western Kenya. In: *African Crop Science Journal* 7 (4). DOI: 10.4314/acsj.v7i4.27752.
- Nigh, R.; Diemont, S. A. W. (2013):** The Maya milpa. Fire and the legacy of living soil. In: *Frontiers in Ecology and the Environment* 11 (s1), e45-e54. DOI: 10.1890/120344.
- Nurk, L.; Graß, R.; Pekrun, C.; Wachendorf, M. (2017):** Effect of Sowing Method and Weed Control on the Performance of Maize (*Zea mays* L.) Intercropped with Climbing Beans (*Phaseolus vulgaris* L.). In: *Agriculture* 7 (12), S. 51. DOI: 10.3390/agriculture7070051.
- Ofori, F.; Stern, W. R. (1987):** Cereal–Legume Intercropping Systems. In: *Advances in Agronomy* 41, S. 41–90. DOI: 10.1016/S0065-2113(08)60802-0.
- Osborn, T. C.; Bliss, F. A. (1985):** Effects of genetically removing lectin seed protein on horticultural and seed characteristics of common bean. In: *Journal of the American Society for Horticultural Science* 110 (4), S. 484–488.
- Osborn, T. C.; Brown, J. W.S. (1988):** Genetic control of bean seed protein. In: *Critical Reviews in Plant Sciences* 7 (2), S. 93–116. DOI: 10.1080/07352688809382260.

- Peoples, M. B.; Herridge, D. F.; Ladha, J. K. (1995):** Biological nitrogen fixation. An efficient source of nitrogen for sustainable agricultural production?. S. 3–28. DOI: 10.1007/978-94-011-0055-7_1.
- Piergiovanni, A. R.; Taranto, G.; Losavio, F. P.; Pignone, D. (2006):** Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Landraces from Abruzzo and Lazio Regions (Central Italy). In: *Genet Resour Crop Evol* 53 (2), S. 313–322. DOI: 10.1007/s10722-004-6144-7.
- Piha, M. I.; Munns, D. N. (1987):** Sensitivity of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) symbiosis to high soil temperature. In: *Plant Soil* 98 (2), S. 183–194. DOI: 10.1007/BF02374822.
- Porrás-Hurtado, L.; Ruiz, Y.; Santos, C.; Phillips, C.; Carracedo, A.; Lareu, M. V. (2013):** An overview of STRUCTURE. Applications, parameter settings, and supporting software. In: *Frontiers in genetics* 4, S. 98. DOI: 10.3389/fgene.2013.00098.
- Prakken, R. (1934):** Inheritance of colours and pod characters in *Phaseolus vulgaris* L. In: *Genetica* 16 (3-4), S. 177–296. DOI: 10.1007/BF02071498.
- Prášil, I.; Zámečník, J. (1998):** The use of a conductivity measurement method for assessing freezing injury. In: *Environmental and Experimental Botany* 40 (1), S. 1–10. DOI: 10.1016/S0098-8472(98)00010-0.
- Pritchard, J. K.; Stephens, M.; Donnelly, P. (2000):** Inference of population structure using multi-locus genotype data. In: *Genetics* 155 (2), S. 945–959.
- R Core Team (2017):** R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- Rabbani, M. A.; Maruyama, K.; Abe, H.; Khan, M. A.; Katsura, K.; Ito, Y. et al. (2003):** Monitoring expression profiles of rice genes under cold, drought, and high-salinity stresses and abscisic acid application using cDNA microarray and RNA gel-blot analyses. In: *Plant physiology* 133 (4), S. 1755–1767. DOI: 10.1104/pp.103.025742.
- Reddy, N. R.; Pierson, M. D. (1994):** Reduction in antinutritional and toxic components in plant foods by fermentation. In: *Food Research International* 27 (3), S. 281–290. DOI: 10.1016/0963-9969(94)90096-5.
- Ren, H.; Gray, W. M. (2015):** SAUR Proteins as Effectors of Hormonal and Environmental Signals in Plant Growth. In: *Molecular plant* 8 (8), S. 1153–1164. DOI: 10.1016/j.molp.2015.05.003.
- Ronga, D.; Rizza, F.; Badeck, F. W.; Milc, J.; Laviano, L.; Montevecchi, G. et al. (2018):** Physiological responses to chilling in cultivars of processing tomato released and cultivated over the past decades in Southern Europe. In: *Scientia Horticulturae* 231, S. 118–125.
- Scheffer, K. (2003):** Der Anbau von Energiepflanzen als Chance einer weiteren Ökologisierung der Landnutzung. In: *Mitt. Ges. Pflanzenbauwiss* 14, S. 114–119.

- Schlegel, S.; Kramer, R. A.; Schaffrin, D. (2005):** Bodenschutz und nachwachsende Rohstoffe. In: *Gutachten für die Kommission Bodenschutz des Umweltbundesamtes, Berlin.*
- Schmidt, W. (2013):** Erhöhung der Diversität im Energiepflanzenanbau am Beispiel Mais/Bohnen-Gemenge. 4. Symposium Energiepflanzen. Berlin, 22.10.2013.
- Schmutz, J.; McClean, P. E.; Mamidi, S.; Wu, G. Albert; C., Steven B.; Grimwood, J. et al. (2014):** A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. In: *Nature genetics* 46 (7), S. 707–713. DOI: 10.1038/ng.3008.
- Schneider, K. A.; Brothers, M. E.; Kelly, J. D. (1997):** Marker-Assisted Selection to Improve Drought Resistance in Common Bean. In: *Crop Science* 37 (1), S. 51. DOI: 10.2135/cropsci1997.0011183X003700010008x.
- Simpson, D. J.; Fincher, G. B.; Huang, A. H.C; Cameron-Mills, V. (2003):** Structure and Function of Cereal and Related Higher Plant (1→4)-β-Xylan Endohydrolases. In: *Journal of Cereal Science* 37 (2), S. 111–127. DOI: 10.1006/jcrs.2002.0488.
- Singh, V. K.; Jain, M. (2015):** Genome-wide survey and comprehensive expression profiling of Aux/IAA gene family in chickpea and soybean. In: *Frontiers in plant science* 6, S. 918. DOI: 10.3389/fpls.2015.00918.
- Song, Q.; Jia, G.; Hyten, D. L.; Jenkins, J.; Hwang, E.-Y.; Schroeder, S. G. et al. (2015):** SNP Assay Development for Linkage Map Construction, Anchoring Whole-Genome Sequence, and Other Genetic and Genomic Applications in Common Bean. In: *G3 (Bethesda, Md.)* 5 (11), S. 2285–2290. DOI: 10.1534/g3.115.020594.
- Spiekers, H.; Attenberger, E. (2013):** Silagesickersaft und Gewässerschutz. Anfall und Verwertung von Silagesickersaft aus Futtermitteln und Biomasse für Biogasanlagen. Hg. v. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL). Online verfügbar unter <http://www.lfl.bayern.de/publikationen/informationen/040133/index.php>.
- Steinberg, M. K. (2010):** Political Ecology and Cultural Change. Impacts on Swidden-fallow Agroforestry Practices among the Mopan Maya in Southern Belize. In: *The Professional Geographer* 50 (4), S. 407–417. DOI: 10.1111/0033-0124.00129.
- Tar'an, B.; Michaels, T. E.; Pauls, K. P. (2002):** Genetic mapping of agronomic traits in common bean. In: *Crop Science* 42, S. 544–556.
- Titterton, M.; Maasdorp, B. V. (1997):** Nutritional improvement of maize silage for dairying. Mixed crop silages from sole and intercropped legumes and a long season variety of maize. 2. Ensilage. In: *Animal Feed Science and Technology* 69 (1-3), S. 263–270. DOI: 10.1016/S0377-8401(97)81640-9.

- Tsai, S. M.; Da Silva, P. M.; Cabezas, W. L.; Bonetti, R. (1993):** Variability in nitrogen fixation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) intercropped with maize. In: *Bliss F. A., Hardarson G. (eds.) Enhancement of Biological Nitrogen Fixation of Common Bean in Latin America. Developments in Plant and Soil Sciences* 52, S. 93–101. DOI: 10.1007/978-94-011-2100-2_9.
- Tsubo, M.; Mukhala, E.; Ogindo, H. O.; Walker, S. (2004):** Productivity of maize-bean intercropping in a semi-arid region of South Africa. In: *WSA* 29 (4). DOI: 10.4314/wsa.v29i4.5038.
- Unterseer, S.; Bauer, E.; Haberer, G.; Seidel, M.; Knaak, C.; Ouzunova, M. et al. (2014):** A powerful tool for genome analysis in maize. Development and evaluation of the high density 600 k SNP genotyping array. In: *BMC genomics* 15, S. 823. DOI: 10.1186/1471-2164-15-823.
- Utz, H. F. (2011):** PLABSTAT, Computerprogramm zur statistischen Analyse von pflanzenzüchterischen Experimenten, Version 3Awin 14. Juni 2011. Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik der Universität Hohenheim.
- van Schoonhoven, A.; Pastor-Corrales, M. A. (eds.) (1987):** Standard system for the evaluation of bean germplasm. Cali, Kolumbien: Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT).
- Visioni, A.; Tondelli, A.; Francia, E.; Pswarayi, A.; Malosetti, M.; Russell, J. et al. (2013):** Genome-wide association mapping of frost tolerance in barley (*Hordeum vulgare* L.). In: *BMC genomics* 14, S. 424. DOI: 10.1186/1471-2164-14-424.
- Vogt, T.; Jones, P. (2000):** Glycosyltransferases in plant natural product synthesis. Characterization of a supergene family. In: *Trends in plant science* 5 (9), S. 380–386. DOI: 10.1016/S1360-1385(00)01720-9.
- Vollmann, J.; Fritz, C. N.; Wagentristl, H.; Ruckenbauer, P. (2000):** Environmental and genetic variation of soybean seed protein content under Central European growing conditions. In: *J. Sci. Food Agric.* 80 (9), S. 1300–1306. DOI: 10.1002/1097-0010(200007)80:9<1300::AID-JSFA640>3.0.CO;2-I.
- Wang, L.; Zhu, W.; Fang, L.; Sun, X.; Su, L.; Liang, Z. et al. (2014):** Genome-wide identification of WRKY family genes and their response to cold stress in *Vitis vinifera*. In: *BMC plant biology* 14, S. 103. DOI: 10.1186/1471-2229-14-103.
- Wang, S. K.; Bai, Y. H.; Shen, C. J.; Wu, Y. R.; Zhang, S. N.; Jiang, D. A. et al. (2010):** Auxin-related gene families in abiotic stress response in *Sorghum bicolor*. In: *Functional & integrative genomics* 10 (4), S. 533–546. DOI: 10.1007/s10142-010-0174-3.
- WetterOnline (2018):** Niederschlagsmengen der Wetterstation Göttingen. Online verfügbar unter <https://www.wetteronline.de/wetterdaten/goettingen>, zuletzt geprüft am 26.02.2018.

- Willey, R. W.; Osiru, D. S. O. (1972):** Studies on mixtures of maize and beans (*Phaseolus vulgaris*) with particular reference to plant population. In: *J. Agric. Sci.* 79 (03), S. 517. DOI: 10.1017/S0021859600025909.
- Williams, P.E.V.; Pusztai, A. J.; Macdearmid, A.; Innes, G. M. (1984):** The use of kidney beans (*Phaseolus vulgaris*) as protein supplements in diets for young rapidly growing beef steers. In: *Animal Feed Science and Technology* 12 (1), S. 1–10. DOI: 10.1016/0377-8401(84)90031-2.
- Winfield, M. O.; Allen, A. M.; BurrIDGE, A. J.; Barker, G. L. A.; Benbow, H. R.; Wilkinson, P. A. et al. (2016):** High-density SNP genotyping array for hexaploid wheat and its secondary and tertiary gene pool. In: *Plant biotechnology journal* 14 (5), S. 1195–1206. DOI: 10.1111/pbi.12485.
- Yu, J.; Pressoir, G.; Briggs, W. H.; Vroh Bi, I.; Yamasaki, M.; Doebley, J. F. et al. (2006):** A unified mixed-model method for association mapping that accounts for multiple levels of relatedness. In: *Nature genetics* 38 (2), S. 203–208. DOI: 10.1038/ng1702.
- Yu, K.; Park, S. J.; Poysa, V. (2000):** Marker-assisted selection of common beans for resistance to common bacterial blight. Efficacy and economics. In: *Plant Breeding* 119 (5), S. 411–415. DOI: 10.1046/j.1439-0523.2000.00514.x.
- Zaiter, H.; Baydoun, E.; Sayyed-Hallak, M. (1994):** Genotypic variation in the germination of common bean in response to cold temperature stress. In: *Plant Soil* 163 (1), S. 95–101. DOI: 10.1007/BF00033945.
- Zhang, Z.; Ersoz, E.; Lai, C.-Q.; Todhunter, R. J.; Tiwari, H. K.; Gore, M. A. et al. (2010):** Mixed linear model approach adapted for genome-wide association studies. In: *Nature genetics* 42 (4), S. 355–360. DOI: 10.1038/ng.546.
- Zuiderveen, G. H.; Padder, B. A.; Kamfwa, K.; Song, Q.; Kelly, J. D. (2016):** Genome-Wide Association Study of Anthracnose Resistance in Andean Beans (*Phaseolus vulgaris*). In: *PloS one* 11 (6), e0156391. DOI: 10.1371/journal.pone.0156391.
- Zürcher, A. (2014):** Dauerkulturen als Alternativen zu Mais. Wildartenmischungen, Topinambur, Durchwachsene Silphie, Virginiamalve und Riesenweizengras. 7. Workshop „Pflanzliche Rohstoffe zur Biogasgewinnung“. LTZ Augustenberg, 16.10.2014.

7 Anhang

Tabelle 36: Ergebnisse der ANOVA aller weiteren erfassten Merkmale des ersten Datensatzes über beide Standorte des Versuchsjahrs 2015.

8 Maissorten x 4 Stangenbohnsorten											
Varianz- ursache	ABT [%]			TSG-M [%]		TSG-B [%]		TSG-G [%]		BIBeg [TnA]	
	FG	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK
O	1	1773.70	27.68**	1250.13	19.51**	257.50	4.01**	72.44	1.11**	1233.55	19.16**
B	3	7.02	0.15	5.45	0.07	12.25	0.14	6.67	0.12	1241.76	32.53+
M	7	140.70	7.31*	228.45	12.20*	2.94	0.06	49.97	1.60	16.19	0.70+
W:O	2	8.42	0.20*	17.29	0.49**	0.80	-0.01	21.12	0.62**	5.23	-0.06
B x O	3	2.31	0.01	3.10	0.09	7.92	0.43**	2.95	0.10+	200.65	12.10**
M x O	7	23.76	2.70**	33.19	3.93	2.03	0.12+	24.42	2.89**	5.01	-0.26
B x M	21	4.41	0.10	2.98	0.31	1.60	-0.24	2.28	0.29+	5.77	-0.83
B x M x O	21	4.02	0.94*	1.75	0.01	2.57	0.76**	1.10	-0.08	9.08	1.00
Rest	62	2.14	2.14	1.74	1.74	1.04	1.04	1.27	1.27	7.09	7.09
h^2_M		83.11		85.47		30.82		51.12		69.04	
Varianz- ursache	BIEnd [TnA]			frSPAD		spSPAD		frBM		spBM	
	FG	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK
O	1	1818.42	28.01**	24.54	0.36**	3439.42	53.71**	197.23	3.08**	785.02	12.26**
B	3	796.04	18.50	109.33	2.98+	93.78	2.23	12.94	0.28	12.90	0.36+
M	7	17.09	-0.29	6.50	0.19	11.45	0.31	1.48	0.05	2.39	0.12*
W:O	2	8.33	-0.55	8.27	0.21**	7.70	0.17*	0.66	0.01	0.15	-0.01
B x O	3	203.89	11.13**	14.11	0.78**	22.40	1.27**	3.90	0.22**	1.42	0.06*
M x O	7	21.76	-0.51	3.52	0.24*	6.45	0.54**	0.72	0.04	0.44	0.00
B x M	21	75.69	-0.36	3.14	0.03	5.57	0.15	0.44	0.01	0.69	-0.01
B x M x O	21	77.13	25.66**	3.00	0.70*	4.96	1.41**	0.39	-0.02	0.72	0.13+
Rest	62	25.82	25.82	1.60	1.60	2.14	2.14	0.43	0.43	0.46	0.46
h^2_M		0.00		45.81		43.62		51.30		81.60	

FG = Freiheitsgrad, MQ = mittlere Abweichungsquadrate, VarK = Varianzkomponente, ABT = Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, BIBeg = Blühbeginn der Bohnen, BIEnd = Blühende der Bohnen, frSPAD = frühe SPAD-Messung, spSPAD = späte SPAD-Messung, frBM = frühe Bonitur der Biomasse, spBM = späte Bonitur der Biomasse, O = Standort, B = Stangenbohnsorte, M = Maissorte, W:O = Wiederholung innerhalb eines Standorts, h^2_M = Heritabilität der Maissorte, +, *, ** = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

Tabelle 37: Ergebnisse der ANOVA aller weiteren erfassten Merkmale des zweiten Datensatzes über beide Standorte des Versuchsjahrs 2015.

4 Maissorten x 12 Stangenbohnsorten												
Varianz- ursache	ABT [%]			TSG-M [%]		TSG-B [%]		TSG-G [%]		BlBeg [TnA]		
	FG	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	
O	1	1419.02	14.76**	1137.15	11.83**	118.28	1.22**	17.32	0.17**	4018.77	41.71**	
B	11	41.41	2.01*	3.96	-0.08	31.59	1.23+	3.25	0.06	1005.12	52.82**	
M	3	215.10	3.76+	276.04	3.46	1.69	-0.04	62.74	0.71	22.82	0.45*	
W:O	2	28.78	0.55**	16.85	0.31**	3.40	0.05+	20.17	0.39**	26.21	0.24	
B x O	11	9.24	0.87**	5.23	0.43**	11.91	1.34**	2.30	0.13+	160.06	18.19**	
M x O	3	34.39	1.34**	109.81	4.50**	3.45	0.09*	28.48	1.13**	1.35	-0.55	
B x M	33	3.73	-0.07	1.90	-0.14	2.15	-0.01	1.62	-0.11	8.45	-0.31	
B x M x O	33	4.01	0.85*	2.46	0.34	2.20	0.49*	2.08	0.40*	9.70	-2.41	
Rest	94	2.30	2.30	1.77	1.77	1.22	1.22	1.28	1.28	14.51	14.51	
h^2_B		77.68			0.00		62.29		29.34		84.08	
Varianz- ursache	BlEnd [TnA]			frSPAD		spSPAD		frBM		spBM		
	FG	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	
O	1	4117.55	42.59**	9.65	0.08*	4758.09	49.55**	367.08	3.82**	1008.33	10.50**	
B	11	1434.59	85.04**	46.98	2.43**	36.14	1.66*	7.23	0.31*	14.23	0.57+	
M	3	53.17	0.55	15.93	0.16	25.92	0.30	2.68	0.03	4.77	0.08	
W:O	2	127.79	2.06*	6.06	0.09*	5.42	0.08*	0.17	-0.01	1.64	0.02*	
B x O	11	74.00	5.62**	8.14	0.79**	9.50	0.97**	2.23	0.22**	5.07	0.57**	
M x O	3	26.79	-0.09	8.16	0.27**	11.29	0.40**	1.24	0.03*	0.90	0.02	
B x M	33	47.28	4.38+	4.48	0.67**	8.36	0.77+	0.63	0.06+	0.75	-0.03	
B x M x O	33	29.75	0.37	1.80	0.01	5.27	1.78**	0.38	-0.03	0.88	0.18*	
Rest	94	29.01	29.01	1.79	1.79	1.71	1.71	0.44	0.44	0.53	0.53	
h^2_B		94.84			82.68		73.70		69.11		64.41	

FG = Freiheitsgrad, MQ = mittlere Abweichungsquadrate, VarK = Varianzkomponente, ABT = Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, BlBeg = Blühbeginn der Bohnen, BlEnd = Blühende der Bohnen, frSPAD = frühe SPAD-Messung, spSPAD = späte SPAD-Messung, frBM = frühe Bonitur der Biomasse, spBM = späte Bonitur der Biomasse, O = Standort, B = Stangenbohnsorte, M = Maissorte, W:O = Wiederholung innerhalb eines Standorts, h^2_B = Heritabilität der Stangenbohnsorte, +, *, ** = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

Tabelle 38: Ergebnisse der ANOVA aller weiteren erfassten Merkmale des Versuchsjahres 2016.

Varianz- ursache	ABT [%]			TSG-M [%]		TSG-B [%]		TSG-G [%]		RankBeg [TnA]		BIBeg [TnA]
	FG	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ
M	7	17.62	0.98**	110.60	6.81**	5.93	0.13	75.28	4.62**	1.57	0.03	24.31
B	3	44.65	1.33**	1.32	-0.01	10.30	0.20+	4.09	0.09*	422.02	13.15**	848.87
S	1	668.59	10.42**	6.26	0.07*	421.95	6.53**	10.18	0.14**	4186.13	65.39**	6900.33
W	1	1.34	-0.01	0.29	-0.02	5.95	0.03	0.24	-0.02	1.13	0.00	10.90
M x B	21	1.42	-0.14	1.73	0.04	3.03	-0.21	1.69	0.08	1.35	0.06	8.64
M x S	7	5.41	0.43*	2.53	0.12	5.19	0.17	1.63	0.03	1.57	0.06	2.86
B x S	3	39.43	2.34**	5.13	0.22*	32.97	1.82**	2.50	0.07	22.02	1.31**	179.72
M x B x S	21	2.03	0.03	0.81	-0.38	3.36	-0.25	1.00	-0.18	1.35	0.12	8.04
Rest	63	1.96	1.96	1.58	1.58	3.86	3.86	1.37	1.37	1.11	1.11	8.66
h^2_M		88.85		98.58		34.94		98.19		29.42		
h^2_B		95.60		0.00		62.55		66.58		99.74		
Varianz- ursache	BIBeg [TnA]		BIEnd [TnA]		fr-SPAD		sp-SPAD		frBM		spBM	
	FG	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK
M	7	0.98*	7.71	0.20	14.25	0.32	41.86	2.19**	2.23	0.08*	3.60	0.18**
B	3	26.26**	558.53	17.31**	88.38	2.48**	47.63	1.27**	27.60	0.83**	12.93	0.38**
S	1	107.68**	11526.17	180.03**	228.42	3.43**	1202.34	18.68**	34.03	0.52**	127.92	1.99**
W	1	0.04	0.45	-0.06	0.97	-0.13	8.15	0.02	3.78	0.04*	0.03	-0.01
M x B	21	0.00	5.50	0.25	5.60	-0.89	4.58	-0.56	0.55	-0.09	0.74	0.02
M x S	7	-0.72	3.67	-0.10	10.65	0.19	10.35	0.44	0.41	-0.06	0.71	0.01
B x S	3	10.69**	165.17	10.04**	40.51	1.96**	43.71	2.30**	13.55	0.79**	12.03	0.71**
M x B x S	21	-0.31	4.20	-0.16	11.10	0.97	7.01	0.08	1.14	0.11	0.52	-0.07
Rest	63	8.66	4.51	4.51	9.15	9.15	6.84	6.84	0.92	0.92	0.67	0.67
h^2_M		64.40		41.53		35.80		83.66		58.60		81.49
h^2_B		98.98		99.19		89.65		85.64		96.65		94.85

FG = Freiheitsgrad, MQ = mittlere Abweichungsquadrate, VarK = Varianzkomponente, ABT = Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, RankBeg = Rankbeginn der Bohnen, BIBeg = Blühbeginn der Bohnen, BIEnd = Blühende der Bohnen, frSPAD = frühe SPAD-Messung, spSPAD = späte SPAD-Messung, frBM = frühe Bonitur der Biomasse, spBM = späte Bonitur der Biomasse, M = Maissorte, B = Stangenbohnenorte, S = Saatzeitpunkt der Stangenbohnen, W = Wiederholung, h^2_M = Heritabilität der Maissorte, h^2_B = Heritabilität der Stangenbohnenorte, +, *, ** = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

Tabelle 39: Ergebnisse der ANOVA aller weiteren erfassten Merkmale über alle Umwelten des Versuchsjahres 2017.

Varianz- ursache	ABT [%]			TSG-M [%]		TSG-B [%]		TSG-G [%]	
	FG	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK
U	4	1662.42	27.64**	394.20	6.52**	108.81	1.80**	634.25	10.54**
B	9	91.00	2.90**	10.80	0.25**	22.50	0.72**	33.22	1.04**
M	2	213.25	2.09**	2336.77	23.34**	10.14	0.09**	368.03	3.66**
W:U	5	63.70	1.99**	32.91	0.99**	17.72	0.56**	34.32	1.08**
B x U	36	9.90	1.00**	7.59	0.72**	3.38	0.43**	4.84	0.47**
M x U	8	15.17	0.56**	13.18	0.50**	2.81	0.10**	18.44	0.82**
B x M	18	3.63	-0.02	8.26	0.50**	2.03	0.12**	3.22	0.12+
B x M x U	72	6.12	1.12*	5.56	1.15**	1.72	0.47**	3.71	0.84**
Rest	145	3.87	3.87	3.27	3.27	0.78	0.78	2.03	2.03
h^2_B		95.75		69.73		96.51		93.90	
Varianz- ursache	RankBeg [TnA]			BlBeg [TnA]		frBM		spBM	
	FG	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK	MQ	VarK
U	4	961.67	15.98**	266.55	4.35**	2.58	0.04**	9.51	0.15**
B	9	380.90	12.60**	5093.05	169.59**	2.26	0.07**	7.22	0.23**
M	2	5.99	0.03	14.53	0.09+	0.33	0.00	1.18	0.01+
W:U	5	13.42	0.35**	25.47	0.67**	0.89	0.02**	3.75	0.11**
B x U	36	9.83	1.14**	65.48	10.02**	0.63	0.07**	0.67	0.04*
M x U	8	2.67	-0.02	4.05	-0.06	0.38	0.01+	0.88	0.02*
B x M	18	3.53	0.06	5.32	0.00	0.26	0.00	0.55	0.01
B x M x U	72	4.14	0.59*	7.39	1.03+	0.27	0.02	0.44	0.01
Rest	145	2.97	2.97	5.34	5.34	0.22	0.22	0.42	0.42
h^2_B		99.22		99.90		90.16		94.14	

FG = Freiheitsgrad, MQ = mittlere Abweichungsquadrate, VarK = Varianzkomponente, ABT = Anteil der Bohnen-Trockenmasse an der Gesamt-Trockenmasse, TSG-M = Mais-Trockensubstanzgehalt, TSG-B = Bohnen-Trockensubstanzgehalt, TSG-G = Gesamt-Trockensubstanzgehalt, RankBeg = Rankbeginn der Bohnen, BlBeg = Blühbeginn der Bohnen, frBM = frühe Bonitur der Biomasse, spBM = späte Bonitur der Biomasse, U = Umwelt, B = Stangenbohnsorte, M = Maissorte, W:U = Wiederholung innerhalb einer Umwelt, h^2_B = Heritabilität der Stangenbohnsorte, +, *, ** = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

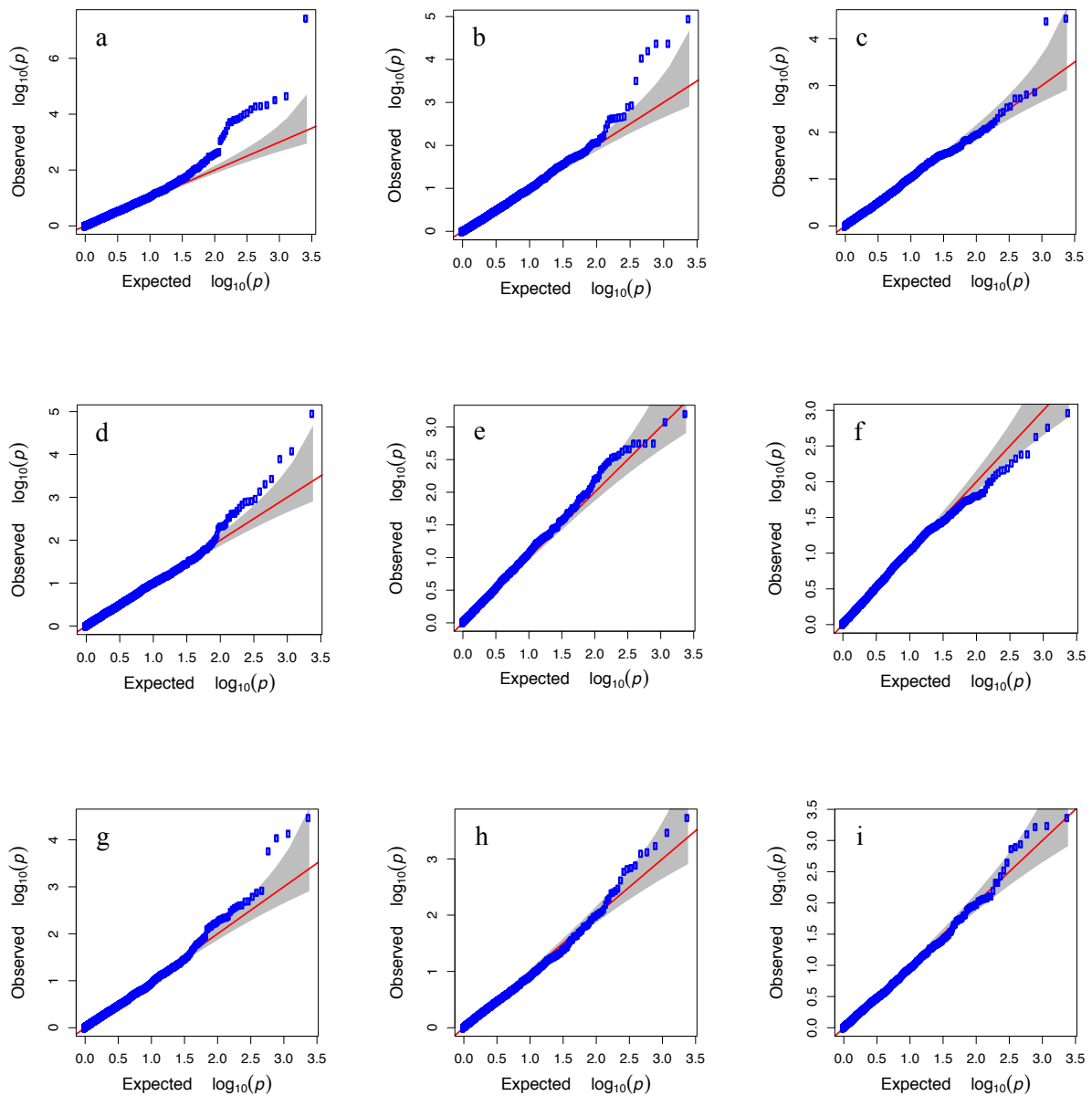


Abbildung 55: QQ-Plots der Assoziationsstudien fur alle agronomischen Merkmale sowie der Keimfahigkeit unter suboptimalen Temperaturen: (a) Wuchstyp, (b) Fadigkeit, (c) Rankbeginn, (d) Bluhbeginn, (e) fruhe Biomassebonitur, (f) mittlere Biomassebonitur, (g) spate Biomassebonitur, (h) Keimfahigkeit nach 17 Tagen unter suboptimalen Temperaturen, (i) Entwicklung der Keimfahigkeit.

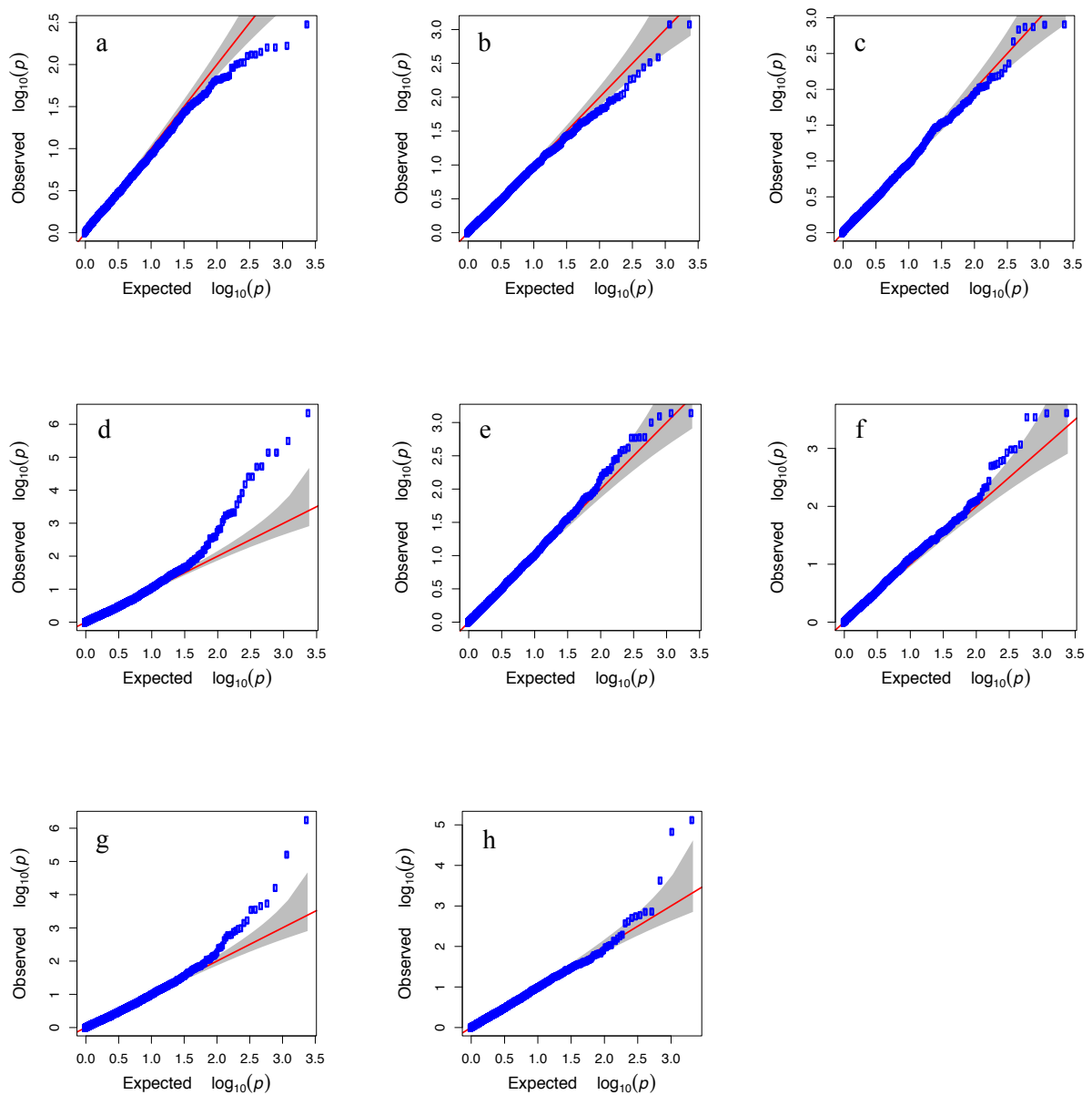


Abbildung 56: QQ-Plots der Assoziationsstudien für die Frosttoleranz im Primärblattstadium und des Phasingehalts: (a) Turgordruck nach einer Frostnacht, (b) Turgordruck nach zwei Frostnächten, (c) Turgordruck nach drei Frostnächten, (d) Electrolyte Leakage nach einer Frostnacht, (e) Electrolyte Leakage nach zwei Frostnächten, (f) Electrolyte Leakage nach drei Frostnächten, (g) Phasingehalt bei Berücksichtigung aller 152 Akzessionen, (h) Phasingehalt bei Berücksichtigung der Akzessionen mit einem Phasingehalt zwischen 0 und 10 mg/g.

Tabelle 40: Beschreibung der genotypisierten Bohnenakzessionen sowie deren Merkmalsausprägungen.

Akzession	Wuchstyp	IPK-Nr. ¹	Herkunft	Status ²	TKG [g]	BiBeg [TnA]	spBM	KF17 [%]	EKF	Phasin [mg/g]
402	BB	PHA 2995	ITA	LS	165	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	4.77
404	BB	PHA 12028	k.A.	ZS	170	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	3.43
405	BB	PHA 926	k.A.	ZS	179	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	2.91
408	BB	PHA 718	k.A.	ZS	189	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	4.45
411	BB	PHA 935	k.A.	ZS	197	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	5.69
419	BB	PHA 12934	ITA	LS	210	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	14.34
420	BB	PHA 12998	k.A.	k.A.	210	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	0.80
425	BB	PHA 13201	k.A.	LS	217	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	6.22
426	BB	PHA 12174	MEX	LS	219	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	26.89
432	BB	PHA 13200	USA	LS	222	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	4.97
434	BB	PHA 13202	k.A.	LS	224	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	1.32
436	BB	PHA 13164	k.A.	ZS	226	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	1.05
441	BB	PHA 12166	k.A.	ZS	230	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	4.74
449	BB	PHA 13216	k.A.	LS	236	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	5.06
460	BB	PHA 4056	CUB	LS	244	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	0.75
464	BB	PHA 13212	k.A.	ZS	246	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	31.35
466	BB	PHA 13210	k.A.	LS	248	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	7.29
471	BB	PHA 6549	k.A.	ZS	252	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	21.80
479	BB	PHA 13217	k.A.	LS	256	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	2.52
484	BB	PHA 13222	k.A.	LS	259	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	8.03
492	BB	PHA 13160	k.A.	k.A.	263	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	7.78
496	BB	PHA 13010	k.A.	ZS	267	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	27.58
513	BB	PHA 12379	MEX	LS	283	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	10.63
524	BB	PHA 7002	DEU	LS	295	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	0.37
532	BB	PHA 12161	k.A.	ZS	297	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	18.00
537	BB	PHA 6730	k.A.	ZS	299	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	25.00
550	BB	PHA 7130	CAN	ZS	310	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	3.55
572	BB	PHA 13207	k.A.	ZS	327	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	21.00
586	BB	PHA 973	k.A.	ZS	338	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	24.00

Fortsetzung Tabelle 40.

Akzession	Wuchstyp	IPK-Nr. ¹	Herkunft	Status ²	TKG [g]	BIBeg [TnA]	spBM	KF17 [%]	EKF	Phasin [mg/g]
609	BB	PHA 7129	CAN	ZS	349	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
611	BB	PHA 13484	USA	ZS	351	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
635	BB	PHA 5209	SUN	LS	367	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
637	BB	PHA 6485	k.A.	LS	367	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
640	BB	PHA 12004	TUR	ZS	369	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
401	RB	PHA 12131	SUN	ZS	109	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	4.72
403	RB	PHA 1689	POL	LS	168	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	0.92
406	RB	PHA 12935	ITA	LS	187	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	2.47
407	RB	PHA 954	k.A.	ZS	187	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	5.51
409	RB	PHA 4088	CUB	LS	194	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	3.65
410	RB	PHA 12312	DEU	LS	195	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	3.19
412	RB	PHA 1196	k.A.	ZS	204	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	2.80
413	RB	PHA 930	k.A.	ZS	206	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	0.56
414	RB	PHA 13173	k.A.	ZS	208	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	3.08
422	RB	PHA 6018	NLD	ZS	212	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	3.94
424	RB	PHA 13206	BGR	k.A.	216	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	3.99
427	RB	PHA 1447	SVK	LS	220	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	5.46
429	RB	PHA 13205	USA	k.A.	221	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	3.48
431	RB	PHA 2683	k.A.	ZS	222	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	0.03
433	RB	PHA 12940	k.A.	ZS	223	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	30.43
437	RB	PHA 949	CHN	LS	228	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	0.76
439	RB	PHA 895	MAR	k.A.	228	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	3.35
440	RB	PHA 13198	SUN	k.A.	229	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	1.02
446	RB	PHA 12126	k.A.	ZS	235	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	3.19
447	RB	PHA 13211	k.A.	k.A.	235	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	7.49
448	RB	PHA 773	k.A.	LS	235	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	3.73
450	RB	PHA 947	CHN	LS	237	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	0.02
454	RB	PHA 13209	k.A.	k.A.	243	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	2.15
458	RB	PHA 13220	k.A.	k.A.	243	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	9.25

Fortsetzung Tabelle 40.

Akzession	Wuchstyp	IPK-Nr. ¹	Herkunft	Status ²	TKG [g]	BIBeg [TnA]	spBM	KF17 [%]	EKF	Phasin [mg/g]
459	RB	PHA 925	CZE	ZS	243	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	4.35
463	RB	PHA 1215	HUN	ZS	245	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	3.88
465	RB	PHA 181	GRC	LS	248	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	4.19
468	RB	PHA 13168	k.A.	k.A.	249	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	1.05
469	RB	PHA 13147	ITA	LS	251	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	4.57
473	RB	PHA 220	GRC	LS	253	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	4.26
474	RB	PHA 13214	k.A.	ZS	254	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	4.59
478	RB	PHA 7484	HUN	LS	256	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	6.31
481	RB	PHA 13162	k.A.	ZS	257	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	8.59
487	RB	PHA 13223	k.A.	ZS	260	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	31.85
489	RB	PHA 12184	SUN	ZS	261	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	0.88
494	RB	PHA 13151	CUB	ZS	266	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	9.31
495	RB	PHA 13204	k.A.	ZS	266	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	0.26
502	RB	PHA 215	GRC	LS	271	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	1.08
503	RB	PHA 667	k.A.	k.A.	272	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	8.17
504	RB	PHA 13155	k.A.	ZS	274	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	7.17
507	RB	PHA 12199	SUN	ZS	275	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	3.03
510	RB	PHA 12943	BGR	LS	282	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	4.43
522	RB	PHA 12647	TUR	LS	293	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	31.51
547	RB	PHA 929	k.A.	ZS	308	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	1.78
565	RB	PHA 13170	k.A.	k.A.	319	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	5.47
567	RB	PHA 942	ITA	LS	320	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	3.93
576	RB	PHA 13174	USA	ZS	331	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	21.00
578	RB	PHA 660	USA	ZS	332	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	17.00
579	RB	PHA 2690	k.A.	k.A.	333	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	4.65
584	RB	PHA 13175	k.A.	k.A.	337	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	3.81
587	RB	PHA 554	USA	ZS	339	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
606	RB	PHA 13167	k.A.	k.A.	348	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
613	RB	PHA 6997	BGR	LS	352	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.

Fortsetzung Tabelle 40.

Akzession	Wuchstyp	IPK-Nr. ¹	Herkunft	Status ²	TKG [g]	BiBeg [TnA]	spBM	KF17 [%]	EKF	Phasin [mg/g]
617	RB	PHA 13003	k.A.	ZS	353	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
624	RB	PHA 1409	POL	LS	358	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
628	RB	PHA 13460	k.A.	ZS	363	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
646	RB	PHA 6021	USA	k.A.	373	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
657	RB	PHA 1648	k.A.	ZS	380	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
660	RB	PHA 826	DEU	ZS	382	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
662	RB	PHA 347	k.A.	ZS	382	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
674	RB	PHA 13516	k.A.	k.A.	389	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
682	RB	PHA 13510	k.A.	k.A.	395	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
685	RB	PHA 12698	DEU	ZS	399	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
689	RB	PHA 12252	DEU	ZS	422	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
695	RB	PHA 12480	DEU	LS	492	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.	k.A.
416	SB	PHA 12618	DEU	LS	209	59.50	2.00	8.33	0.49	7.32
417	SB	PHA 12828	DEU	ZS	209	57.50	2.00	80.00	7.13	5.58
418	SB	PHA 355	k.A.	LS	209	58.75	3.00	16.67	1.28	11.03
443	SB	PHA 12397	IRN	k.A.	231	90.00	4.75	15.00	1.06	2.31
444	SB	PHA 12657	TUR	LS	232	78.75	5.75	31.25	2.06	4.02
452	SB	PHA 829	GRC	LS	239	59.50	2.75	10.00	0.88	5.53
453	SB	PHA 357	GRC	LS	242	60.25	3.00	10.00	0.59	5.30
461	SB	PHA 511	BGR	LS	245	61.00	3.25	100.00	10.61	4.18
467	SB	PHA 12044	TUN	WP	249	59.50	2.25	33.33	2.52	5.82
470	SB	PHA 12760	DEU	k.A.	251	57.75	1.75	68.75	6.11	0.68
477	SB	PHA 229	GRC	LS	255	65.50	1.75	90.00	7.16	5.90
483	SB	PHA 1249	k.A.	ZS	258	61.25	1.75	90.00	8.60	6.05
485	SB	PHA 12601	TUN	WP	259	63.00	3.50	100.00	9.81	5.51
486	SB	PHA 12963	GRC	LS	260	96.25	4.75	0.00	0.00	0.09
488	SB	PHA 12141	DEU	ZS	261	57.00	2.75	53.57	4.61	5.36
490	SB	PHA 869	GRC	LS	261	60.50	2.50	12.50	0.85	3.16
491	SB	PHA 12942	ITA	LS	262	59.50	2.50	100.00	8.60	5.44

Fortsetzung Tabelle 40.

Akzession	Wuchstyp	IPK-Nr. ¹	Herkunft	Status ²	TKG [g]	BIBeg [TnA]	spBM	KF17 [%]	EKF	Phasin [mg/g]
493	SB	PHA 302	GRC	LS	263	k.A.	k.A.	76.19	6.99	5.32
497	SB	PHA 12973	k.A.	ZS	267	90.25	3.50	0.00	0.00	0.03
500	SB	PHA 1400	POL	LS	268	64.75	3.00	61.11	4.91	4.24
501	SB	PHA 13150	k.A.	ZS	270	65.50	3.25	25.00	1.77	0.28
505	SB	PHA 881	DEU	ZS	275	56.75	2.00	75.00	6.24	6.37
506	SB	PHA 12933	k.A.	k.A.	275	63.75	1.75	100.00	8.41	5.50
508	SB	PHA 12227	k.A.	ZS	279	56.00	2.25	100.00	10.44	5.66
511	SB	PHA 187	TUR	LS	282	79.50	3.50	17.36	1.13	0.76
512	SB	PHA 12139	SUN	LS	282	61.00	2.00	87.50	7.03	5.74
514	SB	PHA 12649	k.A.	ZS	284	81.50	4.75	55.00	4.60	35.31
515	SB	PHA 3845	PRK	LS	284	101.50	6.25	46.25	3.49	35.00
517	SB	PHA 7611	k.A.	ZS	290	55.25	3.00	33.04	2.43	0.96
519	SB	PHA 184	TUR	LS	292	86.50	5.00	16.11	1.25	0.16
520	SB	PHA 12687	k.A.	ZS	292	59.50	2.25	53.57	5.28	4.81
521	SB	PHA 12603	TUN	WP	293	72.50	4.00	54.76	4.57	0.06
523	SB	PHA 12111	IRN	k.A.	294	81.25	4.50	47.92	3.30	0.37
525	SB	PHA 12326	IRN	LS	295	83.00	4.50	81.25	7.31	0.05
526	SB	PHA 7323	POL	LS	296	60.50	2.00	100.00	10.45	5.45
528	SB	PHA 3320	ITA	LS	296	54.25	2.00	10.00	0.79	6.65
529	SB	PHA 323	BGR	LS	296	67.50	2.50	52.78	4.45	3.72
531	SB	PHA 12620	TUR	ZS	296	65.50	3.50	87.50	10.37	3.85
533	SB	PHA 922	k.A.	ZS	297	57.50	1.75	100.00	10.56	0.53
534	SB	PHA 365	ITA	LS	297	70.00	3.00	0.00	0.00	2.66
536	SB	PHA 12224	DEU	ZS	298	50.25	1.00	90.00	7.21	3.01
538	SB	PHA 12158	DEU	ZS	300	58.50	1.25	87.50	6.99	7.35
539	SB	PHA 13159	CHN	LS	300	61.25	1.50	0.00	0.00	5.50
541	SB	PHA 12710	DEU	LS	302	57.75	1.50	95.00	9.09	7.62
542	SB	PHA 12761	DEU	LS	302	61.25	1.25	22.62	2.07	0.00
543	SB	PHA 12144	NLD	ZS	302	59.50	2.25	18.75	1.44	4.22

Fortsetzung Tabelle 40.

Akzession	Wuchstyp	IPK-Nr. ¹	Herkunft	Status ²	TKG [g]	BIBeg [TnA]	spBM	KF17 [%]	EKF	Phasin [mg/g]
544	SB	PHA 309	GRC	LS	303	69.00	2.50	25.00	1.99	0.38
545	SB	PHA 12153	SUN	ZS	304	56.00	2.00	81.25	7.29	4.52
546	SB	PHA 12146	DEU	ZS	305	61.75	2.25	100.00	8.87	0.00
551	SB	PHA 5325	ITA	LS	310	70.75	2.25	8.33	0.49	4.22
552	SB	PHA 12000	k.A.	ZS	310	55.25	2.00	81.25	8.97	5.36
553	SB	PHA 759	BGR	LS	310	58.75	1.25	40.00	3.59	20.00
555	SB	PHA 7254	ITA	LS	311	62.25	2.75	27.78	2.32	0.01
556	SB	PHA 12014	DEU	ZS	311	63.00	1.75	41.67	3.14	4.76
557	SB	PHA 843	k.A.	ZS	312	76.00	4.00	50.00	4.71	0.09
558	SB	PHA 7320	POL	LS	312	53.25	1.25	100.00	9.23	4.02
559	SB	PHA 859	CHN	LS	313	66.75	1.25	31.11	3.11	5.55
560	SB	PHA 12130	DEU	ZS	314	53.50	1.00	92.86	8.97	0.04
561	SB	PHA 12387	IRN	LS	314	83.75	5.00	100.00	10.24	0.00
562	SB	PHA 12087	IRN	LS	315	81.50	5.00	70.00	5.20	0.02
563	SB	PHA 12180	SUN	ZS	315	80.00	2.25	88.19	8.05	5.79
564	SB	PHA 529	BGR	LS	318	69.25	3.25	21.43	1.98	6.45
566	SB	PHA 3556	PRK	LS	320	84.75	4.25	76.25	5.30	25.00
568	SB	PHA 12563	DEU	LS	321	64.75	2.25	72.22	5.44	22.00
569	SB	PHA 7224	ITA	LS	322	55.25	3.00	76.25	6.79	4.77
571	SB	PHA 13165	k.A.	ZS	323	63.00	1.50	0.00	0.00	0.24
573	SB	PHA 182	GRC	LS	327	76.75	3.00	57.78	4.51	2.74
575	SB	PHA 3652	AUT	LS	329	64.50	2.75	67.46	5.21	5.29
577	SB	PHA 2605	AUT	LS	332	60.50	3.00	55.56	6.16	6.38
580	SB	PHA 12470	DEU	LS	335	57.50	2.75	41.07	3.03	4.76
581	SB	PHA 7322	POL	LS	335	57.75	3.00	100.00	9.37	6.56
585	SB	PHA 12162	DEU	ZS	338	58.75	2.00	81.25	6.43	5.84
588	SB	PHA 6998	ITA	LS	339	55.25	2.00	80.00	6.04	4.52
589	SB	PHA 12924	DEU	ZS	340	56.75	1.75	100.00	10.10	k.A.
590	SB	PHA 99	GRC	LS	340	64.00	3.25	33.93	2.52	k.A.

Fortsetzung Tabelle 40.

Akzession	Wuchstyp	IPK-Nr. ¹	Herkunft	Status ²	TKG [g]	BiBeg [TnA]	spBM	KF17 [%]	EKF	Phasin [mg/g]
591	SB	PHA 3709	ITA	LS	340	79.75	3.50	0.00	0.00	k.A.
592	SB	PHA 4435	DEU	LS	341	60.50	1.00	22.50	2.63	k.A.
593	SB	PHA 880	k.A.	ZS	341	59.50	1.25	100.00	8.68	k.A.
594	SB	PHA 13179	k.A.	ZS	343	55.00	1.25	100.00	8.90	k.A.
595	SB	PHA 1772	SVK	LS	343	50.25	1.25	14.29	1.13	k.A.
596	SB	PHA 12128	DEU	ZS	343	63.00	1.75	100.00	9.14	k.A.
597	SB	PHA 386	k.A.	ZS	344	55.00	1.00	100.00	8.16	k.A.
598	SB	PHA 201	DEU	ZS	344	56.00	1.25	88.89	7.12	k.A.
599	SB	PHA 7321	POL	LS	345	59.25	2.25	95.00	7.78	k.A.
600	SB	PHA 132	TUR	LS	345	55.25	1.75	36.11	3.08	k.A.
601	SB	PHA 154	GRC	LS	345	58.75	1.75	0.00	0.00	k.A.
602	SB	PHA 12202	SUN	ZS	347	75.00	2.75	0.00	0.00	k.A.
603	SB	PHA 848	k.A.	ZS	347	52.50	1.75	65.00	4.69	k.A.
604	SB	PHA 12930	ITA	LS	347	80.50	3.50	0.00	0.00	k.A.
605	SB	PHA 7524	ITA	LS	347	63.00	2.50	21.43	1.81	k.A.
607	SB	PHA 3643	AUT	LS	348	58.50	2.00	80.00	6.68	k.A.
608	SB	PHA 12680	DEU	ZS	348	70.75	2.50	46.67	3.64	k.A.
610	SB	PHA 12806	DEU	LS	350	62.25	3.25	31.11	2.10	k.A.
612	SB	PHA 12939	BGR	LS	351	57.00	1.50	28.47	2.35	k.A.
615	SB	PHA 3634	AUT	LS	352	68.25	4.25	83.33	6.75	k.A.
616	SB	PHA 12040	DEU	ZS	353	63.75	2.25	50.00	4.67	k.A.
618	SB	PHA 1448	SVK	LS	354	58.00	1.75	35.56	3.03	k.A.
619	SB	PHA 946	k.A.	LS	355	67.25	2.00	25.00	1.95	k.A.
620	SB	PHA 12545	DEU	ZS	355	66.50	2.50	95.00	9.52	k.A.
621	SB	PHA 911	DEU	ZS	356	63.00	3.50	61.11	4.19	k.A.
622	SB	PHA 760	BGR	LS	357	57.50	1.00	36.67	2.49	k.A.
625	SB	PHA 7226	ITA	LS	361	57.00	1.50	0.00	0.00	k.A.
627	SB	PHA 3846	PRK	LS	362	106.33	6.00	18.75	1.33	k.A.
629	SB	PHA 12281	DEU	ZS	364	61.50	2.00	93.75	8.94	k.A.

Fortsetzung Tabelle 40.

Akzession	Wuchstyp	IPK-Nr. ¹	Herkunft	Status ²	TKG [g]	BiBeg [TnA]	spBM	KF17 [%]	EKF	Phasin [mg/g]
630	SB	PHA 135	TUR	LS	365	61.00	1.50	14.29	1.13	k.A.
631	SB	PHA 12525	DEU	ZS	366	64.00	1.75	85.00	6.46	k.A.
632	SB	PHA 12990	k.A.	ZS	366	61.25	2.50	88.89	6.65	k.A.
633	SB	PHA 12964	DEU	ZS	366	57.75	2.75	88.89	7.31	k.A.
636	SB	PHA 1250	DEU	ZS	367	79.50	4.00	85.00	6.18	k.A.
639	SB	PHA 12932	k.A.	ZS	368	60.50	1.25	44.44	3.77	k.A.
641	SB	PHA 3557	PRK	LS	370	57.50	4.00	31.25	2.21	k.A.
642	SB	PHA 12996	k.A.	ZS	370	68.25	4.75	100.00	9.20	k.A.
643	SB	PHA 12119	SUN	LS	370	53.50	1.00	5.56	0.56	k.A.
648	SB	PHA 342	k.A.	ZS	374	56.75	1.25	85.00	8.22	k.A.
650	SB	PHA 892	DEU	ZS	374	61.50	2.25	100.00	8.97	k.A.
651	SB	PHA 12002	DEU	ZS	375	62.75	1.50	95.00	7.15	k.A.
652	SB	PHA 12956	k.A.	LS	376	65.50	2.50	14.58	1.46	k.A.
653	SB	PHA 13176	k.A.	k.A.	377	59.25	1.25	100.00	8.09	k.A.
654	SB	PHA 865	ITA	LS	378	55.25	1.75	100.00	9.47	k.A.
655	SB	PHA 12154	DEU	ZS	379	51.75	1.75	90.00	7.94	k.A.
656	SB	PHA 333	DEU	ZS	379	56.75	2.00	80.00	6.87	k.A.
661	SB	PHA 13226	k.A.	ZS	382	52.50	1.50	85.71	7.37	k.A.
664	SB	PHA 12655	TUR	LS	383	102.50	6.25	0.00	0.00	k.A.
665	SB	PHA 12230	DEU	LS	384	k.A.	k.A.	49.31	3.61	k.A.
666	SB	PHA 12155	DEU	ZS	384	65.50	2.00	100.00	9.69	k.A.
667	SB	PHA 13531	USA	ZS	385	60.50	1.50	0.00	0.00	k.A.
668	SB	PHA 12672	TUR	ZS	386	78.00	4.25	0.00	0.00	k.A.
669	SB	PHA 3844	PRK	LS	387	99.75	5.75	0.00	0.00	k.A.
670	SB	PHA 12675	TUR	ZS	387	84.00	4.50	0.00	0.00	k.A.
671	SB	PHA 12129	DEU	ZS	387	60.25	1.25	83.33	7.70	k.A.
672	SB	PHA 13030	k.A.	ZS	388	54.00	1.75	100.00	10.27	k.A.
673	SB	PHA 12817	DEU	LS	389	65.75	2.00	35.42	2.88	k.A.
675	SB	PHA 6514	k.A.	ZS	390	61.25	3.00	100.00	9.27	k.A.

Fortsetzung Tabelle 40.

Akzession	Wuchstyp	IPK-Nr. ¹	Herkunft	Status ²	TKG [g]	BIBeg [TnA]	spBM	KF17 [%]	EKF	Phasin [mg/g]
676	SB	PHA 12013	DEU	LS	391	64.75	3.00	15.00	0.97	k.A.
677	SB	PHA 3604	HUN	ZS	392	61.25	3.75	26.98	2.01	k.A.
678	SB	PHA 894	SUN	ZS	392	60.50	2.25	100.00	9.23	k.A.
679	SB	PHA 12114	SUN	LS	393	53.25	1.00	0.00	0.00	k.A.
680	SB	PHA 12391	IRN	LS	393	86.50	3.25	20.83	1.38	k.A.
681	SB	PHA 3579	PRK	LS	394	85.00	5.25	37.50	2.88	k.A.
683	SB	PHA 1410	POL	LS	398	77.00	4.25	5.00	0.29	k.A.
684	SB	PHA 12459	DEU	ZS	398	64.00	1.75	60.00	4.48	k.A.
686	SB	PHA 12022	DEU	LS	404	64.75	2.25	47.92	3.63	k.A.
687	SB	PHA 12466	DEU	ZS	405	56.75	1.00	100.00	8.72	k.A.
688	SB	PHA 12537	DEU	ZS	406	66.50	1.50	100.00	9.88	k.A.
690	SB	PHA 12456	k.A.	LS	422	61.25	1.25	45.83	3.72	k.A.
691	SB	PHA 12157	DEU	ZS	433	61.25	2.00	100.00	9.67	k.A.
692	SB	PHA 12451	DEU	ZS	444	56.75	1.00	100.00	8.85	k.A.
693	SB	PHA 12613	TUR	ZS	447	70.75	4.75	55.00	4.42	k.A.
694	SB	PHA 12822	DEU	LS	463	k.A.	k.A.	88.75	7.43	k.A.
696	SB	PHA 12645	TUR	ZS	502	68.25	4.25	87.50	7.65	k.A.
SAT510	SB	k.A.	k.A.	k.A.	398	84.00	5.00	0.00	0.00	k.A.
SAT511	SB	k.A.	k.A.	k.A.	378	84.75	5.50	0.00	0.00	k.A.
SAT513	SB	k.A.	k.A.	k.A.	457	94.50	5.25	0.00	0.00	k.A.
SAT514	SB	k.A.	k.A.	k.A.	584	80.50	6.00	0.00	0.00	k.A.
SAT515	SB	k.A.	k.A.	k.A.	591	82.00	4.75	5.56	0.43	k.A.
SAT516	SB	k.A.	k.A.	k.A.	465	78.75	5.25	0.00	0.00	k.A.
SAT517	SB	k.A.	k.A.	k.A.	513	100.75	5.00	5.56	0.43	k.A.
SAT518	SB	k.A.	k.A.	k.A.	574	91.00	3.25	20.83	1.79	k.A.
SAT519	SB	k.A.	k.A.	k.A.	355	84.75	4.00	0.00	0.00	k.A.
SAT520	SB	k.A.	k.A.	k.A.	503	76.25	5.25	15.56	1.33	k.A.
SAT521	SB	k.A.	k.A.	k.A.	725	92.00	4.50	0.00	0.00	k.A.
SAT522	SB	k.A.	k.A.	k.A.	422	77.75	4.25	0.00	0.00	k.A.

Fortsetzung Tabelle 40.

Akzession	Wuchstyp	IPK-Nr. ¹	Herkunft	Status ²	TKG [g]	BlBEG [TnA]	spBM	KF17 [%]	EKF	Phasin [mg/g]
SAT523	SB	k.A.	k.A.	k.A.	220	60.25	1.75	64.29	4.95	k.A.
SAT524	SB	k.A.	k.A.	k.A.	249	66.50	5.25	0.00	0.00	k.A.
SAT525	SB	k.A.	k.A.	k.A.	239	67.25	3.75	16.67	1.41	k.A.
SAT526	SB	k.A.	k.A.	k.A.	220	70.75	4.75	32.50	3.25	k.A.
SAT527	SB	k.A.	k.A.	k.A.	240	k.A.	k.A.	0.00	0.00	k.A.
SAT531	SB	k.A.	k.A.	k.A.	267	73.75	4.75	6.25	0.63	k.A.
SAT532	SB	k.A.	k.A.	k.A.	222	87.50	5.25	5.00	0.29	k.A.
SAT533	SB	k.A.	k.A.	k.A.	249	96.25	5.75	62.78	4.73	k.A.
SAT534	SB	k.A.	k.A.	k.A.	272	84.00	4.00	14.29	1.13	k.A.
SAT535	SB	k.A.	k.A.	k.A.	210	86.67	5.00	94.44	7.75	k.A.
SAT536	SB	k.A.	k.A.	k.A.	285	80.50	4.50	15.56	1.01	k.A.
SAT537	SB	k.A.	k.A.	k.A.	355	66.00	5.25	57.22	3.83	k.A.
SAT538	SB	k.A.	k.A.	k.A.	308	94.50	5.00	5.00	0.29	k.A.
SAT539	SB	k.A.	k.A.	k.A.	280	81.25	3.25	50.00	3.74	k.A.
WAV512	SB	k.A.	k.A.	k.A.	185	81.50	3.25	0.00	0.00	k.A.

¹ Bezeichnung der Akzession in der Datenbank der Genbank des IPKs in Gatersleben, ² Biostatus laut Datenbank der Genbank des IPKs in Gatersleben, TKG = Tausendkorngewicht, BlBEG = Blühbeginn in Tagen nach Aussaat, spBM = späte Biomassebonitur, KF17 = Keimfähigkeit nach 17 Tagen unter suboptimalen Temperaturen, EKF = Entwicklung der Keimfähigkeit unter suboptimalen Temperaturen, BB = Buschbohne, RB = Reiserbohne, SB = Stangenbohne, k.A. = keine Angabe, WP = Wildpflanze, LS = Landsorte, ZS = Zuchtsorte

Tabelle 41: Ergebnisse der Varianzanalyse für die im Feld erhobenen Merkmale der Stangenbohnenakzessionen.

Merkmal	Varianzursache	FG	MQ	VarK	GD
Rankbeginn (TnA)	Akzession (A)	172	120.52	27.49**	4.52
	Ort (O)	1	9827.55	28.37**	0.49
	Wdh. (W) : O	2	156.11	0.84**	0.69
	A x O	172	13.80	1.62*	6.39
	Rest	343	10.57	10.57	
	Heritabilität		91.23		
Blühbeginn (TnA)	Akzession (A)	172	622.16	145.12**	8.98
	Ort (O)	1	4.05	-0.11	0.97
	Wdh. (W) : O	2	121.87	0.46+	1.37
	A x O	172	74.77	16.54**	12.70
	Rest	343	41.69	41.69	
	Heritabilität		93.30		
Frühe Biomasse	Akzession (A)	172	1.08	0.14**	0.99
	Ort (O)	1	10.44	0.03**	0.11
	Wdh. (W) : O	2	0.92	0.00	0.15
	A x O	172	0.73	0.11**	1.40
	Rest	343	0.51	0.51	
	Heritabilität		52.81		
Mittlere Biomasse	Akzession (A)	172	3.07	0.64**	0.98
	Ort (O)	1	172.00	0.50**	0.11
	Wdh. (W) : O	2	6.19	0.03**	0.15
	A x O	172	0.89	0.20**	1.38
	Rest	343	0.49	0.49	
	Heritabilität		83.91		
Späte Biomasse	Akzession (A)	172	7.92	1.80**	1.17
	Ort (O)	1	256.13	0.74**	0.13
	Wdh. (W) : O	2	10.46	0.06**	0.18
	A x O	172	1.25	0.27**	1.65
	Rest	343	0.71	0.71	
	Heritabilität		91.10		

FG = Freiheitsgrade, MQ = mittlere Abweichungsquadrate, VarK = Varianzkomponente, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit

Tabelle 42: Beschreibung der fünf SNP-Marker mit den niedrigsten p-Werten für die Bestimmung der Frosttoleranz im Primärblattstadium in der Klimakammer.

Boniturzeitpunkt	SNP-Code	Chromosom	SNP-Position	p-Wert	FDR-adjustierter p-Wert	R ²	MAF
Nach der ersten Frostnacht	sc01460ln75814_46420_A_C_354569409	5	4808704	0.0033	0.991	0.053	0.456
	sc00067ln694271_187824_A_G_69353082	7	2914466	0.0059	0.991	0.046	0.347
	sc00354ln290230_127635_A_C_193733530	4	4274980	0.0062	0.991	0.046	0.241
	sc00113ln562714_309950_G_A_98598294	2	46801205	0.0070	0.991	0.044	0.456
	sc00183ln440474_257652_A_G_133658601	2	26348840	0.0075	0.991	0.043	0.206
Nach der zweiten Frostnacht	sc00183ln440474_257652_A_G_133658601	2	26348840	8.3 x 10 ⁻⁴	0.986	0.061	0.206
	sc00360ln288358_36619_C_T_195380219	2	24924526	0.0025	0.986	0.050	0.224
	sc00814ln144697_131609_C_T_286720441	9	22298435	0.0030	0.986	0.048	0.276
	sc00025ln963649_125755_A_C_35583957	2	44920602	0.0036	0.986	0.046	0.171
	sc00005ln1829281_1482380_G_A_9884564	11	1573240	0.0044	0.986	0.044	0.285
Nach der dritten Frostnacht	sc04131ln13120_11363_G_A_445182807	8	46032207	0.0012	0.708	0.053	0.372
	sc00093ln620690_609086_A_G_86995569	7	44456344	0.0012	0.708	0.053	0.291
	sc00262ln351368_262808_G_T_164462029	7	43918414	0.0013	0.708	0.052	0.270
	sc00394ln266395_95537_T_C_204849189	7	44344539	0.0014	0.708	0.052	0.294
	sc00012ln1449677_1384217_G_T_21450082	6	28640644	0.0021	0.866	0.048	0.326

R² = Phänotypische Varianz, die durch den Marker erklärt wird, MAF = *Minor Allele Frequency*

8 Danksagung

In erster Linie danke ich Prof. Heiko Becker für die großartige Betreuung während meiner gesamten Zeit als Doktorand. Er hatte einen maßgeblichen Anteil daran, dass mir meine Zeit in Göttingen immer in bester Erinnerung bleiben wird. Prof. Gunter Backes danke ich für die Übernahme des Korreferates sowie für seine Kommentare zur Durchführung der Assoziationsanalyse.

Ganz besonderen Dank gebührt Dr. Walter Schmidt, der als geistiger Vater des Mais/Stangenbohnen-Anbaus in Deutschland mein Projekt überhaupt erst möglich machte. Außerdem prägte er maßgeblich die Gestaltung meiner Feldversuche und teilte stets gern sein enormes Wissen über Mais und Stangenbohnen mit mir. Friedemann Ebner von der Sativa Rheinau AG danke ich für die fundierte Beratung in Sachen Stangenbohnen sowie für die sorgfältige Vermehrung meiner Bohnensorten. Thomas Meyer-Lüpken danke ich für seine Beratung bezüglich der Züchtung von Bohnen sowie für Beizmittel. Dem Team der KWS SAAT SE danke ich für die Maisaussaat und -ernte.

Dietrich Kaufmann danke ich für die tolle und stets verlässliche Betreuung meiner Feldversuche sowie für die enorme Hilfe beim Ernten meiner Versuchspartzen. Dirk Hunold danke ich für die allseits gute Planung der Arbeitskräfte und der Versuchsdurchführung. Ulrike Hill danke ich ebenfalls für die Unterstützung in der Durchführung meiner Versuche. Regina Martsch gebührt gleichfalls Dank für die Hilfe zur Bedienung der Klimakammer sowie für ihre konstruktiven Anmerkungen zur Versuchsdurchführung.

All meinen Erntehelfern, insbesondere Lena Frank, Max Brandes, Matthias Kellner und Torben Füllgrabe danke ich für die auf sich genommenen Strapazen während der Bohnenernte. Matthias Kellner danke ich außerdem für die sorgfältige Durchführung der Versuche zur Frosttoleranz.

All meinen lieben Mitdoktoranden; besonders Daniel, Jan, Nils, Mareile, Luisa, Michael, Eva, Rebecca, Ariana und Rahul danke ich für die unvergessliche Zeit in Göttingen: für drei tolle Jahre, drei super Exkursionen und allseits Spaß bei der Arbeit. Auch allen anderen Mitarbeitern unserer Abteilung gebührt Dank dafür.

Der Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe (FNR) sowie der H. Wilhelm Schaumann Stiftung danke ich vielmals für die finanzielle Förderung.

Meiner Freundin Ulrike danke ich abschließend ganz besonders für die moralische Unterstützung während meiner gesamten Promotionszeit sowie für die Erholung vom Arbeitsalltag im Berliner Großstadtleben. Meinen Eltern sowie Monique und Roman danke ich für die stetige Unterstützung in allen Belangen – meinen Eltern auch dafür, dass sie ihren Sohn fast zehn Jahre lang haben studieren lassen.

Euch allen vielen Dank!

9 Erklärungen

1. Hiermit erkläre ich, dass diese Arbeit weder in gleicher noch in ähnlicher Form bereits anderen Prüfungsbehörden vorgelegen hat.

Weiter erkläre ich, dass ich mich an keiner anderen Hochschule um einen Doktorgrad beworben habe.

Göttingen, den 17.05.2018

(Mathias Starke)

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

Göttingen, den 17.05.2018

(Mathias Starke)

10 Lebenslauf

Persönliche Daten

Name	Mathias Starke	Kontakt:	mathias.starke@gmx.de
Geburtsdatum	04.08.1988		
Geburtsort	Meißen		

Praktische Erfahrungen

05/2015-07/2018	Wissenschaftlicher Mitarbeiter am Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung Pflanzenzüchtung, der Georg-August-Universität Göttingen
07/2014-10/2014 10/2013-02/2014	Anstellung als wissenschaftliche Hilfskraft im Projekt „ <i>BARLEY-NAM: Locating exotic genes that control agronomic traits under stress in a wild barley nested association mapping (NAM) population</i> (Europäische Verbundforschung gefördert durch ERA-NET, ERA-CAPS)“
08/2010-09/2010	Praktikum in der Abteilung Vollzug Agrarrecht und Förderung im Sächsischen Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie (LfULG), Außenstelle Großenhain
08/2009-09/2009	Praktikum in der Abteilung Pflanzenbau der Kmehlener Agrarprodukte GmbH
06/2008-07/2008	Praktikum in der Abteilung Pflanzenbau sowie in der Geschäftsleitung der Agrarunternehmen Lommatzcher Pflege e.G.

Schulische Ausbildung und Studium

04/2012-02/2015	Studium der Agrarwissenschaften an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Fachrichtung Agrarische Landnutzung, Abschluss mit dem <i>Master of Science</i>
02/2013-07/2013	Auslandssemester an der <i>Czech University of Life Sciences Prague (CULS)</i> im Masterstudiengang <i>Natural Resources and Environment</i>
08/2008-03/2012	Studium der Agrarwissenschaften an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Abschluss mit dem <i>Bachelor of Science</i>
08/1999-07/2007	Besuch des Franziskaner-Gymnasiums Meißen, Abschluss mit dem Abitur

Sprachkenntnisse

Englisch	Fließend in Wort und Schrift
Französisch	Gute Kenntnisse
Spanisch	Gute Kenntnisse

Weitere Kenntnisse

MS Office	Sehr gute Kenntnisse
R, TASSEL, Plabstat	Sehr gute Kenntnisse
Führerschein	Klasse B und T