

## Entwicklung von Maissorten für den Ökologischen Landbau (Arbeitspakete 2 - 4)

Development of maize varieties for organic farming

FKZ: 10OE074, 10OE108

**Projektkoordination:**

Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften,  
Abteilung Pflanzenzüchtung

Von-Siebold-Straße 8, 37075 Göttingen

Tel.: +49 551 39-4362

Fax: +49 551 39-4601

E-Mail: [hbecker1@gwdg.de](mailto:hbecker1@gwdg.de)

Internet: [www.uni-goettingen.de/de/48115.html](http://www.uni-goettingen.de/de/48115.html)

**Autoren:**

Becker, Heiko; Stever, Mareile

Gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft.

Die inhaltliche Verantwortung für den vorliegenden Abschlussbericht inkl. aller erarbeiteten Ergebnisse und der daraus abgeleiteten Schlussfolgerungen liegt beim Autor / der Autorin / dem Autorenteam. Bis zum formellen Abschluss des Projektes in der Geschäftsstelle Bundesprogramm Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft können sich noch Änderungen ergeben.

<b>Zuwendungsempfänger:</b> Georg-August-Universität Göttingen KWS Saat SE Einbeck	<b>Förderkennzeichen:</b> 10OE074 10OE107
<b>Vorhabenbezeichnung:</b> Entwicklung von Maissorten für den Ökologischen Landbau	
<b>Laufzeit des Vorhabens:</b> 14.04.2011 – 31.12.2015	
<b>Berichtszeitraum:</b> 14.04.2011 – 31.12.2015	

## Schlussbericht

### **Arbeitspaket 2** **Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit hoher Unkrauttoleranz**

### **Arbeitspaket 3** **Blühbiologische Untersuchungen zur Optimierung der Entwicklung offen abblühender Maissorten für den Ökologischen Landbau**

### **Arbeitspaket 4** **Dissemination der im Projekt gewonnenen Erkenntnisse**

**Projektleitung:** Prof. Dr. Heiko Becker, wiss. Mitarbeiterin Mareile Stever  
Georg-August-Universität Göttingen, Department für  
Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung Pflanzenzüchtung;  
Von-Siebold-Str. 8, 37075 Göttingen;  
Tel.: 0551 / 39-4381 (Sekretariat: -4362), E-Mail: [hbecker1@gwdg.de](mailto:hbecker1@gwdg.de)

## Inhaltsverzeichnis

Inhaltsverzeichnis .....	2
Abkürzungsverzeichnis .....	4
1. Einführung .....	5
1.1 Gegenstand des Vorhabens.....	5
1.2 Ziele und Aufgabenstellung des Projekts, Bezug des Vorhabens zu den einschlägigen Zielen des BÖLN oder zu konkreten Bekanntmachungen und Ausschreibungen. ....	5
1.3 Planung und Ablauf des Projektes.....	6
AP2: „Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit optimaler Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut“ .....	6
AP3: „Blühbiologische Untersuchungen zur Optimierung der Entwicklung offen abblühender Maissorten für den Ökologischen Landbau“ .....	7
2. Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde.....	7
AP2: „Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit optimaler Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut“ .....	7
AP3: Blühbiologische Untersuchungen zur Optimierung der Entwicklung offen abblühender Maissorten für den Ökologischen Landbau.....	8
3. Material und Methoden .....	9
AP2: „Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit optimaler Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut“ .....	9
Versuchsaufbau .....	9
Versuchsanlage.....	9
Pflanzenmaterial.....	13
Erfasste Merkmale.....	16
Statistische Auswertung.....	19
Selektion .....	24
AP3: „Blühbiologische Untersuchungen zur Optimierung der Entwicklung offen abblühender Maissorten für den Ökologischen Landbau“ .....	24
Pflanzenmaterial.....	24
Feldversuche.....	27

Markeranalysen.....	32
Statistische Auswertung.....	32
4. Ergebnisse.....	36
AP2: „Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit optimaler Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut“ .....	36
Versuchsjahr 2011.....	36
Versuchsjahr 2012.....	48
Versuchsjahr 2013.....	59
AP3: „Blühbiologische Untersuchungen zur Optimierung der Entwicklung offen abblühender Maissorten für den Ökologischen Landbau“ .....	63
Untersuchungen zum Blühintervall an 54 Hybriden im Jahr 2011.....	63
Selbstbefruchtungsrate in den offen abgeblühten und entfahnten Populationsvarianten .....	65
Leistungsrückgang nach Selbstbefruchtung.....	68
5. Diskussion der Ergebnisse .....	70
AP2: „Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit optimaler Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut“ .....	70
Bemerkungen zur Untersaat und zur Anlage der Feldversuche .....	70
Fehlstellen und Ertragskorrektur.....	71
Korntrockenmasseertrag und Korntrockensubstanz .....	72
Untersaat und Unkrautbesatz als Merkmal .....	72
Chlorophyllgehalt und Jugendentwicklung .....	73
Bewertung der Unkrautsimulation durch Untersaat .....	74
Schlussfolgerungen.....	75
AP3: „Blühbiologische Untersuchungen zur Optimierung der Entwicklung offen abblühender Maissorten für den Ökologischen Landbau“ .....	76
Schlussfolgerungen.....	77
6. Angaben zum voraussichtlichen Nutzen und zur Verwertbarkeit der Ergebnisse. ....	78
7. Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen; Hinweise auf weiterführende Fragestellungen.....	79

8. Zusammenfassung.....	80
9. Literaturverzeichnis.....	82
10. Übersicht über alle im Berichtszeitraum vom Projektnehmer realisierten Veröffentlichungen zum Projekt (Printmedien, Newsletter usw.), bisherige und geplante Aktivitäten zur Verbreitung der Ergebnisse.....	85

## Abkürzungsverzeichnis

BI	Blühintervall (Tage), zeitliche Differenz zwischen männlicher und weiblicher Blüte des Mais
GZPK	Getreidezüchtung Peter Kunz
KFM	Kornfrischmasse in kg/9m <sup>2</sup> (Parzelle = 9m <sup>2</sup> )
KTM	Korntrockenmasse (dt/ha) für einen KTS von 86% gerechnet und korrigiert für fehlende Pflanzen in der Parzelle
KTM86%	Korntrockenmasse (dt/ha) für einen KTS von 86% gerechnet
KTS	Korntrockensubstanz (%)
Pop1	Population 1
Pop2	Population 2
Pop3	Population 3
S1	Nachkommenschaft aus Selbstbefruchtung
WH	Wuchshöhe

# 1. Einführung

## 1.1 Gegenstand des Vorhabens

Ziel des vorliegenden Projektes ist es Mais für den Anbau im ökologischen Landbau anzupassen. Im AP2: „Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit hoher Unkrauttoleranz“ sollen Hybriden entwickelt werden, die den speziellen Ansprüchen des Ökolandbaus an die Konkurrenzkraft gegenüber Unkräutern genügen, während im AP 3: „Blühbiologische Untersuchungen zur Optimierung der Entwicklung offen abblühender Maissorten für den Ökologischen Landbau“ der Einfluss des Blühintervalls auf die Selbstungsrate und damit die Inzuchtdepression in den Populationen untersucht werden soll. Die Inzuchtrate soll zum Einen durch den Ertragsvergleich einer offen-abblühenden und einer entfalteten Variante der Population ermittelt werden, und zum Anderen später durch Markeranalysen.

## 1.2 Ziele und Aufgabenstellung des Projekts, Bezug des Vorhabens zu den einschlägigen Zielen des BÖLN oder zu konkreten Bekanntmachungen und Ausschreibungen.

Bekanntmachung Nr. 05/10/51: „Pflanzenzüchtung für den ökologischen Landbau“

Mais spielt bisher im ökologischen Anbau eine weit geringere Rolle als in der konventionellen Landwirtschaft. Gerade für den ökologischen Landbau wären aber sowohl Körner- als auch Silomais als auf dem Hof erzeugtes Futter von großem Interesse. Mais bietet als energiereiche Pflanze eine ideale Ergänzung zum proteinreichen Futter aus Klee gras. Mais bietet zudem als Sommerung und Hackfrucht eine gute Möglichkeit zur Auflockerung der Fruchtfolge und ist im Spätherbst oft der einzige Zufluchtsort von Nützlingen. Körnermais kann vorteilhaft vor allem bei Geflügel (Legehennen und Masttiere) und bei Schweinen (Ferkelaufzucht und Anfangsmast) als Futter eingesetzt werden. Körnermais ist außerdem auch eine interessante Marktfrucht.

Mais ist ein hervorragendes Modell um das Potential einer ökologischen Pflanzenzüchtung zu demonstrieren. Deutlicher als bei jeder anderen Fruchtart konnte wissenschaftlich belegt werden, dass die gezielte Sortenentwicklung unter ökologischen Anbaubedingungen zu anderen Genotypen führt als ein konventionell durchgeführtes Zuchtprogramm. Daher hat die KWS ein eigenes Maiszuchtprogramm für den Ökolandbau etabliert. Als neuer Aspekt sollte dabei die züchterische Erhöhung der Unkrauttoleranz, als eines der wichtigsten ökospezifischen Merkmale, gezielt bearbeitet werden. Durch die Einsaat einer unkrautsimulierenden Untersaat aus Winterroggen (*Secale cereale*), Wegwarte (*Cichorium intybus*, Sorte „Grasslands Puna“) und Buchweizen (*Fagopyrum esculentum*) sollte ein gleichmäßiger Unkrautselektionsdruck erzeugt werden, unter dem unkrauttolerante Hybriden selektiert werden können. Als unkrauttolerant wurden Genotypen definiert, die trotz Untersaat einen hohen Ertrag zeigen. Zum Vergleich sollten die Versuche zusätzlich ohne Untersaat durchgeführt werden.

→ AP2: „Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit optimaler Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut“.

Bei den heute in Deutschland angebauten Maissorten handelt es sich ausschließlich um Hybridsorten. Der Anbau von Hybridsorten wird im Ökolandbau kontrovers diskutiert und teilweise abgelehnt, vor allem weil sie nicht nachbaufähig sind. Dies trägt zur geringen Bedeutung von Mais im Ökolandbau bei. Daher hat die

Getreidezüchtung Peter Kunz (GZPK) begonnen, offen abblühende Populationsorten ausgehend von aktuellen Hybridsorten zu entwickeln, die alten Landsorten und Populationen im Ertrag deutlich überlegen sind. Es ist aber nicht geklärt, ob bei modernen Hybriden das Blühintervall (BI) verkürzt ist und es somit zu Selbstbefruchtung und einem Ertragsrückgang in der Population kommen kann. Untersuchungen zum BI, zur Selbstbefruchtungsrate und zum Ertragsrückgang nach Selbstbefruchtung sollen durchgeführt werden.

→ **AP 3: „Blühbiologische Untersuchungen zur Optimierung der Entwicklung offen abblühender Maissorten für den Ökologischen Landbau“.**

Der Bezug zum Bundesprogramm Ökologischer Landbau liegt darin, dass der Mais für viele ökologisch wirtschaftende Betriebe eine neue Fruchtart sein kann und zur Erweiterung der Fruchtfolge beiträgt. Das Sortenspektrum von Mais wird erweitert durch speziell für den ökologischen Anbau geeignete Hybrid- und offenbestäubte Sorten mit hohem Nährstoffaneignungsvermögen und guter Unkrautkonkurrenzfähigkeit. Für einen schnellen Wissenstransfer in die Praxis ist ein eigener Projektteil mit FiBL Deutschland vorgesehen.

→ **AP4: „Dissemination der im Projekt gewonnenen Erkenntnisse“.**

### 1.3 Planung und Ablauf des Projektes

#### **AP2: „Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit optimaler Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut“**

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

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

### **AP3: „Blühbiologische Untersuchungen zur Optimierung der Entwicklung offen abblühender Maissorten für den Ökologischen Landbau“**

Im Jahr 2011 wurde an dem Standort Hombrechtikon, CH der GZPK und dem Reinshof, Göttingen an je 54 Hybriden das Blühintervall bestimmt. Aus diesen 54 Hybriden wurden drei Populationen zusammengestellt. Für Population 1 wurden von der GZPK acht Hybriden, die zur Blüte am besten entwickelt waren, selektiert. Für Population 2 wurden die acht Hybriden mit dem im Mittel über beide Orte kürzesten Blühintervall und für Population 3 die acht Hybriden mit dem im Mittel längsten Blühintervall selektiert. Die Populationen wurden 2012 an mehreren Orten in isolierten Parzellen angebaut. Die Hälfte der Maispflanzen wurde jeweils entfahnt, um Selbstbefruchtung auszuschließen. Die Kolben der entfahnten und der offen abgeblühten Varianten wurden getrennt voneinander geerntet um das Saatgut für 2013 zu gewinnen. In 2013 wurden in Wiebrechtshausen und auf dem Reinshof die Populationen 1-3 jeweils in den Varianten offen abgeblüht und entfahnt in Leistungsprüfungen getestet. Die Versuche wurden zusätzlich im folgenden Jahr noch einmal durchgeführt (unter konventionellen Bedingungen), da die Witterung in 2013 zu so ungleichmäßigen Beständen führte, dass die Versuche nicht auswertbar waren. Im Jahr 2014 wurden von der Firma TraitGenetics Markeranalysen der entfahnten und offen-abgeblühten Variante der Population 1 zur Bestimmung der Selbstbefruchtungsrate durchgeführt. In den Jahren 2012 und 2013 wurden auf dem Reinshof und in Wiebrechtshausen 20 Hybriden und ihre S1-Nachkommenschaft geprüft, um die Ertragsreduktion durch Selbstbefruchtung zu erfassen.

## **2. Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde**

### **AP2: „Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit optimaler Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut“**

Eine gute genetische Anpassung an die Bedingungen des ökologischen Landbaus erfordert vor allem eine gute Keimfähigkeit, eine rasche Jugendentwicklung in Kombination mit einer guten Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut sowie einer gut ausgeprägten Toleranz gegenüber Nährstoff-Defizit-Situationen (Schmidt und Burger 2010). Die Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkräutern ist dabei das am stärksten ökospezifische Merkmal. Der Unkrautdruck variiert stark von Standort zu Standort und von Jahr zu Jahr und tritt außerdem häufig inselartig auf. Aus diesen Gründen ist es schwierig, eine effiziente Selektion durchzuführen. Eine Selektion unter Öko-Bedingungen führt zu Sorten mit hoher allgemeiner Ertragsstabilität (Schmidt und Burger 2010). Es ist aber noch nicht gelungen, zielgerichtet auf hohe Unkrauttoleranz zu züchten, wie dies beispielsweise bei der züchterischen Anpassung von Mais an Stickstoffmangel möglich ist (Presterl et al. 2003).

Sortenunterschiede im Hinblick auf die Unkrautunterdrückung sind z.B. für Weizen (Drews et al. 2002) gut beschrieben. Es gibt jedoch nur sehr wenige entsprechende Untersuchungen bei Mais. Tollenaar et al. (1997) beobachteten, dass eine bereits 1959 zugelassene Maishybride empfindlicher gegenüber Unkrautkonkurrenz reagierte als eine neu zugelassene Hybride, wobei die Ursachen dafür letztlich aber unklar blieben. In anderen Untersuchungen waren die Unterschiede zwischen Maissorten gering (Silva et al. 2010). In der Ökolandbauforschung sind mehrere Methoden zur direkten Erfassung der Unkrauttoleranz beschrieben (Verschwele 1994, Pallutt 2000, Drews et al. 2002, Landwirtschaftskammer Niedersachsen 2009) Diese direkten Methoden der Erfassung der Unkrauttoleranz erfordern in der Regel sehr aufwändige *Species-*

Bestimmungen und –zählungen sowie Deckungsgradschätzungen und Gewichtsbestimmungen des Unkrautaufwuchses.

In Deutschland gibt es seit Kurzem erfolgversprechende Ansätze für eine Züchtung von Öko-Mais (Burger et al. 2008). Zuchtziele sind u.a. eine Verbesserung des Nährstoffaneignungsvermögens und der Unkrautunterdrückung (Schmidt & Burger 2010). Seit 2007 gibt es mit der Bezeichnung KWS 5133 ECO die deutschland- und europaweit erste beim Bundessortenamt eingetragene Öko-Maissorte (Schmidt 2008: Die Ökozüchtung bei KWS mit besonderem Focus aus den Mais. Bioland-Wintertagung, Kloster Plankstetten 11. – 14. Februar 2008).

### **AP3: Blühbiologische Untersuchungen zur Optimierung der Entwicklung offen abblühender Maissorten für den Ökologischen Landbau**

Im Ökolandbau besteht eine Nachfrage für nachbaufähige, genetisch heterogene Populationssorten (Arncken & Dierauer 2005). Die momentan verfügbaren Populationen und Landsorten sind jedoch in ihrem Ertragsniveau den heutigen Hybriden stark unterlegen, da seit Einführung der Mais-Hybridzüchtung, die Populationszüchtung von Mais nicht mehr ausgiebig weiterverfolgt wurde. Es bietet sich an, den Zuchtfortschritt der letzten Jahrzehnte zu nutzen und ökologische Populationssorten ausgehend von modernen Hybridsorten zu entwickeln. Dies erfordert aber neue Züchtungsstrategien.

Mais ist eine protandrische Pflanze bei der die männlichen Blüten vor den weiblichen Blüten heranreifen („Blühintervall“). Dieser Mechanismus verhindert die Selbstbefruchtung in einer offen abblühenden Population: Die Untersuchung von 34 Landsorten aus der Schweiz, Österreich und Deutschland ergab eine zeitliche Differenz zwischen maximaler Pollenschüttung und maximalen Narbenschiebens von 2,3 bis 7,5 Tage, welche ausreicht, um Selbstbefruchtung weitgehend zu verhindern (Eschholz 2008). Die geschätzte Selbstbefruchtungsrate liegt bei ca. 5% (Bannert 2006, Messegueur et al. 2006). Zur Bestimmung der Selbstbefruchtung sind vor allem molekulare Marker sehr geeignet (Warburton et al. 2010).

Die Länge des Blühintervalls (Anthesis Silking Interval, ASI) ist genetisch bedingt und wird von Umweltfaktoren modifiziert: So wird unter Stressbedingungen, wie z.B. Wassermangel oder erhöhter Pflanzendichte, die weibliche Blüte verzögert und das Blühintervall verlängert (Uribelarrea et al. 2002, Pagano et al. 2007). Dies kann bei heterogenen offen abblühenden Sorten durch die Bestäubung von später blühenden Pflanzen kompensiert werden. Bei einem genetisch homogenen Pflanzenbestand, wie z.B. bei Maishybriden, kann die verzögerte weibliche Blüte jedoch zu einem schlechteren Kornansatz führen. Daher wird in der Hybridzüchtung direkt und indirekt auf kurze Blühintervalle selektiert (Vogler 2008).

Aufgrund dieser Tatsache, kann davon aufgegangen werden, dass es bei offenbestäubten Populationen, die aus Hybridsorten entwickelt wurden, zu einer erhöhten spontanen Selbstbefruchtungsrate kommt was wiederum eine Reduktion der Leistung zur Folge hat. Somit stellt sich die Frage, welche Strategien bei der Entwicklung von derartigen Populationssorten verfolgt werden soll, um Leistungseinbußen durch spontane Selbstbefruchtung zu verhindern. Effiziente züchterische Strategien zur Lösung dieses Problems sind bisher nicht bekannt.

Ziel ist es, das Blühverhalten in offen abblühenden Populationen, die aus Hybridsorten entwickelt wurden, zu untersuchen und die spontane Selbstbefruchtungsrate bzw. deren Einfluss auf die Ertragsleistung zu

quantifizieren. Wenn es nennenswerte Selbstbefruchtung gibt, kommen für die Züchtung leistungsfähiger offenbestäubter Sorten zwei Strategien in Betracht: (i) Selektion auf geringe Selbstbefruchtung durch zeitlich versetzte männliche und weibliche Blüte, und/oder (ii) Selektion auf hohe S1 Leistung bzw. geringen S1 Leistungsabfall (und somit geringe Inzuchtdepression) der Ausgangshybriden.

### 3. Material und Methoden

#### AP2: „Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit optimaler Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut“

##### Versuchsaufbau

Ausgehend von 90 Dent und 90 Flint Linien, die ohne und mit Unkraut simulierender Untersaat 2011 und 2012 im Feld getestet wurden, sind in einem zweistufigen Verfahren, wie unter 1.3 Planung und Ablauf des Vorhabens beschrieben, je Variante und Materialgruppe sieben Linien selektiert worden, die nach einer faktoriellen Kreuzung als Experimentalhybriden 2013 getestet wurden (Tab. 1).

**Tab. 1 Versuchsaufbau Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit hoher Unkrauttoleranz**

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

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

##### Versuchsanlage

Die Feldversuche wurden unter ökologischen Bedingungen (VO-EWG 2092/91 bzw. EU-Verordnung 834/2007) durchgeführt. Sie wurden im Jahr 2011 als 10x10 Gitteranlage mit zwei Wiederholungen an zwei Standorten (Göttingen und Wiebrechtshausen) angelegt. Alle Genotypen wurden mit und ohne Untersaat angebaut. Im darauffolgenden Jahr 2012 wurden sie als 7x7 Gitteranlage mit vier Wiederholungen an vier Orten (Göttingen, Wiebrechtshausen (Ortsteil Edesheim), Grucking und Niederalteich) durchgeführt. In Grucking konnte die Untersaat nicht richtig etabliert werden, da es in der Nacht vor dem Aussaattermin

heftig geregnet hatte und zu einem späteren Zeitpunkt nur die Aussaat mittels Düngerstreuer möglich war. Daher ging der Standort nicht in die Verrechnung ein. An allen anderen Standorten wurden die Prüfglieder in der Variante geprüft, in der die Linien im Jahr zuvor selektiert wurden. Im Jahr 2013 wurden die Versuche als 10x10 Gitter mit zwei Wiederholungen an drei Standorten (Göttingen, Wiebrechtshausen und Niederalteich) angelegt und alle Genotypen mit und ohne Untersaat getestet (Tab.1). Die Versuche in Niederalteich und Wiebrechtshausen waren durch die extremen Wetterbedingungen stark beeinträchtigt und konnten daher nicht in die Auswertung eingehen.

Die Düngemaßnahmen erfolgten ortsüblich gemäß den Vorgaben für die Bewirtschaftung im Ökologischen Landbau (EU-Öko-Verordnung 834/2007). In Göttingen wurden Hornspäne und Haarmehlpellets, in Wiebrechtshausen Champignon Kompost als Dünger vor der Aussaat verwendet. Die Maisaussaat erfolgte mit Parzellentechnik der Firma Kuhn im Einzelkornverfahren. Die Parzellengröße betrug 9m<sup>2</sup> (1,5 x 6m) und es wurden zwei Reihen Mais mit jeweils 48 Pflanzen (10,66 Pflanzen/m<sup>2</sup>) bei einem Reihenabstand von 75 cm auf ca. 3-5 cm Tiefe abgelegt. Auflaufendes Unkraut wurde bis zur Einsaat der Untersaat sowohl zwischen als auch in den Maisreihen mechanisch und manuell bekämpft. Die Untersaat bestand aus einer Mischung aus Winterroggen (*Secale cereale*), Wegwarte (*Cichorium intybus*, Sorte „Grasslands Puna“) und Buchweizen (*Fagopyrum esculentum*) (Abb. 1). Die Untersaatmischung wurde in drei Reihen mit zehn cm Reihenabstand zueinander mittig zwischen die Maisreihen und einreihig links bzw. rechts vom Mais zur jeweils nächsten Parzelle hin mit Parzellentechnik der Firma Haldrup in 2 cm Tiefe gedrillt. Der Abstand zu den Maisreihen betrug dabei 23 cm (Abb. 1). Es wurden 170 Körner/m<sup>2</sup> Roggen, 270 Körner/m<sup>2</sup> Wegwarte und 125 Körner/m<sup>2</sup> Buchweizen mit einer angestrebten Pflanzenzahl/m<sup>2</sup> von 144,5, 144,45 und 100 gedrillt. Anfang Mai wurden der Mais und vier – fünf Wochen später die Untersaat ausgesät. Aussaat- und Erntetermine sowie Standortbedingungen sind im Anhang (Tab. 2) dargestellt.



**Abb. 1 Untersaatmischung aus Buchweizen, Roggen und Wegwarte 14 Tage (links) und acht Wochen (rechts) nach der Aussaat in Wiebrechtshausen (Ortsteil Edesheim) 2011**

**Tab. 2 Beschreibung der Versuchsstandorte und Aussaat – sowie Erntedaten**

	<b>Göttingen</b>	<b>Wiebrechtshausen</b>	<b>Niederalteich</b>	<b>Grucking</b>
Niederschlag, langj. Mittel (mm)	651	745	696	844
Temperatur, langj. Mittel (°C)	9.2	8.4	8.9	8.5
Höhe über NN (m)	160	140	312	463
Bodenart	schluffiger Lehm	toniger Schluff	sandiger Lehm	Lehm
Ackerzahl	87	77	53	75
Wirtschaftsweise	ökologisch	ökologisch	ökologisch	ökologisch
Vorfrucht (2010)	Grünbrache	Klee gras	k.A.	k.A.
Aussaatdatum Mais 2011	11.05.2011	02.05.2011	-	-
Aussaatdatum Untersaat 2011	01.06.2011	31.05.2011	-	-
Erntedatum Mais 2011	27.10.2011	28.10.2011	-	-
Vorfrucht (2011)	Grünbrache	Klee gras	k.A.	k.A.
Aussaatdatum Mais 2012	10.05.2012	04.05.2012	29.04.201	01.05.2012
Aussaatdatum Untersaat 2012	12.06.2012	11.06.2012	30.05.2012	-
Erntedatum Mais 2012	01.11.2012	29.10.2012	19.10.2012	-
Vorfrucht (2012)	Sommerwicke	Karotten	k.A.	k.A.
Aussaatdatum Mais 2013	06.05.2013	06.05.2013	25.04.2013	-
Aussaatdatum Untersaat 2013	13.06.2013	19.06.2013	-	-
Erntedatum Mais 2013	05.11.2013	04.11.2013	-	-

k.A. es liegen keine Angaben vor

## Pflanzenmaterial

Bei dem verwendeten Pflanzenmaterial handelte es sich um aktuelles Zuchtmaterial aus dem Ökomaiszuchtprogramm der KWS Saat SE. Es wurden DH-Linien aus dem Dent und dem Flint Genpool mit überwiegend mittelfrüher Abreife (K230 bis K250 bzw. S230 bis S250) untersucht. Einige Linien stammten auch aus dem frühen (K220 / S220 und früher) bzw. dem mittelspäten Reifebereich (K260 /S260 und später). Die DH-Linien wurden 2011 und 2012 in einer Kreuzung mit verschiedenen Testern als Bestäuber geprüft (Tab.1). Im Versuchsjahr 2013 wurden Experimentalhybriden aus Kreuzungen dieser Dent und Flint DH-Linien angebaut (Tab. 3). Zusätzlich wurden in jedem Versuch Standardprüfglieder, bestehend aus aktuellen Hybridsorten der KWS Saat SE und Kreuzungen der als Tester verwendeten Genotypen mit Standardlinien der Firma angebaut, um die Testkreuzungen mit dem aktuellen Material vergleichen zu können (Tab. 4). Dent Linien wurden immer als Mutterpflanzen und Flint Linien als Bestäuber verwendet. Da es teilweise Probleme bei der Saatgutherstellung gab, konnten nicht alle geplanten Testkreuzungen geprüft werden. Im Jahr 2012 konnten die Flint Linien 57 und 61 sowie die Dentlinien 1, 20 und 25 nicht geprüft werden. Von den im Jahr 2012 selektierten Flint und Dent Linien fehlten die Flint Linien 41 und 62 und die Dent Linien 9, 16 und 62. Es konnten zudem nicht alle Dent-Flint-Kombinationen geprüft werden.

**Tab. 3 Experimentalhybriden im Jahr 2013**

Prüfgliedbezeichnung	Dentnr.	Flintnr.	Selektionsgruppe
<b>02.56</b>	2	56	ohne US selektiert
<b>19.56</b>	19	56	ohne US selektiert
33.56	33	56	ohne US selektiert
58.56	58	56	ohne US selektiert
19.60	19	60	ohne US selektiert
33.60	33	60	ohne US selektiert
64.60	64	60	ohne US selektiert
17.63	17	63	ohne US selektiert
19.63	19	63	ohne US selektiert
33.63	33	63	ohne US selektiert
64.63	64	63	ohne US selektiert
<b>02.70</b>	2	70	ohne US selektiert
<b>19.70</b>	19	70	ohne US selektiert
33.70	33	70	ohne US selektiert
64.70	64	70	ohne US selektiert
<b>02.90</b>	2	90	ohne US selektiert
17.90	17	90	ohne US selektiert
<b>19.90</b>	19	90	ohne US selektiert
33.90	33	90	ohne US selektiert
64.90	64	90	ohne US selektiert
<b>02.56</b>	2	56	mit US selektiert
13.56	13	56	mit US selektiert
18.56	18	56	mit US selektiert
<b>19.56</b>	19	56	mit US selektiert
<b>58.56</b>	58	56	mit US selektiert

**Forts. Tab. 3 Experimentalhybriden im Jahr 2013**

<b>Prüfgliedbezeichnung</b>	<b>Dentnr.</b>	<b>Flintr.</b>	<b>Selektionsgruppe</b>
02.66	2	66	mit US selektiert
13.66	13	66	mit US selektiert
19.66	19	66	mit US selektiert
58.66	58	66	mit US selektiert
<b>02.70</b>	2	70	mit US selektiert
13.70	13	70	mit US selektiert
<b>19.70</b>	19	70	mit US selektiert
02.71	2	71	mit US selektiert
13.71	13	71	mit US selektiert
19.71	19	71	mit US selektiert
02.73	2	73	mit US selektiert
13.73	13	73	mit US selektiert
19.73	19	73	mit US selektiert
58.73	58	73	mit US selektiert
<b>02.90</b>	2	90	mit US selektiert
13.90	13	90	mit US selektiert
<b>19.90</b>	19	90	mit US selektiert

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

**Tab. 4 Standardprüfglieder in den Versuchen von 2011 bis 2013**

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

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

## Erfasste Merkmale

Neben den üblichen Leistungseigenschaften wie Kornertrag und der Korntrockensubstanz (KTS) wurden noch weitere Merkmale erfasst um Unterschiede in der Unkrauttoleranz zwischen den Genotypen feststellen zu können (Tab. 5).

**Tab. 5 Erfasste Merkmale an den Orten Göttingen und Wiebrechtshausen in den Varianten ohne und mit Untersaat in den Jahren 2011 bis 2013**

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

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

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

Unkrautbesatz: Anzahl Unkräuter/Parzelle in der Untersaat

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

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

Blüte: Tage nach der Aussaat, an denen 25% der Pflanzen je Parzelle die Nabenfäden geschoben hatten, <sup>+</sup> angegeben wurden der prozentuale Anteil der Pflanzen, die die Nabenfäden am 07.08.2013 geschoben hatten

Anzahl Pflanzen zur Ernte.

KFM: Kornfrischmasse (kg/9m<sup>2</sup>)

KTS: Korntrockensubstanz (%)

Für die Standorte Grucking und Niederalteich wurden nur Kornfrischmasse (KFM) und KTS ermittelt.

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

sondern auf Vogelfraß oder Probleme bei der Saatgutqualität zurückzuführen waren. Der Ertrag wurde nach folgender Formel korrigiert:

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

Darin sind:

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

Eine Korrektur wurde durchgeführt, da fehlenden Pflanzen nicht unbedingt zu 100 % ausgeglichen werden müssen, da die restlichen Maispflanzen in der Parzelle zu einem Teil Fehlstellen kompensieren können, da ihnen mehr Nährstoffe, Licht und Wasser zur Verfügung stehen. Zur Ermittlung der Korrekturfaktoren wurden in 0,1 Abstufungen die Werte von 1,0, d.h. jede fehlende Pflanze wurde zu 100 % ersetzt, bis 0,1, d.h. eine fehlende Pflanze wurde nur zu 10 % ersetzt, getestet. Für weitere Verrechnungen wurde dann der KTM korrigiert mit dem Korrekturfaktor genutzt, bei dem die phänotypische Korrelation zwischen der KTM und der Anzahl Pflanzen die geringste nicht signifikante Ausprägung aufwies. Für jeden Versuch bzw. jede Materialgruppe innerhalb eines Versuches wurde der optimale Korrekturfaktor separat nach dem beschriebenen Verfahren ermittelt (Tab. 6).

**Tab. 6 Korrekturfaktoren für den Korntrockenmasseertrag zum Ausgleich fehlender Pflanzen in Göttingen und Wiebrechtshausen für die Jahre 2011 - 2013**

Jahr	Versuch	Material	Selektion	Variante	Korrekturfaktoren	
					Göttingen	Wiebrechtshausen
2011	151	FxT <sub>D1</sub>	unselektiert	ohne US	1.0	0.4
	152	FxT <sub>D1</sub>	unselektiert	mit US	0.7	0.6
	153	DxT <sub>F1</sub>	unselektiert	ohne US	0.5	0.6
	154	DxT <sub>F1</sub>	unselektiert	mit US	1.0	0.6
2012	157	FxT <sub>D2</sub>	ohne US sel.	ohne US	0.8	0.4
	157	DxT <sub>F2</sub>	ohne US sel.	ohne US	0.7	1.0
	158	FxT <sub>D2</sub>	ohne US sel.	ohne US	0.5	0.5
	158	DxT <sub>F3</sub>	ohne US sel.	ohne US	0.4	0.7
	159	FxT <sub>D2</sub>	mit US sel.	mit US	0.4	0.3
	159	DxT <sub>F2</sub>	mit US sel.	mit US	1.0	0.6
	160	FxT <sub>D2</sub>	mit US sel.	mit US	0.7	0.5
	160	DxT <sub>F3</sub>	mit US sel.	mit US	0.2	0.8
2013	140	Exp.Hyb.	ohne US sel.	ohne US	0.3	(0.3)
	140	Exp.Hyb.	mit US sel.	ohne US	0.2	(0.3)
	141	Exp.Hyb.	ohne US sel.	mit US	0.6	(0.8)
	141	Exp.Hyb.	mit US sel.	mit US	0.6	(0.8)

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

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

## Statistische Auswertung

Die Verrechnung der erhobenen Daten wurde mit dem Programm PLABSTAT 3Awin (Utz, 2011) durchgeführt. Zunächst wurden die einzelnen Versuche als Gitter ausgewertet (Tab. 1). PLABSTAT analysiert die Gitteranlagen mittels einer iterativen Methode nach Williams (1977). Nach Anscombe und Tukey (1963) wird in abgeänderter Form von PLABSTAT ein Ausreißertest durchgeführt. Extreme Werte wurden daraufhin kontrolliert und gegebenenfalls durch fehlende Werte ersetzt.

Fehlende Werte werden iterativ berechnet, indem die Fehlervarianz minimiert wird (Yates, 1933; Healy und Westmacott, 1956). Die Iteration wird abgebrochen, wenn sich die vierte Dezimale der Fehlervarianz bei wiederholter Iteration nicht mehr ändert. Die Zahl der notwendigen Iterationen wird mit Hilfe eines Tricks von Preece (1971) reduziert. (Utz, 2011).

Die Varianzkomponenten werden von PLABSTAT für die Gitterverrechnung mittels einer „Intra-Block-Analyse“ (Federer, 1955) berechnet und auf ihrer Grundlage der F-Test vorgenommen.

Mit den gitteradjustierten Mittelwerten wurden die Serienverrechnungen vorgenommen. Dabei sind die Fehlervarianzen aus der Gitterverrechnung als gepoolter Fehler in die Serienverrechnung eingegangen. Zur Bestimmung der optimalen Korrekturfaktoren des Ertrages bezüglich der fehlenden Pflanzen wurden in den Jahren 2012 und 2013 die adjustierten Parzellenwerte jeder Materialgruppen in jedem Versuch nochmals einzeln mit dem LATTICE-Befehl von PLABSTAT als einfache Blockanlage verrechnet und die daraus resultierenden Fehlervarianzen und Mittelwerte für die weitere Verrechnung genutzt.

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

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

Darin sind:

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

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

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

Darin sind:

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

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

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

Darin sind:

$x_{ik}$	adjustierter Mittelwert des i-ten Genotyps am k-ten Standort
$\mu$	Versuchsmittelwert
$g_i$	Effekt des i-ten Genotyps
$o_k$	Effekt des k-ten Standortes
$go_{ik}$	Effekt der Interaktion von i-tem Genotyp und k-tem Standort
$e_{ik}$	Restfehler (aus Analysen der einzelnen Orte)

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

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

Darin sind:

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

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

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

Darin sind:

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

Für die Selektion wurden die Daten der beiden Tester bzw. Blöcke gemittelt. Das Merkmal Blüte wurde nur in Wiebrechtshausen in der Variante ohne Untersaat bonitiert, die Verrechnung erfolgte dabei nach folgendem Model mit Testern bzw. Blöcken und Genotypen als fixen Faktoren:

$$x_{im} = \mu + t_m + g_i + gt_{im} + e_{im} \quad (7)$$

Darin sind:

$x_{im}$	adjustierter Mittelwert des i-ten Genotyps mit dem m-ten Tester bzw. Block
$\mu$	Versuchsmittelwert
$t_m$	Effekt des m-ten Testers bzw. Blocks
$g_i$	Effekt des i-ten Genotyps
$gt_{im}$	Effekt der Interaktion von i-tem Genotyp und l-tem Tester bzw. Block
$e_{im}$	Restfehler (aus Analysen der einzelnen Orte)

In die Verrechnung im Jahr 2013 ging nur der Standort Göttingen ein. Einige Genotypen waren doppelt in den Versuchen angelegt, da sie in beiden Varianten selektiert worden waren. Bei diesen Genotypen wurden die Werte gemittelt und diese Mittelwerte für die weiteren Verrechnungen benutzt. Zunächst wurden die Versuche getrennt nach Varianten mit Genotypen als zufälligen und Selektionsgruppen als fixen Faktoren nach folgendem Modell verrechnet:

$$x_{in} = \mu + s_n + g_{in} + e_{in} \quad (8)$$

Darin sind:

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

Danach erfolgte eine Verrechnung über die Varianten hinweg. Die Genotypen gingen als zufällige und Selektionsgruppen und Varianten als fixe Faktoren in folgendes Modell ein:

$$X_{ijn} = \mu + v_j + s_n + g_{in} + vs_{jn} + vg_{ijn} + e_{ijn} \quad (9)$$

Darin sind:

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

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

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

Darin sind:

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

Die Heritabilität wurde nach folgender Formel berechnet:

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

Darin sind:

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

Zu Berechnung der Korrelationen wurde der Spearman Korrelationskoeffizient verwendet.

## Selektion

Die Selektion wurde anhand von Mittelwerten der KTM und KTS über die Orte vorgenommen. Um den Effekt auszugleichen, dass frühe Genotypen, also solche mit einer hohen KTS, einen geringeren Ertrag realisieren können als späte Genotypen, die eine längere Vegetationsdauer nutzen, wurde der Selektion ein Index zugrunde gelegt:

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

Somit wird gewährleistet, dass auch frühe Genotypen selektiert werden, die gewünscht sind, da sie ein gutes Abreifeverhalten zeigen.

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

In den Jahren 2011 und 2012 wurde die Selektion zunächst mit KTM86% Daten vorgenommen, die nicht bezüglich der Anzahl Pflanzen pro Parzelle korrigiert waren. Bei einer späteren Verrechnung mit den korrigierten KTM Daten ergaben sich leichte Abweichungen von den ursprünglich selektierten Prüfgliedern. Bei der weiteren Verrechnung der Folgejahre wurden dann nur die Genotypen berücksichtigt, die nach der Korrektur selektiert wurden.

## AP3: „Blühbiologische Untersuchungen zur Optimierung der Entwicklung offen abblühender Maissorten für den Ökologischen Landbau“

### Pflanzenmaterial

Das Ausgangsmaterial für alle Versuche waren 54 kommerziell verfügbare Hybriden (Tab. 7).

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

- Population 1 (Pop1) bestand aus acht Hybriden, die zur Blüte am wüchsigsten waren (bonitiert und selektiert durch die GZPK). An dieser Population sollte die Markeranalyse vorgenommen werden.
- Population 2 (Pop2) bestand aus den acht Hybriden mit dem kürzesten Bl.
- Population 3 (Pop3) bestand aus den acht Hybriden mit dem längsten Bl.

**Tab. 7 Hybriden für die Blühintervalluntersuchung im Jahr 2011**

Prüfgliednr. Blühintervallversuch	Sortenname	Zulassungsjahr	Züchter	Prüfgliednr. Hybriden- S1 Vergleich
1	Coxximo	2003	RAGT	
2	NK Octet	-	Syngenta	1
3	Pralinia	-	Intersaatzucht	
4	Amadeo	2004	KWS	18
5	Torres	2007	KWS	2
6	Farmflex	2008	Intersaatzucht	17
7	ES Ballades	2005	Euralis	
8	Astor	2003	Saaten-Union	
9	NK Neero	2007	Syngenta	
10	Aspekt	2005	Advanta/Limagrain	14
11	Thimo	2006	Syngenta	
12	Alduna	-	Saaten-Union	
13	DMA12	-	Saaten-Union	
14	Saari	2005	Intersaatzucht	
15	Oldham	1999	Syngenta	3
16	Suzy	2009	Saaten-Union	
17	Sumigo	2006	Saaten-Union	
18	Goldosse	2004	Saaten-Union	9
19	Fernandez	2009	KWS	4
20	Puyol	2009	KWS	10
21	Ricardinio	2008	KWS	11
22	Cassilas	2009	KWS	19
23	Alombo	2004	Intersaatzucht	
24	Aviator	2005	Saaten-Union	
25	Moby	2007	Intersaatzucht	16
26	Yser	2007	DSV	
27	Farmoso	2008	Intersaatzucht	13
28	ES Progress	2007	Euralis	
29	ES Charles	2005	Euralis	
30	Subito	2006	Saaten-Union	5
31	Sumaris	2008	Saaten-Union	12
32	Atendo	2003	Saaten-Union	
33	NK Top	2009	Syngenta	6
34	NK Falkone	2007	Syngenta	7
35	Maritimo	2007	Advanta	
36	NK Bull	2004	Syngenta	8
37	Surfer	2008	Saaten-Union	
38	Artist	2007	Saaten-Union	
39	Ayrro	2008	Saaten-Union	15
40	Sudros	2008	Saaten-Union	
41	NK Olympic	-	Syngenta	
42	Padrino	2007	KWS	
43	Ronaldinio	2006	KWS	20

**Forts. Tab. 7 Hybriden für die Blühintervalluntersuchung im Jahr 2011**

Prüfgliednr. Blühintervallversuch	Sortenname	Zulassungsjahr	Züchter	Prüfgliednr. Hybriden- S1 Vergleich
44	Cannavaro	2009	KWS	
45	Surehand	2008	Saaten-Union	
46	Nerissa	2006	Syngenta	
47	Delitop	2003	Syngenta	
48	NK Jasmic	2008	Syngenta	
49	Drim	2007	Syngenta	
50	Aaspeed	2007	Saaten-Union	
51	Bredero	2007	Saaten-Union	
52	EMA04	-	Saaten-Union	
53	Fulbi	2008	Caussade	
54	Sudoku	2008	Saaten-Union	

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

Die Eltern der Pop1 wurden im Sommer 2011 paarweise miteinander verkreuzt, die Hybriden für Pop2 und Pop3 wurden im Winterzuchtgarten auf La Palma im Januar 2012 in einem partiellen Diallel jeweils reziprok miteinander verkreuzt. Die Hybriden von Pop2 waren jeweils in fünf Kreuzungen vertreten, die Hybriden der Pop3 in jeweils vier (Tab. 8, Tab. 9).

**Tab. 8 Kreuzungsschema von Population 2 im Winterzuchtgarten 2012**

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

**Tab. 9 Kreuzungsschema von Population 3 im Winterzuchtgarten 2012**

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

Das im Winterzuchtgarten gewonnene Saatgut der Populationen (Syn1) wurde 2012 jeweils in Isolationsparzellen, d.h. in Isolation zu anderen Maisflächen um die Einmischung von fremdem Pollen zu verhindern, ausgesät. Alle Ausgangseltern waren in der Mischung jeweils zu gleichen Anteilen vertreten. In jeder Isolationsparzelle blühte ein Teil der Populationen offen ab, ein anderer Teil wurde entfähnt. Die entfähnte Variante, bei der also der männliche Blütenstand noch vor der Blüte entfernt worden war, diente als Kontrollvariante, bei der Selbstbefruchtung ausgeschlossen war. Das Saatgut der offen abgeblühten und entfähnten Varianten der Populationen wurde für die Versuche zum Ertragsvergleich zwecks Bestimmung der Selbstbefruchtungsrate in 2013 und 2014 verwendet. An dem Saatgut der offen abgeblühten und entfähnten Variante der Pop1 wurden zudem die Markeranalysen vorgenommen.

In den Versuchen zum Ertragsvergleich wurden die Sorten Ricardinio, Grosso, Panvinio KWS und die Populationssorte Sankt Michaelis als Standardprüfglieder eingesetzt.

Um den Leistungsrückgang nach Selbstbefruchtung zu erfassen wurde von 20 Hybriden (Tab. 7) aus den 54 Ausgangshybriden im Jahr 2011 Nachkommenschaft aus Selbstbefruchtung (S1) hergestellt um diese in einer Ertragsprüfung mit ihren Elternhybriden zu vergleichen.

## **Feldversuche**

### **Versuchsanlage**

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

**Tab. 10 Beschreibung der Versuchsstandorte**

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

Im Jahr 2012 wurden die Populationen in Isolationsparzellen angebaut. Jede Population wurde an drei Orten angebaut (Tab. 11). Die Größe der Isolationsparzellen betrug ca. 10x10 m. In Deutschland wurden Anfang Mai 13 Reihen Mais mit einem Abstand von 75 cm per Sästock auf 6 cm Tiefe abgelegt und in der Schweiz wurden Mitte Mai 12 Reihen Mais ebenfalls per Sästock gelegt. Es wurden 10 Körner/m<sup>2</sup> also ca. 1000 Körner/Isolationsparzelle gesät. In den mittleren fünf Reihen Mais wurde gegen Ende des Rispschiebens die Fahne abgeschnitten um Selbstbefruchtung auszuschließen. Als Bestäuber für diese Pflanzen diente der Mais in den flankierenden Reihen. Am Standort Feldbach wurde der Mais nahezu vollständig von Vögeln aufgefressen und die Parzelle wurde umgebrochen. Die Ernte der Kolben erfolgte per Hand in der Schweiz Ende September und an den Standorten in Deutschland Ende Oktober. Die Kolben wurden getrocknet und später gerebelt.

**Tab. 11 Standorte der Isolationsparzellen der drei Populationen im Jahr 2012**

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

(Ort)=Standort konnte nicht geerntet werden

Die Leistungsprüfungen der Populationen im Jahr 2013 wurden an zwei Standorten, Göttingen und Wiebrechtshausen (Tab. 10) durchgeführt. Die Aussaat erfolgte am 06.05.2013 mit Parzellentechnik der Firma Kuhn im Einzelkornverfahren. Die Parzellengröße betrug 9m<sup>2</sup> (1,5 x 6m) und es wurden zwei Reihen Mais mit jeweils 48 Pflanzen (10,66 Pflanzen/m<sup>2</sup>) bei einem Reihenabstand von 75 cm auf ca. 3-5 cm Tiefe abgelegt. Auflaufendes Unkraut wurde sowohl zwischen als auch in den Maisreihen mechanisch und

manuell bekämpft. Der Versuch waren als doppelte Spaltanlage mit den drei Populationen als Großteilstücken und sechs Kleinteilstücken nach den drei (zwei) Herkünften und den zwei Varianten offen abgeblüht und entfahnt des Saatgutes aus den Isolationsparzellen. Dazu kamen die vier Standardprüfglieder (Tab. 12). Der Versuch war mit zwei Wiederholungen angelegt. Die Ernte erfolgte mit einem Parzellendrescher in Wiebrechtshausen am 04.11.2013 und in Göttingen am 05.11.2013.

Im Jahr 2014 wurde der Versuch mit fünf Wiederholungen an den drei Standorten Göttingen Einbeck und Lönigen (Tab. 10) wiederholt, da der Versuch in Wiebrechtshausen nicht und der Versuch in Göttingen nur eingeschränkt auswertbar war. Die Versuche waren im Antrag nicht vorgesehen und konnten aus versuchstechnischen Gründen nur unter konventionellen Bedingungen durchgeführt werden. Die Aussaat erfolgte Ende April mit der gleichen Technik wie zuvor beschrieben. Die Versuche in Lönigen und Einbeck erfolgte am 07.11.2014 bzw. am 08.11.2014 die Ernte mit einem Parzellendrescher. In Göttingen wurden am 10.11.2014 die Kolben einzelreihenweise per Hand geerntet und anschließend getrocknet und gerebelt.

**Tab. 12 Prüfglieder in der Leistungsprüfung der Populationen**

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

Die Versuche zum Ertragsvergleich zwischen den Hybriden und ihrer S1 wurden 2012 und 2013 an den Standorten Göttingen und Wiebrechtshausen (2012 Edesheim) (Tab. 2 in Material und Methoden AP2) durchgeführt. Die Versuche waren als Spaltanlage mit zwei Wiederholung angelegt, wobei die Hybriden bzw. die S1en die Blöcke bildeten. Die Aussaat erfolgte Anfang Mai zu den zuvor beschriebenen Bedingungen und die Ernte Ende Oktober bzw. Anfang November.

## Erfasste Merkmale

In Tab. 13 sind alle Merkmale, die in den Versuchen zur Blühbiologie und dem Leistungsrückgang nach Selbstbefruchtung in den Jahren von 2011-2014 erfasst wurden aufgelistet.

**Tab. 13 Erfasste Merkmale in den Versuchen zur Blühbiologie und dem Leistungsrückgang nach Selbstbefruchtung von 2011-2014**

Jahr	Material	Merkmale					
		BI (Tage)	Blüte (Tage)	Anzahl Pflanzen	WH (cm)	KFM (kg/9 <sup>2</sup> )	KTS (%)
2011	54 Hybriden	X					
2012	Populationen (Syn1)	X*					
	20 Hybriden/20 S1		X	X	X	X	X
2013	Populationen op/ef		X	X	X	X	X
	20 Hybriden/20 S1		X	X	X	X	X
2014	Populationen op/ef	X°		X°	X°	X	X

BI: Blühintervall

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

Anzahl Pflanzen zur Ernte

WH: Wuchshöhe in cm

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

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

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

ef: Saatgut der entfahnten Variante in den Isolationsparzellen

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

°die Daten wurden nur in den ersten drei Wiederholungen erfasst

## Blühintervall

Um das BI bei den 54 Hybriden in 2011 zu bestimmen wurden jeweils zehn Pflanzen je Hybride vor der Blüte markiert, an denen später in täglichen Bonituren der Beginn der männlichen Blüte (Pollen schüttet am Hauptast der Rispe), Mitte der männlichen Blüte (Pollen schüttet auch an den Nebenästen), Beginn der weiblichen Blüte (erste Nabenfäden sichtbar) und Mitte der weiblichen Blüte (Nabenfäden im Mittel 4 cm lang) festgehalten wurden. Die Einzelwerte der zehn Pflanzen wurden gemittelt und aus der Differenz zwischen Beginn männlicher und weiblicher Blüte wurde das Blühintervall berechnet. Ein negativer Wert bedeutet Protandrie, ein positiver Wert Protogynie. Für die Auswahl der Eltern für Population 2 mit kurzem BI und Population 3 mit langem BI wurden die Mittelwerte je Ort betrachtet und nur solche Hybriden ausgewählt, deren BI an beiden Orten ähnlich war. Wenn z.B. das BI in Hombrechtikon 0.6 war und in Göttingen -0.4, dann ist der Mittelwert mit 0.1 zwar sehr klein, dennoch wurde diese Hybride nicht als Eltern für Population 2 ausgewählt, da die BI einzeln betrachtet nicht sehr klein und gegenläufig waren. Für Population 3 wurden zudem nur Hybriden als Elter ausgewählt, die ein positives BI zeigten, also Protogynie.

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

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

### **Korntrockenmasseertrag**

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

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

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

Darin sind:

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

Als Korrekturfaktoren wurden von 1,0, d.h. jede fehlende Pflanze wurde zu 100 % ersetzt, bis 0,1, d.h. eine fehlende Pflanze wurde nur zu 10 % ersetzt, in 10 % Abstufungen eingesetzt. Es wurde davon ausgegangen, dass die fehlenden Pflanzen nicht unbedingt zu 100 % ausgeglichen werden müssen, da die restlichen Maispflanzen in der Parzelle zu einem Teil den Ertrag kompensieren können, da ihnen mehr Nährstoffe, Licht und Wasser zur Verfügung stehen. Für weitere Verrechnungen wurde dann der KTM korrigiert mit dem Korrekturfaktor genutzt, bei dem die phänotypische Korrelation mit dem Merkmal Anzahl Pflanzen die geringste nicht signifikante Ausprägung aufwies. Für jeden Versuch bzw. jede Materialgruppe innerhalb eines Versuches wurde der optimale Korrekturfaktor anhand der beschriebenen Vorgehensweise separat ermittelt (Tab. XX).

## Markeranalysen

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

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

## Statistische Auswertung

Die Verrechnung der erhobenen Daten wurde mit dem Programm PLABSTAT (Utz, 2011) durchgeführt (für eine genaue Beschreibung der verwendeten Methoden siehe Material und Methoden AP2).

Die Daten der BI-Bonitur 2011 wurden nach folgendem Model mit Ort als zufälligem und Genotypen als fixem Faktor verrechnet:

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

Darin sind:

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

Für den Vergleich der Hybriden mit ihrer S1 wurde zunächst mit dem LATTICE Befehl von PLABSTAT eine getrennte Verrechnung der Hybriden und S1 je Ort vorgenommen um den optimalen Korrekturfaktor für den Kornertrag zu finden. Danach wurde der Versuch über die Orte mit dem Fehler aus der LATTICE Verrechnung analysiert. Mit dem Ort als zufälligem Faktor wurde der Versuch nach folgendem Model verrechnet:

$$x_{ikp} = \mu + o_k + i_p + g_i + oi_{kp} + og_{ik} + ig_{ip} + oig_{ikp} + e_{ikp} \quad (14)$$

Darin sind:

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

Die Versuche im Jahr 2014 wurden zunächst für jeden Ort einzeln verrechnet um den optimalen Korrekturfaktor für den Kornertrag zu finden. Genotyp und Wiederholung gingen als zufällige Faktoren in folgendes Model ein:

$$x_{iq} = \mu + g_i + w_q + gw_{iq} + e_{iq} \quad (15)$$

Darin sind:

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

Für den Leistungsvergleich der offen abgeblühten und entfahnten Populationen 1, 2 und 3 wurden Göttingen und Ballenhausen als eine Saatgutherkunft zusammengefasst. Die Verrechnung erfolgte mit Ort als zufälligem Faktor nach folgendem Model:

$$x_{kqrst} = \mu + o_k + w_{kq} + q_r + qo_{kr} + qw_{kqr} + h_s + ho_{ks} + hq_{rs} + hoq_{krs} + hqw_{kqrs} + z_t + zo_{kt} + zq_{rt} + zh_{st} + zoq_{krt} + zhq_{rst} + zoh_{kst} + zhoq_{krst} + zhqw_{kqrst} + e_{kqrst} \quad (16)$$

Darin sind:

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

## **Arbeiten der KWS SAAT SE**

Das Pflanzenmaterial für die Versuche zu AP2 wurde durch die KWS SAAT SE zur Verfügung gestellt. Die KWS SAAT SE hat die Aussaat und die Ernte aller Versuche zum AP2 (mit Ausnahme der Aussaat 2013 in Göttingen) sowie der Leistungsprüfungen der Hybriden und ihrer Nachkommenschaft aus Selbstbefruchtung 2012 und 2013 und der Leistungsprüfung der Populationen 2013 und 2014 aus AP3 übernommen. In der Leistungsprüfung der Populationen 2014 wurden in Göttingen die Kolben per Hand durch Mitarbeiter der Universität Göttingen geerntet, getrocknet und anschließend bei der KWS SAAT SE gerebelt. Die Vorbereitungs- und Pflegemaßnahmen an allen Standorten außer in Göttingen wurden von der KWS SAAT SE durchgeführt. Die Kreuzungen der Dent und Flint DH-Linien im Winter 2011/12 und 2012/13 erfolgte durch die KWS SAAT SE in ihren Winterzuchtgärten.

## 4. Ergebnisse

### AP2: „Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit optimaler Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut“

#### Versuchsjahr 2011

Am Standort Göttingen ergab sich im Versuchsjahr 2011 ein deutlicher Unterschied zwischen den Varianten ohne und mit Untersaat für alle Merkmale (Tab. 14). Mit Untersaat fielen die SPAD-Werte, WH und KTM sowie KTS geringer aus, die Blüte war etwas später. Am Standort Wiebrechtshausen waren die Unterschiede weniger stark ausgeprägt. Die SPAD-Werte und der KTM waren mit Untersaat niedriger und die Blüte später. Bei den Dent Testkreuzungen war auch die WH mit Untersaat geringer, bei den Flint Testkreuzungen verhielt es sich entgegengesetzt. Die KTS war bei dem Flint Material mit Untersaat niedriger, bei den Dent Testkreuzungen ergab sich kein signifikanter Unterschied (Tab. 17). Die Untersaat war in Wiebrechtshausen wüchsiger aus als in Göttingen.

Für das Merkmal Untersaat zeigte sich keine signifikante genotypische Varianz, sondern lediglich teilweise signifikante Unterschiede zwischen den Wiederholungen oder auch Blöcken der Gitteranlagen (Tab. 15). Bei den übrigen Merkmalen Chlorophyll, Blüte, WH, KTM und KTS fanden sich bei der Betrachtung der einzelnen Orte signifikante genotypische Unterschiede mit Ausnahme des Merkmals Blüte im Dent Material in Wiebrechtshausen (Tab. 16,17, 18 und 19). Signifikante Interaktionen zwischen Variante und Genotyp zeigten sich für das Merkmal Blüte an beiden Orten, für Chlorophyll nur in Göttingen und in einzelnen Versuchen für WH, KTM und KTS.

Bei der Verrechnung über die Orte gab es für alle Merkmale einen signifikanten Effekt der Orte und der Genotypen mit Ausnahme des Ortseffektes der KTM der Dent Testkreuzungen (Tab. 20 und 21). Nur für die Blüte zeigte sich ein signifikanter Unterschied für die Varianten. Das ergibt sich allerdings daraus, dass für den F-Test dieses Effektes nur sehr wenige Freiheitsgrade zur Verfügung stehen und damit der F-Wert sehr groß werden müsste um signifikant zu werden. Insbesondere für die WH und auch den KTM waren hohe Schätzwerte der Varianzkomponenten für die Interaktion von Ort und Variante zu verzeichnen.

Die Wiederholbarkeiten sind sehr unterschiedlich. In den meisten Fällen ist die Wiederholbarkeit in der Variante mit Untersaat geringer. Für das Merkmal KTS lag die Wiederholbarkeit nicht unter 65%, für den KTM lag sie zwischen 21% und 53% (Tab. 21).

**Tab. 14 Mittelwerte der Flint und Dent Testkreuzungen für die Standorte Göttingen und Wiebrechtshausen im Jahr 2011**

Ort	Material	Variante	Parameter	Untersaat (Bonitur)	Chlorophyll (SPAD)	Blüte (Tage)	WH (cm)	KTM (dt/ha)	KTS (%)
Göttingen	FxD <sub>D1</sub>	ohne US	Wiederholbarkeit (%)		48.19	69.4	61.79	48.39	87.03
			Grenzdifferenz		3.39	2.58	12.93	11.88	0.76
			<b>Mittelwert</b>		<b>50.04</b>	<b>82.59</b>	<b>298.34</b>	<b>132.43</b>	<b>63.45</b>
	FxD <sub>D1</sub>	mit US	Wiederholbarkeit (%)	3.85	38.8	63.88	35.48	44.91	77.61
			Grenzdifferenz	1.53	5.29	1.96	20.58	15.47	1.16
			<b>Mittelwert</b>	<b>4.73</b>	<b>37.17</b>	<b>85.5</b>	<b>240.68</b>	<b>105.9</b>	<b>61.97</b>
	DxD <sub>F1</sub>	ohne US	Wiederholbarkeit (%)		45.44	43.5	54.36	52.56	79.69
			Grenzdifferenz		3.35	2.25	14.12	13.41	0.84
			<b>Mittelwert</b>		<b>54.6</b>	<b>83.16</b>	<b>299.33</b>	<b>141.27</b>	<b>63.38</b>
	DxD <sub>F1</sub>	mit US	Wiederholbarkeit (%)	10.5	37.7	38.6	35.8	53.01	65.02
			Grenzdifferenz	1.33	4.36	1.83	19.66	15.58	1.13
			<b>Mittelwert</b>	<b>4.43</b>	<b>46.38</b>	<b>84.57</b>	<b>265.75</b>	<b>124.04</b>	<b>62.68</b>
Wiebrechtshausen	FxD <sub>D1</sub>	ohne US	Wiederholbarkeit (%)		18.43	42.81	48.17	24.38	77.69
			Grenzdifferenz		5.12	3.62	23.55	21.58	1.15
			<b>Mittelwert</b>		<b>54.52</b>	<b>90.27</b>	<b>319.96</b>	<b>127.63</b>	<b>64.41</b>
	FxD <sub>D1</sub>	mit US	Wiederholbarkeit (%)	0	44.13	30.2	43.69	22.33	82.11
			Grenzdifferenz	1.61	3.57	2.22	21.37	23.04	1.02
			<b>Mittelwert</b>	<b>7</b>	<b>51.82</b>	<b>93.27</b>	<b>323.75</b>	<b>124.01</b>	<b>64.05</b>
	DxD <sub>F1</sub>	ohne US	Wiederholbarkeit (%)		24.33	20.95	44.8	21.24	67.4
			Grenzdifferenz		4.92	1.19	20.62	18.45	1.19
			<b>Mittelwert</b>		<b>54.46</b>	<b>89.03</b>	<b>325.32</b>	<b>131.86</b>	<b>65</b>
	DxD <sub>F1</sub>	mit US	Wiederholbarkeit (%)	4.59	25.73	17.81	56	36.07	76.91
			Grenzdifferenz	1.45	4.15	2.61	16.7	18.52	0.96
			<b>Mittelwert</b>	<b>7.06</b>	<b>53.29</b>	<b>92.48</b>	<b>322.39</b>	<b>130.44</b>	<b>64.95</b>

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

**Tab. 15 Varianzanalyse der Untersaatbonitur für die Materialsätze FxT<sub>D1</sub> und DxT<sub>F1</sub> an den Standorten Göttingen und Wiebrechtshausen im Jahr 2011**

Ort	Material	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
GOE	FxT <sub>D1</sub>	Wiederholung	1	2.49	-0.04	1.53
		Genotyp	99	1.28	0.02	
		Block	18	3.7	0.64**	
		Intrabl. Fehler	79	0.51	0.51	
		Wiederholbarkeit 4%				
GOE	DxT <sub>F1</sub>	Wiederholung	1	7.22	0**	1.33
		Genotyp	99	1.42	0.05	
		Block	18	3.93	0.71**	
		Intrabl. Fehler	81	0.38	0.38	
		Wiederholbarkeit 11%				
WIE	FxT <sub>D1</sub>	Wiederholung	1	10.29	0.1**	1.61
		Genotyp	99	0.76	0	
		Block	18	0.66	0	
		Intrabl. Fehler	79	0.65	0.65	
		Wiederholbarkeit 0%				
WIE	DxT <sub>F1</sub>	Wiederholung	1	3.13	0.02*	1.45
		Genotyp	99	0.59	0.03	
		Block	18	0.66	0.03	
		Intrabl. Fehler	81	0.51	0.51	
		Wiederholbarkeit 5%				

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

**Tab. 16 Varianzanalysen der Flint-Testkreuzungen über die Varianten ohne und mit Untersaat für den Standort Göttingen im Jahr 2011**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Blüte (Tage)</b>	Variante (V)	1	438.86	4.38**	0.32
	Genotyp (G)	99	5.45	2.07**	2.27
	VG	98	1.31	0.64**	2.28
	Restfehler	153	0.67	0.67	
	Heritabilität 76%				
<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	Variante (V)	1	8165.39	81.62**	0.52
	Genotyp (G)	99	8.34	2.45**	3.68
	VG	98	3.44	0.97*	4.39
	Restfehler	135	2.47	2.47	
	Heritabilität 59%				
<b>WH (cm)</b>	Variante (V)	1	164741.45	1646.98**	1.86
	Genotyp (G)	99	153.72	54.90**	13.15
	VG	99	43.92	6.67	17.05
	Restfehler	154	37.25	37.25	
	Heritabilität 71%				
<b>KTM (dt/ha)</b>	Variante (V)	1	34893.42	348.63**	1.55
	Genotyp (G)	99	94.79	32.05**	10.99
	VG	99	30.70	6.72+	13.68
	Restfehler	152	23.97	23.97	
	Heritabilität 68%				
<b>KTS (%)</b>	Variante (V)	1	110.01	1.10**	0.09
	Genotyp (G)	99	2.18	1.04**	0.66
	VG	99	0.11	-0.01	0.97
	Restfehler	153	0.12	0.12	
	Heritabilität 95%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, Blüte = weibliche Blüte in Tagen nach der Aussaat, WH = Wuchshöhe in cm, KTS = Korntrockensubstanz in %, KTM = Korntrockenmasse in dt/ha, +, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

**Tab. 17 Varianzanalysen der Dent-Testkreuzungen über die Varianten ohne und mit Untersaat für den Standort Göttingen im Jahr 2011**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Blüte (Tage)</b>	Variante (V)	1	103.75	1.03**	0.26
	Genotyp (G)	99	1.61	0.37**	1.84
	VG	99	0.86	0.33**	2.04
	Restfehler	142	0.53	0.53	
	Heritabilität 46%				
<b>Chlorophyll (Spad)</b>	Variante (V)	1	3373.08	33.70**	0.47
	Genotyp (G)	99	5.99	1.57**	3.35
	VG	99	2.85	0.95*	3.85
	Restfehler	142	1.89	1.89	
	Heritabilität 53%				
<b>WH (cm)</b>	Variante (V)	1	56366.71	563.37**	1.52
	Genotyp (G)	99	154.30	62.52**	10.73
	VG	99	29.26	-7.77	16.99
	Restfehler	162	37.03	37.03	
	Heritabilität 81%				
<b>KTM (dt/ha)</b>	Variante (V)	1	15492.75	154.67**	1.42
	Genotyp (G)	99	136.19	55.31**	10.03
	VG	99	25.56	-1.11	14.42
	Restfehler	160	26.67	26.67	
	Heritabilität 81%				
<b>KTS (%)</b>	Variante (V)	1	26.86	0.27**	0.09
	Genotyp (G)	99	1.51	0.71**	0.62
	VG	99	0.10	-0.03	0.99
	Restfehler	161	0.13	0.13	
	Heritabilität 94%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, Blüte = weibliche Blüte in Tagen nach der Aussaat, WH = Wuchshöhe in cm, KTS = Korntrockensubstanz in %, KTM = Korntrockenmasse in dt/ha, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

**Tab. 18 Varianzanalysen der Flint-Testkreuzungen über die Varianten ohne und mit Untersaat für den Standort Wiebrechtshausen im Jahr 2011**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Blüte (Tage)</b>	Variante (V)	1	446.91	4.45**	0.41
	Genotyp (G)	99	3.23	0.57*	2.87
	VG	98	2.09	0.95**	2.99
	Restfehler	173	1.14	1.14	
	Heritabilität 35%				
<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	Variante (V)	1	388.53	3.86**	0.46
	Genotyp (G)	99	7.14	2.22**	3.26
	VG	98	2.69	0.23	4.38
	Restfehler	172	2.46	2.46	
	Heritabilität 62%				
<b>WH (cm)</b>	Variante (V)	1	717.13	6.20**	2.77
	Genotyp (G)	99	252.13	77.30**	19.6
	VG	98	97.53	33.78**	22.31
	Restfehler	154	63.75	63.75	
	Heritabilität 61%				
<b>KTM (dt/ha)</b>	Variante (V)	1	724.04	6.51**	2.4
	Genotyp (G)	99	121.98	24.44**	16.97
	VG	98	73.09	10.45	22.12
	Restfehler	144	62.64	62.64	
	Heritabilität 40%				
<b>KTS (%)</b>	Variante (V)	1	5.97	0.06**	0.13
	Genotyp (G)	99	2.40	1.10**	0.88
	VG	98	0.20	0.05+	1.08
	Restfehler	144	0.15	0.15	
	Heritabilität 92%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, Blüte = weibliche Blüte in Tagen nach der Aussaat, WH = Wuchshöhe in cm, KTS = Korntrockensubstanz in %, KTM = Korntrockenmasse in dt/ha, +, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

**Tab. 19 Varianzanalysen der Dent-Testkreuzungen über die Varianten ohne und mit Untersaat für den Standort Wiebrechtshausen im Jahr 2011**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Blüte (Tage)</b>	Variante (V)	1	586.53	5.86**	0.25
	Genotyp (G)	99	0.85	0.02	1.78
	VG	99	0.80	0.28**	2.02
	Restfehler	162	0.52	0.52	
	Heritabilität 6%				
<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	Variante (V)	1	69.69	0.67**	0.46
	Genotyp (G)	99	6.54	1.93**	3.25
	VG	99	2.68	0.05	4.53
	Restfehler	158	2.63	2.63	
	Heritabilität 59%				
<b>WH (cm)</b>	Variante (V)	1	401.58	3.63**	1.74
	Genotyp (G)	99	251.88	106.74**	12.29
	VG	99	38.39	-5.99	18.61
	Restfehler	159	44.37	44.37	
	Heritabilität 85%				
<b>KTM (dt/ha)</b>	Variante (V)	1	156.22	1.17*	1.76
	Genotyp (G)	99	109.16	34.80**	12.48
	VG	99	39.55	-3.55	18.34
	Restfehler	158	43.10	43.10	
	Heritabilität 64%				
<b>KTS (%)</b>	Variante (V)	1	0.20	0.00	0.08
	Genotyp (G)	99	1.81	0.86**	0.57
	VG	99	0.08	-0.06	1.07
	Restfehler	158	0.15	0.15	
	Heritabilität 95%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, Blüte = weibliche Blüte in Tagen nach der Aussaat, WH = Wuchshöhe in cm, KTS = Korntrockensubstanz in %, KTM = Korntrockenmasse in dt/ha, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

**Tab. 20 Varianzanalysen der Flint-Testkreuzungen über die Varianten ohne und mit Untersaat über die Standorte Göttingen und Wiebrechtshausen im Jahr 2011**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Blüte (Tage)</b>	Ort (O)	1	6069.89	30.34**	0.26
	Variante (V)	1	889.56	4.45+	0.21
	Genotyp (G)	99	7.00	1.33**	1.82
	OV	1	0.03	-0.02	0.37
	OG	99	1.69	-0.03	2.62
	GV	99	1.66	-0.04	2.62
	OVG	97	1.74	0.84**	2.65
	Restfehler	326	0.91	0.901	
Heritabilität 76%					
<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	Ort (O)	1	9165.29	45.81**	0.34
	Variante (V)	1	6072.85	17.92	63.4
	Genotyp (G)	99	11.26	1.78**	2.86
	OV	1	2489.45	24.87**	0.48
	OG	99	4.16	0.65*	3.36
	GV	99	3.27	0.20	3.36
	OVG	97	2.87	0.40	4.37
	Restfehler	307	2.47	2.47	
Heritabilität 63%					
<b>WH (cm)</b>	Ort (O)	1	269705.41	1348.19**	1.63
	Variante (V)	1	72111.75	-106.00	388.13
	Genotyp (G)	99	346.35	71.59**	10.87
	OV	1	93311.74	932.44**	2.31
	OG	99	60.00	-3.88	16.33
	GV	99	73.84	3.04	16.33
	OVG	98	67.75	17.25*	19.78
	Restfehler	308	50.50	50.50	
Heritabilität 83%					
<b>KTM (dt/ha)</b>	Ort (O)	1	4528.03	22.40**	1.38
	Variante (V)	1	22473.12	47.09	145.18
	Genotyp (G)	99	140.91	12.87*	13.27
	OV	1	13055.72	130.07**	1.96
	OG	99	89.44	20.40**	13.84
	GV	99	57.80	4.58	13.84
	OVG	98	48.64	5.33	18.32
	Restfehler	296	43.31	43.31	
Heritabilität 37%					

**Forts. Tab. 20 Varianzanalysen der Flint-Testkreuzungen über die Varianten ohne und mit Untersaat über die Standorte Göttingen und Wiebrechtshausen im Jahr 2011**

Merkmal	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
<b>KTS (%)</b>	Ort (O)	1	235.90	1.18**	0.07
	Variante (V)	1	83.37	0.25	7.24
	Genotyp (G)	99	4.27	0.98**	0.8
	OV	1	32.51	0.32**	0.11
	OG	99	0.33	0.09**	0.75
	GV	99	0.17	0.01	0.75
	OVG	98	0.14	0.01	1.02
	Restfehler	297	0.13	0.13	
Heritabilität 92%					

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, Blüte = weibliche Blüte in Tagen nach der Aussaat, WH = Wuchshöhe in cm, KTS = Korntrockensubstanz in %, KTM = Korntrockenmasse in dt/ha, +, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

**Tab. 21 Varianzanalysen der Dent-Testkreuzungen über die Varianten ohne und mit Untersaat über die Standorte Göttingen und Wiebrechtshausen im Jahr 2011**

Merkmal	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
<b>Blüte (Tage)</b>	Ort (O)	1	4852.17	24.26**	0.18
	Variante (V)	1	591.83	2.47	12.61
	Genotyp (G)	99	1.65	0.21**	1.26
	OV	1	98.46	0.98**	0.26
	OG	99	0.80	-0.03	1.85
	GV	99	0.80	-0.03	1.85
	OVG	99	0.87	0.34**	2.02
	Restfehler	304	0.53	0.53	
Heritabilität 51%					
<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	Ort (O)	1	1163.32	5.80**	0.32
	Variante (V)	1	2206.23	4.85	44.68
	Genotyp (G)	99	9.94	1.84**	2.26
	OV	1	1236.54	12.34**	0.46
	OG	99	2.59	-0.02	3.22
	GV	99	2.89	0.13	3.22
	OVG	99	2.63	0.37	4.18
	Restfehler	300	2.26	2.26	
Heritabilität 74%					

**Forts. Tab. 21 Varianzanalysen der Dent-Testkreuzungen über die Varianten ohne und mit Untersaat über die Standorte Göttingen und Wiebrechtshausen im Jahr 2011**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>WH (cm)</b>	Ort (O)	1	166295.96	831.29**	1.22
	Variante (V)	1	33141.84	47.58	195.3
	Genotyp (G)	99	351.91	74.41**	10.34
	OV	1	23626.45	235.89**	1.72
	OG	99	54.27	8.24*	12.2
	GV	99	29.86	-3.96	12.2
	OVG	99	37.78	-2.92	17.75
	Restfehler	321	40.70	40.70	
Heritabilität 85%					
<b>KTM (dt/ha)</b>	Ort (O)	1	71.85	0.18	1.19
	Variante (V)	1	9380.21	15.56	100.6
	Genotyp (G)	99	190.63	33.98**	10.38
	OV	1	6268.76	62.33**	1.68
	OG	99	54.71	9.50*	11.86
	GV	99	29.41	-3.15	11.86
	OVG	99	35.71	0.82	16.43
	Restfehler	318	34.89	34.89	
Heritabilität 71%					
<b>KTS (%)</b>	Ort (O)	1	372.34	1.86**	0.06
	Variante (V)	1	15.86	0.02	4.25
	Genotyp (G)	99	3.08	0.71**	0.69
	OV	1	11.21	0.11**	0.08
	OG	99	0.24	0.08**	0.56
	GV	99	0.10	0.01	0.56
	OVG	99	0.08	-0.05	1.02
	Restfehler	319	0.14	0.14	
Heritabilität 92%					

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, Blüte = weibliche Blüte in Tagen nach der Aussaat, WH = Wuchshöhe in cm, KTS = Korntrockensubstanz in %, KTM = Korntrockenmasse in dt/ha, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

Die phänotypischen Korrelationen zwischen den Merkmalen fielen für die einzelnen Versuche sehr unterschiedlich und teils entgegengesetzt aus (Tab. 22). KTM und WH waren positiv und meistens signifikant korreliert. Zwischen den Merkmalen Untersaat und KTM zeigte sich eine zumeist signifikant negative Korrelation mit ähnlicher, wenn auch nicht signifikanter, Tendenz für die WH. Blüte und KTS waren fast immer signifikant negativ korreliert, d.h. bei einer frühen Blüte entwickelte der Mais eine hohe KTS. Die Blüte war zudem häufig signifikant positiv mit der WH korreliert, d.h. Genotypen, die spät blühten erreichten eine größere WH. Der Chlorophyllgehalt war oft signifikant negativ mit der WH korreliert, bei den Flint Testkreuzungen mit Untersaat in Göttingen war Chlorophyll aber signifikant positiv korreliert. Für die Korrelation von Chlorophyll und KTM zeigten sich sowohl signifikant positive als auch negative Korrelationen, ohne dass sich ein genereller Unterschied zwischen den Varianten oder Materialgruppen gezeigt hätte.

**Tab. 22 Phänotypische Korrelationen der Flint- und Dent-Testkreuzungen in Göttingen und Wiebrechts-  
hausen im Jahr 2011**

GOE	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>		-0.229*				
FxT <sub>D1</sub>	<b>WH (cm)</b>		0.215*	-0.28**			
ohne US	<b>KTS (%)</b>		-0.504**	0.071	0.045		
	<b>KTM (dt/ha)</b>		0.019	-0.2*	0.075	0.027	
GOE	<b>Blüte (Tage)</b>	0.093					
FxT <sub>D1</sub>	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	-0.036	-0.253*				
mit US	<b>WH (cm)</b>	-0.022	0.032	0.199*			
	<b>KTS (%)</b>	-0.189	-0.403**	-0.046	0.071		
	<b>KTM (dt/ha)</b>	-0.155	-0.254*	0.318**	0.31**	0.276**	
GOE	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>		-0.186				
DxT <sub>F1</sub>	<b>WH (cm)</b>		0.27**	-0.208*			
ohne US	<b>KTS (%)</b>		-0.286**	0.119	-0.389**		
	<b>KTM (dt/ha)</b>		0.041	-0.31**	0.422**	-0.236*	
GOE	<b>Blüte (Tage)</b>	0.144					
DxT <sub>F1</sub>	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	-0.376**	-0.198*				
mit US	<b>WH (cm)</b>	-0.159	0.063	0.093			
	<b>KTS (%)</b>	0.033	-0.278**	-0.092	-0.143		
	<b>KTM (dt/ha)</b>	-0.245*	-0.115	0.181	0.389**	0.102	
WIE	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>		-0.138				
FxT <sub>D1</sub>	<b>WH (cm)</b>		0.016	-0.291**			
ohne US	<b>KTS (%)</b>		-0.447**	0.128	0.025		
	<b>KTM (dt/ha)</b>		-0.117	0.141	0.215*	0.093	
			<b>Untersaat (Bonitur)</b>	<b>Blüte (Tage)</b>	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	<b>WH (cm)</b>	<b>KTS (%)</b>

**Forts. Tab. 22 Phänotypische Korrelationen der Flint- und Dent-Testkreuzungen in Göttingen und Wiebrechts-hausen im Jahr 2011**

WIE	<b>Blüte (Tage)</b>	0.145					
FxT <sub>D1</sub>	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	0.119	-0.316**				
mit US	<b>WH (cm)</b>	-0.054	0.264**	-0.184			
	<b>KTS (%)</b>	-0.205*	-0.395**	0.025	0.082		
	<b>KTM (dt/ha)</b>	-0.299**	-0.032	0.037	0.149	0.182	
WIE	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>		-0.136				
DxT <sub>F1</sub>	<b>WH (cm)</b>		0.029	-0.036			
ohne US	<b>KTS (%)</b>		-0.12	0.091	-0.345**		
	<b>KTM (dt/ha)</b>		0.1	0.245*	0.377**	-0.212*	
WIE	<b>Blüte (Tage)</b>	0					
DxT <sub>F1</sub>	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	0.034	-0.186				
mit US	<b>WH (cm)</b>	-0.203*	0.335**	-0.326**			
	<b>KTS (%)</b>	0.035	-0.324**	0.126	-0.207*		
	<b>KTM (dt/ha)</b>	-0.361**	0.024	-0.01	0.467**	-0.166	
			<b>Untersaat (Bonitur)</b>	<b>Blüte (Tage)</b>	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	<b>WH (cm)</b>	<b>KTS (%)</b>

GOE = Göttingen, WIE = Wiebrechtshausen, F=Flint, D=Dent, T=Tester, T<sub>D1</sub>=3-Wege-Dent-Hybride, T<sub>F1</sub>=Einfach-Flint-Hybride, Blüte = weibliche Blüte in Tagen nach der Aussaat, WH = Wuchshöhe in cm, KTS = Korntrockensubstanz in %, KTM = Korntrockenmasse in dt/ha, +, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

Mittels einer grafischen Selektion nach KTM und KTS (beschrieben in Material und Methoden) wurden je Materialgruppe und Variante 22 Genotypen selektiert. Dabei gab es teilweise Überschneidungen in den Varianten (Tab. 23).

**Tab. 23 Selektierte Prüfglieder im Jahr 2011**

Material	Variante	selektierte Prüfglieder 2011																					
FxT <sub>D1</sub>	ohne US	6	13	24	26	41	43	<b>45</b>	50	55	<b>56</b>	59	60	<b>61</b>	<b>62</b>	63	<b>67</b>	<b>69</b>	<b>70</b>	<b>83</b>	86	89	<b>90</b>
FxT <sub>D1</sub>	mit US	4	12	14	27	31	38	39	<b>45</b>	48	<b>56</b>	57	<b>61</b>	<b>62</b>	66	<b>67</b>	<b>69</b>	<b>70</b>	71	73	79	<b>83</b>	<b>90</b>
DxT <sub>F1</sub>	ohne US	<b>1</b>	<b>2</b>	4	5	<b>9</b>	<b>10</b>	<b>13</b>	16	17	<b>19</b>	<b>20</b>	<b>23</b>	<b>26</b>	<b>33</b>	34	<b>48</b>	50	53	54	<b>58</b>	<b>59</b>	64
DxT <sub>F1</sub>	mit US	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>9</b>	<b>10</b>	<b>13</b>	14	18	<b>19</b>	<b>20</b>	22	<b>23</b>	25	<b>26</b>	27	29	<b>33</b>	38	<b>48</b>	<b>58</b>	<b>59</b>	62	79

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

## Versuchsjahr 2012

Die Mittelwerte für die Bonitur der Jugendentwicklung unterscheiden sich für die Materialgruppen und Varianten nicht wesentlich (Tab. 24). Auch die Untersaat und der Unkrautbesatz sind zwischen den Materialgruppen ähnlich. Sowohl Chlorophyllgehalt als auch WH und KTM sind wie im Vorjahr in der Variante mit Untersaat geringer. Die KTS ist höher als im Vorjahr, da die Werte an dem südlichen Standort Niederalteich deutlich höher ausfielen.

Für die Merkmale Jugendentwicklung, Chlorophyll, Blüte (Tab. 29), WH, KTM und KTS zeigten sich in allen vier Materialgruppen signifikante genotypische Unterschiede mit Ausnahme der KTM bei den Dent Testkreuzungen mit Untersaat (Tab. 25, 26, 27 und 28). Für die Untersaat zeigte sich keine signifikante genotypische Varianz. Nur bei dem Merkmal Unkrautbesatz bei den Dent Testkreuzungen mit Untersaat waren signifikante genotypische Unterschiede der Maisgenotypen zu beobachten.

Für die Flint Testkreuzungen ohne Untersaat ergab sich eine signifikante Interaktion von Genotyp und Ort in allen Merkmalen, während für die Flint Testkreuzungen mit Untersaat die Interaktion für die Merkmale Jugendentwicklung, Untersaat, Unkrautbesatz und Chlorophyll nicht und WH nur schwach signifikant mit  $P = 10\%$  ausfielen. Die Varianz der Interaktion von KTM und KTS war hoch signifikant mit  $P = 1\%$ . Für die Untersaatbonitur gab es keine signifikanten Unterschiede zwischen den Orten. Bei den Dent Materialgruppen traten kaum signifikante Genotyp x Ort Interaktionen auf. Nur für die KTS waren sie sowohl in der Variante ohne als auch mit Untersaat signifikant.

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

**Tab. 24 Mittelwerte der Flint und Dent Testkreuzungen über die Orte Göttingen, Wiebrechtshausen und Niederalteich (hier nur KTM und KTS) 2012**

	Parameter	Jugendentwicklung (Bonitur)	Untersaat (Bonitur)	Unkrautbesatz (Anzahl)	Chlorophyll (SPAD)	Blüte (Tage)	WH (cm)	KTM (dt/ha)	KTS (%)
FxT <sub>D2</sub>	Heritabilität (%)	67.61			84.45	87.81	81.56	82.82	93.49
ohne US selektiert	Grenzdifferenz	0.6			2.85	2.13	8.76	8.93	1
ohne US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>8.41</b>			<b>51.7</b>	<b>85.58</b>	<b>326.77</b>	<b>146.91</b>	<b>67.75</b>
DxT <sub>F2/F3</sub>	Heritabilität (%)	54.82			72.14	82.96	81.77	59.8	68.09
ohne US selektiert	Grenzdifferenz	0.58			3.17	2.35	8.44	9.63	1.13
ohne US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>8.25</b>			<b>54.39</b>	<b>83.09</b>	<b>332.06</b>	<b>145.11</b>	<b>66.71</b>
FxT <sub>D2</sub>	Heritabilität (%)	74	37.99	0	87.76		72.37	54.18	91.26
mit US selektiert	Grenzdifferenz	0.5	0.29	5.51	2.88		9.73	8.05	1.14
mit US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>8.26</b>	<b>2.72</b>	<b>9.08</b>	<b>46.43</b>		<b>314.26</b>	<b>129.04</b>	<b>67.04</b>
DxT <sub>F2/F3</sub>	Heritabilität (%)	79.68	0	47.28	80.58		76.9	22.53	76.2
mit US selektiert	Grenzdifferenz	0.42	0.41	3.18	2.99		10.18	10.1	0.98
mit US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>8.23</b>	<b>2.59</b>	<b>9.19</b>	<b>48.73</b>		<b>324.05</b>	<b>131.69</b>	<b>65.82</b>

F=Flint, D=Dent, T=Tester, T<sub>D2</sub>=3-Wege-Dent-Hybride, T<sub>F2</sub>=3-Wege-Flint-Hybride, T<sub>F3</sub>=Flint Linie, US=Untersaat, Grenzdifferenz bei 5% Irrtumswahrscheinlichkeit, WH=Wuchshöhe, KTM=Korntrockenmasse, KTS (%)=Korntrockensubstanz

**Tab. 25 Varianzanalysen der Flint-Testkreuzungen in der Variante ohne Untersaat über die Orte Göttingen, Wiebrechtshausen und Niederalteich (hier nur KTM und KTS) 2012**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Jugendentwicklung (Bonitur)</b>	Orte (O)	1	0.10	0.00	0.09
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	1.07	0.04**	0.13
	Genotypen (G)	23	0.52	0.09**	0.6
	GO	23	0.17	0.06**	0.44
	GB:O	46	0.05	-0.04	0.81
	Restfehler	276	0.08	0.08	
	Heritabilität 68%				
<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	Orte (O)	1	1030.25	21.43**	0.53
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	40.38	1.61**	0.74
	Genotypen (G)	23	24.40	5.15**	2.85
	GO	23	3.80	1.08**	2.57
	GB:O	46	1.63	-0.77	4.36
	Restfehler	92	2.41	2.41	
	Heritabilität 84%				
<b>WH (cm)</b>	Orte (O)	1	7339.85	152.61**	1.56
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	1388.15	57.24**	2.21
	Genotypen (G)	23	194.57	39.67**	8.76
	GO	23	35.88	10.69**	7.66
	GB:O	46	14.50	-4.32	12.08
	Restfehler	276	18.82	18.82	
	Heritabilität 82%				
<b>KTM (dt/ha)</b>	Orte (O)	2	14222.56	295.98**	1.59
	Blöcke in. Orten (B:O)	3	180.56	6.89**	2.25
	Genotypen (G)	23	343.82	47.46**	8.93
	GO	46	59.06	21.87**	7.81
	GB:O	69	15.31	-4.45	12.36
	Restfehler	414	19.77	19.77	
	Heritabilität 83%				
<b>KTS (%)</b>	Orte (O)	2	1177.84	24.54**	
	Blöcke in. Orten (B:O)	3	0.22	0.01+	0.17
	Genotypen (G)	23	11.43	1.78**	1
	GO	46	0.74	0.33**	0.59
	GB:O	69	0.09	0.04**	0.64
	Restfehler	414	0.05	0.05	
	Heritabilität 93%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe in cm, KTM = Korntrockenmasse in dt/ha, KTS = Korntrockensubstanz in %, +, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 1 %

**Tab. 26 Varianzanalysen der Dent-Testkreuzungen in der Variante ohne Untersaat über die Orte Göttingen, Wiebrechtshausen und Niederalteich (hier nur KTM und KTS) im Jahr 2012**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Jugendentwicklung (Bonitur)</b>	Orte (O)	1	0.93	0.02**	0.12
	Tester (T)	1	7.77	0.17+	0.17
	OT	1	0.00	0.00	0.18
	Genotypen (G)	22	0.35	0.05*	0.58
	GO	22	0.16	0.04+	0.6
	GT	19	0.21	0.06*	0.6
	GOT	19	0.08	0.02	0.67
	Restfehler	246	0.06	0.06	
Heritabilität 55%					
<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	Orte (O)	1	963.05	20.87**	0.74
	Tester (T)	1	44.53	-0.26	19.94
	OT	1	56.66	2.34**	1.04
	Genotypen (G)	22	16.79	3.03**	3.17
	GO	22	4.68	0.92	3.53
	GT	19	1.24	-0.80	3.53
	GOT	19	2.85	0.14	4.63
	Restfehler	82	2.71	2.71	
Heritabilität 72%					
<b>WH (cm)</b>	Orte (O)	1	8888.67	192.68**	2.2
	Tester (T)	1	5826.89	123.80+	30.43
	OT	1	131.90	4.63*	3.11
	Genotypen (G)	22	181.81	37.17**	8.44
	GO	22	33.15	3.88	10.55
	GT	19	32.96	3.78	10.55
	GOT	19	25.40	9.18+	11.22
	Restfehler	246	16.22	16.22	
Heritabilität 82%					
<b>KTM (dt/ha)</b>	Orte (O)	2	30061.67	652.48**	2.91
	Tester (T)	1	108.94	-36.49	37.55
	OT	2	2626.99	112.16**	4.11
	Genotypen (G)	22	170.33	16.98**	9.63
	GO	44	68.47	10.53	13.94
	GT	19	19.79	-9.21	11.38
	GOT	38	47.41	23.24**	13.67
	Restfehler	367	24.17	24.17	
Heritabilität 60%					

**Forts. Tab. 26 Varianzanalysen der Dent-Testkreuzungen in der Variante ohne Untersaat über die Orte Göttingen, Wiebrechtshausen und Niederalteich (hier nur KTM und KTS) im Jahr 2012**

Merkmal	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
<b>KTS (%)</b>	Orte (O)	2	1197.14	26.02**	0.17
	Tester (T)	1	0.01	-0.03	0.99
	OT	2	1.84	0.07**	0.24
	Genotypen (G)	22	2.94	0.33**	1.13
	GO	44	0.94	0.39**	0.82
	GT	19	0.35	0.06*	0.67
	GOT	38	0.16	0.09**	0.74
	Restfehler	367	0.07	0.07	
Heritabilität 68%					

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe in cm, KTM = Korntrockenmasse in dt/ha, KTS = Korntrockensubstanz in %, +, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

**Tab. 27 Varianzanalysen der Flint-Testkreuzungen in der Variante mit Untersaat über die Orte Göttingen, Wiebrechtshausen und Niederalteich (hier nur KTM und KTS) im Jahr 2012**

Merkmal	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
<b>Jugendentwicklung (Bonitur)</b>	Orte (O)	1	5.17	0.11**	0.13
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	0.68	0.03**	0.19
	Genotypen (G)	22	0.45	0.08**	0.5
	GO	22	0.12	0.01	0.63
	GB:O	44	0.10	0.03*	0.72
	Restfehler	264	0.07	0.07	
Heritabilität 74%					
<b>Untersaat (Bonitur)</b>	Orte (O)	1	0.01	0.00	0.09
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	4.26	0.18**	0.13
	Genotypen (G)	22	0.06	0.01	0.29
	GO	22	0.04	-0.01	0.45
	GB:O	44	0.05	0.02*	0.5
	Restfehler	264	0.03	0.03	
Heritabilität 38%					
<b>Unkrautbesatz (Anzahl)</b>	Orte (O)	1	1949.30	42.14**	1.38
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	13.86	0.14	1.95
	Genotypen (G)	22	11.72	-0.60	5.51
	GO	22	14.14	1.71	6.6
	GB:O	44	10.72	6.41**	5.79
	Restfehler	176	4.31	4.31	
Heritabilität 0%					

**Forts. Tab. 27 Varianzanalysen der Flint-Testkreuzungen in der Variante mit Untersaat über die Orte Göttingen, Wiebrechtshausen und Niederalteich (hier nur KTM und KTS) im Jahr 2012**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	Orte (O)	1	3436.63	74.64**	0.76
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	107.75	4.54**	1.08
	Genotypen (G)	22	31.44	6.90**	2.88
	GO	22	3.85	0.28	3.65
	GB:O	44	3.28	0.70	4.48
	Restfehler	176	2.58	2.58	
	Heritabilität 88%				
<b>WH (cm)</b>	Orte (O)	1	39428.95	856.56**	2.19
	Blöcke in. Orten (B:O)	2	822.93	34.60**	3.1
	Genotypen (G)	22	159.47	28.85**	9.73
	GO	22	44.06	8.44+	10.51
	GB:O	44	27.19	-0.84	14.74
	Restfehler	264	28.02	28.02	
	Heritabilität 72%				
<b>KTM (dt/ha)</b>	Orte (O)	2	15390.13	334.06**	2.02
	Blöcke in. Orten (B:O)	3	911.63	38.62**	2.85
	Genotypen (G)	22	104.36	9.42*	8.05
	GO	44	47.82	12.17**	9.67
	GB:O	66	23.47	3.68	12.37
	Restfehler	396	19.79	19.79	
	Heritabilität 54%				
<b>KTS (%)</b>	Orte (O)	2	1220.18	26.52**	
	Blöcke in. Orten (B:O)	3	4.03	0.17**	0.2
	Genotypen (G)	22	10.98	1.67**	1.14
	GO	44	0.96	0.42**	0.69
	GB:O	66	0.12	0.04**	0.76
	Restfehler	396	0.08	0.08	
	Heritabilität 91%				

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe in cm, KTM = Korntrockenmasse in dt/ha, KTS = Korntrockensubstanz in %, +, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

**Tab. 28 Varianzanalysen der Dent-Testkreuzungen in der Variante mit Untersaat über die Orte Göttingen, Wiebrechtshausen und Niederalteich (hier nur KTM und KTS) im Jahr 2012**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Jugendentwicklung (Bonitur)</b>	Orte (O)	1	3.05	0.06**	0.2
	Tester (T)	1	1.81	0.04	0.83
	OT	1	0.09	0.00	0.28
	Genotypen (G)	21	0.41	0.08**	0.42
	GO	21	0.08	-0.06	0.93
	GT	19	0.18	-0.01	0.93
	GOT	19	0.20	0.14**	0.68
	Restfehler	240	0.06	0.06	
Heritabilität 80%					
<b>Untersaat (Bonitur)</b>	Orte (O)	1	0.21	0.00*	0.1
	Tester (T)	1	3.59	0.00	4.99
	OT	1	3.40	0.15**	0.14
	Genotypen (G)	21	0.04	-0.01	0.41
	GO	21	0.08	0.02	0.46
	GT	19	0.04	0.00	0.46
	GOT	19	0.05	0.01	0.53
	Restfehler	240	0.04	0.04	
Heritabilität 0%					
<b>Unkrautbesatz (Anzahl)</b>	Orte (O)	1	1760.96	39.84**	1.26
	Tester (T)	1	9.27	-0.56	15.8
	OT	1	34.03	1.18+	1.78
	Genotypen (G)	21	8.90	1.05+	3.18
	GO	21	4.69	-1.65	5.92
	GT	19	11.99	2.00	5.92
	GOT	19	8.00	3.84*	5.69
	Restfehler	160	4.15	4.15	
Heritabilität 47%					
<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	Orte (O)	1	2786.12	63.26**	0.72
	Tester (T)	1	244.07	4.24	20.57
	OT	1	57.65	2.50**	1.02
	Genotypen (G)	21	21.35	4.30**	2.99
	GO	21	4.15	0.77	3.38
	GT	19	2.95	0.17	3.38
	GOT	19	2.61	0.19	4.35
	Restfehler	160	2.42	2.42	
Heritabilität 81%					

**Forts. Tab. 28 Varianzanalysen der Dent-Testkreuzungen in der Variante mit Untersaat über die Orte Göttingen, Wiebrechtshausen und Niederalteich (hier nur KTM und KTS) im Jahr 2012**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>WH (cm)</b>	Orte (O)	1	30637.71	695.06**	3.31
	Tester (T)	1	1993.46	18.91	92.33
	OT	1	1161.64	50.30**	4.69
	Genotypen (G)	21	207.27	39.85**	10.18
	GO	21	47.88	-3.64	15.54
	GT	19	28.24	-13.46	15.54
	GOT	19	55.15	33.10**	13.08
	Restfehler	240	22.05	22.05	
Heritabilität 77%					
<b>KTM (dt/ha)</b>	Orte (O)	2	25776.12	585.11**	2.42
	Tester (T)	1	2276.49	32.27+	9.08
	OT	2	146.88	5.25*	3.42
	Genotypen (G)	21	97.07	3.64	10.1
	GO	42	75.20	21.94**	11.33
	GT	19	46.26	4.98	9.25
	GOT	38	31.32	11.21*	12.47
	Restfehler	360	20.11	20.11	
Heritabilität 23%					
<b>KTS (%)</b>	Orte (O)	2	1110.01	25.22**	0.2
	Tester (T)	1	0.06	-0.02	0.92
	OT	2	1.49	0.06**	0.28
	Genotypen (G)	21	2.99	0.38**	0.98
	GO	42	0.71	0.25**	0.92
	GT	19	0.29	0.03	0.75
	GOT	38	0.21	0.12**	0.82
	Restfehler	360	0.09	0.09	
Heritabilität 76%					

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe in cm, KTM = Korntrockenmasse in dt/ha, KTS = Korntrockensubstanz in %, +, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10 %, 5 %, 1 %

**Tab. 29 Varianzanalyse des Merkmals Blüte für die Materialsätze FxT<sub>D2</sub> und DxT<sub>F2</sub> und DxT<sub>F3</sub> in Wiebrechtshausen im Jahr 2012**

Material	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
FxT <sub>D2</sub>	Block (B)	1	2.08	0.04	0.62
	Genotyp (G)	23	8.73	3.83**	2.13
	Gb	23	1.06	0.10	2.74
	Restfehler	138	0.96	0.96	
Heritabilität 88%					
DxT <sub>F2/F3</sub>	Tester (T)	1	69.85	2.98**	0.69
	Genotyp (G)	22	7.39	3.07**	2.35
	GT	19	1.26	0.22	2.86
	Restfehler	123	1.04	1.04	
Heritabilität 83%					

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

Für beide Materialgruppen ohne Untersaat bestand eine signifikant negative Korrelation zwischen den Merkmalen Blüte und Chlorophyll und eine signifikant positive zwischen Blüte und KTM (Tab. 30). Früh blühende Genotypen zeigten also hohe SPAD-Werte, aber hatten einen niedrigeren KTM. Bei den Flint Testkreuzungen ohne Untersaat korrelierte die Jugendentwicklung signifikant positiv mit dem KTM. In den Materialgruppen ohne Untersaat zeigte sich eine signifikant negative Korrelation zwischen WH und Chlorophyll und eine signifikant positive zwischen WH und KTM. Zudem war eine signifikant negative Korrelation zwischen Chlorophyll und KTM zu beobachten.

In den Materialgruppen mit Untersaat waren insgesamt wenige Korrelationen signifikant. In dem Flint Material mit Untersaat bestand eine signifikant negative Korrelation zwischen WH und Chlorophyll, während in dem Dent Material mit Untersaat die WH signifikant negativ mit dem Unkrautbesatz korreliert war. Ebenfalls im Dent Material zeigte sich eine signifikant positive Korrelation von Chlorophyll und Untersaat.

**Tab. 30 Phänotypische Korrelationen der Flint und Dent Testkreuzungen über die Orte Göttingen, Wiebrechtshausen und Niederalteich (hier nur KTM und KTS) 2012**

FxT <sub>D2</sub>	<b>Blüte (Tage)</b>	0.208					
ohne US sel.	<b>WH (cm)</b>	0.159	0.369				
ohne US	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	-0.176	-0.723**	-0.599**			
	<b>KTS (%)</b>	-0.398	0.027	-0.022	0.084		
	<b>KTM (dt/ha)</b>	0.456*	0.614**	0.683**	-0.593**	-0.163	
<hr/>							
DxT <sub>F2/F3</sub>	<b>Blüte (Tage)</b>	-0.236					
ohne US sel.	<b>WH (cm)</b>	0.252	0.207				
ohne US	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	-0.201	-0.536**	-0.552**			
	<b>KTS (%)</b>	0.054	-0.321	-0.336	0.285		
	<b>KTM (dt/ha)</b>	0.197	0.428*	0.528**	-0.548**	-0.33	
<hr/>							
		<b>Jugend. (Bonitur)</b>	<b>Blüte (Tage)</b>	<b>WH (cm)</b>	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	<b>KTS (%)</b>	
<hr/>							
FxT <sub>D2</sub>	<b>US (Bonitur)</b>	-0.148					
mit US sel.	<b>WH (cm)</b>	-0.234	0.201				
mit US	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	-0.05	-0.241	-0.509*			
	<b>KTS (%)</b>	0.057	0.354	0.196	-0.002		
	<b>Unkraut. (Anzahl)</b>	-0.089	0.118	0.049	0.003	-0.043	
	<b>KTM (dt/ha)</b>	0.145	-0.13	-0.009	-0.203	-0.21	-0.449*
<hr/>							
DxT <sub>F2/F3</sub>	<b>US (Bonitur)</b>	0.282					
mit US sel.	<b>WH (cm)</b>	0.24	0.084				
mit US	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	0.366	0.491*	-0.172			
	<b>KTS (%)</b>	0.328	0.27	-0.09	0.051		
	<b>Unkraut. (Anzahl)</b>	-0.359	-0.152	-0.431*	-0.377	0.035	
	<b>KTM (dt/ha)</b>	-0.072	-0.01	0.387	-0.177	-0.201	-0.008
<hr/>							
		<b>Jugend. (Bonitur)</b>	<b>Untersaat (Bonitur)</b>	<b>WH (cm)</b>	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	<b>KTS (%)</b>	<b>Unkraut. (Anzahl)</b>
<hr/>							

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

Im Versuchsjahr 2012 wurden erneut nach einer grafischen Selektion basierend auf KTM und KTS je Materialgruppe sieben Genotypen selektiert (Tab. 31). Auch in diesem Jahr gab es einige Überschneidungen zwischen den Varianten. Die Dent bzw. Flint Linien aus den selektierten Testkreuzungen sollten dann je Selektionsgruppe, d.h. ohne oder mit Untersaat selektiert, faktoriell im Winterzuchtgarten gekreuzt werden, um die Experimentalhybriden im Versuchsjahr 2013 prüfen zu können.

**Tab. 31 Selektierte Prüfglieder im Jahr 2012**

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

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

## Versuchsjahr 2013

Die Mittelwerte der Merkmale Jugendentwicklung, Chlorophyll und WH waren in der Variante ohne Untersaat höher als in der Variante mit Untersaat (Tab. 33). Die Blüte war in der Variante mit Untersaat später, die KTS aber höher. Die Mittelwerte für den KTM waren mit Untersaat höher als ohne Untersaat.

Es zeigte sich für alle Merkmale ein signifikanter Unterschied zwischen den Varianten und signifikante genotypische Unterschiede (Tab. 34). Für das Merkmal KTS gab es zudem eine signifikante Interaktion von Varianten und Genotypen innerhalb der Selektionsgruppen. Für die Selektionsgruppen zeigte sich kein signifikanter Unterschied. Für das Merkmal Untersaat war ein signifikanter genotypischer Unterschied zu beobachten (Tab. 32). Die Wiederholbarkeit dieses Merkmals war in der Selektionsgruppe ohne Untersaat deutlich höher als in der mit Untersaat selektierten Gruppe (Tab. 33). Die Heritabilität lag zwischen 70% und 92%.

Über beide Selektionsgruppen und Varianten war die Jugendentwicklung signifikant negativ mit der Blüte korreliert, d.h. Genotypen mit einer schnellen Jugendentwicklung blühten früher (Tab. 28). Bei den Experimentalhybriden, die in der Variante ohne Untersaat selektiert wurden, zeigte sich zudem eine signifikant negative Korrelation zwischen Jugendentwicklung und WH, d.h. dass Genotypen mit einer schnellen Jugendentwicklung eine geringe WH erreichten.

**Tab. 32 Varianzanalyse der Merkmals Untersaat (Bonitur) am Standort Göttingen im Jahr 2013**

Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
Selektionsgruppe (S)	1	0.09	-0.03	0.48
Genotyp innerhalb S	56	0.86	0.27+	2.19
Restfehler	56	0.60	0.60	

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

**Tab. 33 Mittelwerte der ohne und mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden am Standort Göttingen im Jahr 2013**

	Parameter	Jugendentwicklung (Bonitur)	Untersaat (Bonitur)	Chlorophyll (SPAD)	Blüte (Tage)	WH (cm)	KTM (dt/ha)	KTS (%)
Exp.Hyb.	Wiederholbarkeit (%)	58.14		45.72	65.17	84.5	48.99	89.48
ohne US selektiert	Grenzdifferenz	1.20		3.77	2.57	12.32	21.95	1.09
ohne US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>4.84</b>		<b>52.98</b>	<b>87.50</b>	<b>290.32</b>	<b>115.13</b>	<b>66.47</b>
Exp.Hyb.	Wiederholbarkeit (%)	66.15		48.81	72.15	81.17	37.10	89.78
mit US selektiert	Grenzdifferenz	1.11		3.75	2.00	12.77	22.61	1.03
ohne US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>5.17</b>		<b>52.28</b>	<b>86.78</b>	<b>285.07</b>	<b>107.84</b>	<b>66.45</b>
Exp.Hyb.	Wiederholbarkeit (%)	52.8	31.48	42.5	40.61	68.39	22.57	86.72
ohne US selektiert	Grenzdifferenz	1.37	2.04	4.08	4.27	15.85	26.45	1.12
mit US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>4.40</b>	<b>5.30</b>	<b>51.02</b>	<b>88.22</b>	<b>272.62</b>	<b>120.59</b>	<b>66.64</b>
Exp.Hyb.	Wiederholbarkeit (%)	43.27	4.80	43.72	18.8	63.89	49.76	64.00
mit US selektiert	Grenzdifferenz	1.43	2.44	4.34	3.82	15.12	26.99	1.62
mit US getestet	<b>Mittelwert</b>	<b>4.69</b>	<b>5.17</b>	<b>49.98</b>	<b>87.30</b>	<b>267.05</b>	<b>118.73</b>	<b>66.69</b>

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

**Tab. 34 Varianzanalysen der ohne und mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden am Standort Göttingen 2013**

<b>Merkmal</b>	<b>Varianzursache</b>	<b>FG</b>	<b>MQ</b>	<b>Varianzkomponente</b>	<b>GD</b>
<b>Jugendentwicklung (Bonitur)</b>	Variante (V)	1	5.24	0.08**	0.16
	Selektionsgruppe (S)	1	0.93	0.00	0.4
	Genotyp innerhalb S	56	1.18	0.49**	0.9
	VS	1	0.01	-0.01	0.23
	VG innerhalb S	56	0.20	0.01	1.24
	Restfehler	112	0.20	0.20	
	Heritabilität 83%				
<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	Variante (V)	1	126.59	2.07**	0.57
	Selektionsgruppe (S)	1	11.81	0.06	1.03
	Genotyp innerhalb S	56	7.98	2.80**	3.1
	VS	1	0.49	-0.06	0.8
	VG innerhalb S	56	2.39	0.48	3.87
	Restfehler	112	1.90	1.90	
	Heritabilität 70%				
<b>Blüte (Tage)</b>	Variante (V)	1	9.03	0.13*	0.43
	Selektionsgruppe (S)	1	7.06	0.02	0.89
	Genotyp innerhalb S	56	5.91	2.28**	2.33
	VS	1	0.16	-0.04	0.6
	VG innerhalb S	56	1.35	0.06	3.19
	Restfehler	112	1.29	1.29	
	Heritabilität 77%				
<b>WH (cm)</b>	Variante (V)	1	7561.42	125.59**	1.86
	Selektionsgruppe (S)	1	462.63	2.41	6.52
	Genotyp innerhalb S	56	317.79	145.95**	10.19
	VS	1	1.04	-0.83	2.63
	VG innerhalb S	56	25.89	2.20	13.64
	Restfehler	112	23.69	23.69	
	Heritabilität 92%				
<b>KTM (dt/ha)</b>	Variante (V)	1	2016.75	32.23**	3.34
	Selektionsgruppe (S)	1	745.07	7.75	6.12
	Genotyp innerhalb S	56	279.92	98.42**	18.3
	VS	1	148.91	2.19	4.72
	VG innerhalb S	51	83.07	13.01	23.52
	Restfehler	88	70.07	70.07	
	Heritabilität 70%				

**Forts. Tab. 34 Varianzanalysen der ohne und mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden am Standort Göttingen 2013**

Merkmal	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
KTS (%)	Variante (V)	1	4.56	0.07**	0.25
	Selektionsgruppe (S)	1	0.03	-0.06	0.71
	Genotyp innerhalb S	56	3.73	1.63**	1.36
	VS	1	0.05	-0.01	0.35
	VG innerhalb S	51	0.46	0.28**	1.19
	Restfehler	88	0.18	0.18	
Heritabilität 88%					

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, Blüte = weibliche Blüte in Tagen nach der Aussaat, WH = Wuchshöhe in cm, KTS = Korntrockensubstanz in %, KTM = Korntrockenmasse in dt/ha, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

**Tab. 35 Phänotypische Korrelationen der ohne und mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden am Standort Göttingen im Jahr 2013**

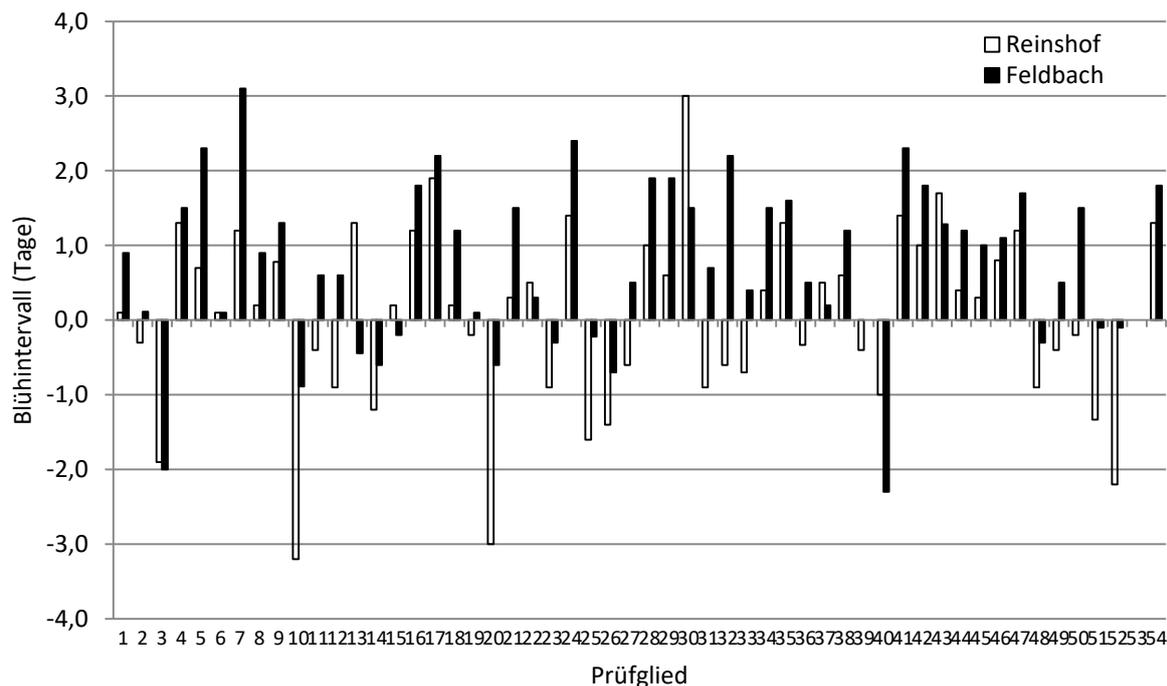
Exp.Hyb.	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	0.096					
ohne US sel.	<b>Blüte (Tage)</b>	-0.589**		-0.569**			
ohne US	<b>WH (cm)</b>	-0.506**		-0.077	0.333		
	<b>KTS (%)</b>	-0.07		-0.129	0.169	0.528**	
	<b>KTM (dt/ha)</b>	0.321		0.047	-0.443*	-0.211	-0.393*
Exp.Hyb.	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	-0.13					
mit US sel.	<b>Blüte (Tage)</b>	-0.697**		0.04			
ohne US	<b>WH (cm)</b>	-0.241		-0.001	-0.062		
	<b>KTS (%)</b>	0.243		-0.508**	-0.281	0.322	
	<b>KTM (dt/ha)</b>	0.322		0.001	-0.289	-0.001	-0.169
Exp.Hyb.	<b>Untersaat (Bonitur)</b>	-0.256					
ohne US sel.	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	0.002	-0.063				
mit US	<b>Blüte (Tage)</b>	-0.538**	0.19	-0.36			
	<b>WH (cm)</b>	-0.403*	0.296	-0.309	0.322		
	<b>KTS (%)</b>	-0.263	-0.152	-0.088	0.219	0.297	
	<b>KTM (dt/ha)</b>	0.158	0.009	0.172	-0.344	-0.045	-0.369
Exp.Hyb.	<b>Untersaat (Bonitur)</b>	-0.353					
mit US sel.	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	-0.177	-0.054				
mit US	<b>Blüte (Tage)</b>	-0.51**	-0.077	-0.049			
	<b>WH (cm)</b>	-0.18	0.239	-0.215	0.111		
	<b>KTS (%)</b>	0.039	-0.094	-0.284	-0.155	0.265	
	<b>KTM (dt/ha)</b>	0.077	-0.13	0.289	-0.083	0.113	-0.486*
		<b>Jugend. (Bonitur)</b>	<b>Untersaat (Bonitur)</b>	<b>Chlorophyll (SPAD)</b>	<b>Blüte (Tage)</b>	<b>WH (cm)</b>	<b>KTS (%)</b>

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

## AP3: „Blühbiologische Untersuchungen zur Optimierung der Entwicklung offen abblühender Maissorten für den Ökologischen Landbau“

### Untersuchungen zum Blühintervall an 54 Hybriden im Jahr 2011

Im Mittel lag das BI in Göttingen bei 0.1 und in Feldbach bei 0.8 Tagen, d.h. die Blüte war etwa zeitgleich bzw. die weibliche Blüte war etwas früher. Sowohl zwischen den Orten als auch den Genotypen gab es einen signifikanten Unterschied und auch eine signifikante Interaktion zwischen beiden Faktoren (Abb. 2, Tab. 36). Die Heritabilität für das Merkmal lag bei 83%. Das mittlere BI der Hybriden für Pop1 lag bei -0,1, das mittlere BI der Hybriden für Pop2 bei 0,1 und für Pop3 bei 1,8 Tagen (Tab. 37, 38 und 39).



**Abb. 2 Mittelwerte des Blühintervalls von 54 Hybriden für die Standorte Göttingen und Feldbach, CH im Jahr 2011**

Blühintervall (Tage) ist als die Differenz zwischen dem Beginn der männlichen und der weiblichen Blüte angegeben, ein negativer Wert bedeutet Protandrie, ein positiver Wert Protogynie

**Tab. 36 Varianzanalyse des Blühintervalls an 54 Hybriden über die Standorte Göttingen und Feldbach, CH im Jahr 2011**

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

**Heritabilität 83%**

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

**Tab. 37 Blühintervalle der Hybriden für Population 1 (zur Blüte am wüchsigsten )**

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

**Tab. 38 Blühintervalle der Hybriden für Population 2 (kurzes Blühintervall)**

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

**Tab. 39 Blühintervalle der Hybriden für Population 2 (langes Blühintervall)**

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

### Selbstbefruchtungsrate in den offen abgeblühten und entfahnten Populationsvarianten

Die Mittelwerte der BI in 2014 entsprechen in etwa denen von 2011 (Tab. 40). Der Unterschied zwischen den Populationen ist hochsignifikant bei P=1% (Tab. 42 und 43). In Tab. 41 sind die Mittelwerte über die Orte für WH und KTM dargestellt. Bei der Betrachtung der Pop1 und 3 mit allen Saatgutherkünften zeigte sich für das Merkmal WH ein hoch signifikanter Unterschied bei P=1% für die Saatgutherkünfte und eine signifikante Interaktion mit P=5% für Herkunft und Population. Für die KTM zeigte sich ein signifikanter Unterschied bei P=1% für die Orte Göttingen und Einbeck (Tab. 42). Bei der Betrachtung der Pop1, 2 und 3 mit nur zwei Saatgutherkünften (Tab. 43) zeigten sich für die WH hochsignifikante Unterschiede bei P=1% für die Herkunft und die Interaktion Herkunft und Population und signifikante Unterschiede bei P=5% für Population und Variante sowie eine schwach signifikante Varianz mit P=10% für Herkünfte und Orte. Für das Merkmal KTM war nur ein signifikanter Unterschied bei P=1% für die Orte zu beobachten. Für das BI zeigten sich signifikante Ortsunterschied bei P=5%, und bei der Betrachtung der Pop1 und 3 zusätzlich signifikante Varianzen mit P=10% für die Interaktion Herkunft und Ort sowie Variante. Bei der Betrachtung aller drei Populationen mit nur zwei Saatgutherkünften zeigten sich die Interaktionen Variante und Population mit P=10% und Variante und Herkunft mit P=5% signifikant.

Die Heritabilität für das Merkmal BI war mit 99% sehr hoch. Für die WH lag die Heritabilität bei 75% und 88%. Für die KTM lag sie bei 0%.

**Tab. 40 Mittelwerte der Blühintervalle je Population über 3 Wiederholungen**

	Schweiz & Göttingen 2011	Göttingen 2014	Einbeck 2014	Göttingen & Einbeck 2014
Population 1	-0,1	-0,36	0,17	-0,09
Population 2	0,1	0,18	0,69	0,43
Population 3	1,8	1,72	2,07	1,89

**Tab. 41 Mittelwerte der Wuchshöhe und der Korntrockenmasseerträge für die Populationen 1, 2 und 3 über die Orte Göttingen und Einbeck**

Population	Saatgutherkunft	Variante	Wuchshöhe (cm)	Korntrockenmasseertrag (kg/Parzelle)
1	Göttingen/Ballenhausen	offen abgeblüht	297,67	12,12
		entfahnt	296,50	11,73
	Deppoldshausen	offen abgeblüht	309,33	12,21
		entfahnt	300,00	12,05
	Hombrechtikon (CH)	offen abgeblüht	309,50	12,46
		entfahnt	315,83	12,48
2	Göttingen/Ballenhausen	offen abgeblüht	309,00	12,7
		entfahnt	296,50	12,56
	Deppoldshausen	offen abgeblüht	312,67	11,61
		entfahnt	315,33	12,66
3	Göttingen/Ballenhausen	offen abgeblüht	299,83	12,05
		entfahnt	294,00	11,87
	Deppoldshausen	offen abgeblüht	296,00	11,87
		entfahnt	292,00	12,49
	Hombrechtikon (CH)	offen abgeblüht	303,50	11,69
		entfahnt	303,67	11,83

**Tab. 42 Varianzkomponenten für die Merkmale Blühintervall, Wuchshöhe und Korntrockenmasse für Populationen 1 und 3 für drei Saatgutherkünfte (Göttingen/Ballenhausen, Deppoldshausen und Hombrechtikon (CH)) über die Orte Göttingen und Einbeck**

Varianzursache	Blühintervall (Tage)	Wuchshöhe (cm)	Korntrockenmasseertrag (kg/Parzelle)
Orte (O)	9,03*	2.62	274.92**
Population (P)	183,43**	4.02	0.73
PO	0,39	0.14	0.53
Herkunft (H)	1,27	17.79**	0.31
HO	2,68+	1.02	1.24
HP	1,52	4.14*	1.19
HPO	0,23	0.79	1.49
Variante (V)	3,64+	1.27	0.7
VO	0,07	0.04	0.00
VP	2,26	0.2	0.17
VH	1,42	2.04	0.44
VPO	0,92	0.03	0.31
VHP	1,15	0.78	0.29
VHO	0,03	0.44	0.14
VHPO	0,6	1.65	0.10
Heritabilität (%)	99	75	0.00

\*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

**Tab. 43** Varianzkomponenten für die Merkmale Blühintervall, Wuchshöhe und Korntrockenmasseertrag für Populationen 1, 2 und 3 für zwei Saatgutherkünfte (Göttingen/Ballenhausen und Deppoldshausen) über die Orte Göttingen und Einbeck

Varianzursache	Blühintervall (Tage)	Wuchshöhe (cm)	Korntrockenmasseertrag (kg/Parzelle)
Orte (O)	6,84*	2.99	152.67**
Population (P)	71,33**	8.39*	0.54
PO	0,4	0.91	0.86
Herkunft (H)	0,25	13.31**	0.01
HO	0,84	4.33+	2.87
HP	0,37	8.52**	0.98
HPO	1,0	0.82	0.29
Variante (V)	2,75	5.46*	0.23
VO	0,00	0.00	0.00
VP	2,61+	0.00	0.6
VH	5,38*	0.47	1.8
VPO	0,31	0.19	0.48
VHP	0,97	2.47	0.26
VHO	0,99	0.84	0.13
VHPO	1,07	1.38	0.75
Heritabilität (%)	99	88	0.00

+, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 10%, 5 %, 1 %

Nur für die Saatgutherkunft Deppoldshausen ließ sich ein signifikanter Unterschied in der Anzahl homozygoter und heterozygoter Loci zwischen den Varianten offen abgeblüht und entfahnt feststellen. Bei dem Saatgut aus der offen abgeblühten Variante waren mehr homozygote Loci vorhanden (Tab. 44).

**Tab. 44** Vergleich der Anzahl homozygoter und heterozygoter loci der offen abgeblühten und entfahnten Varianten der Population 1

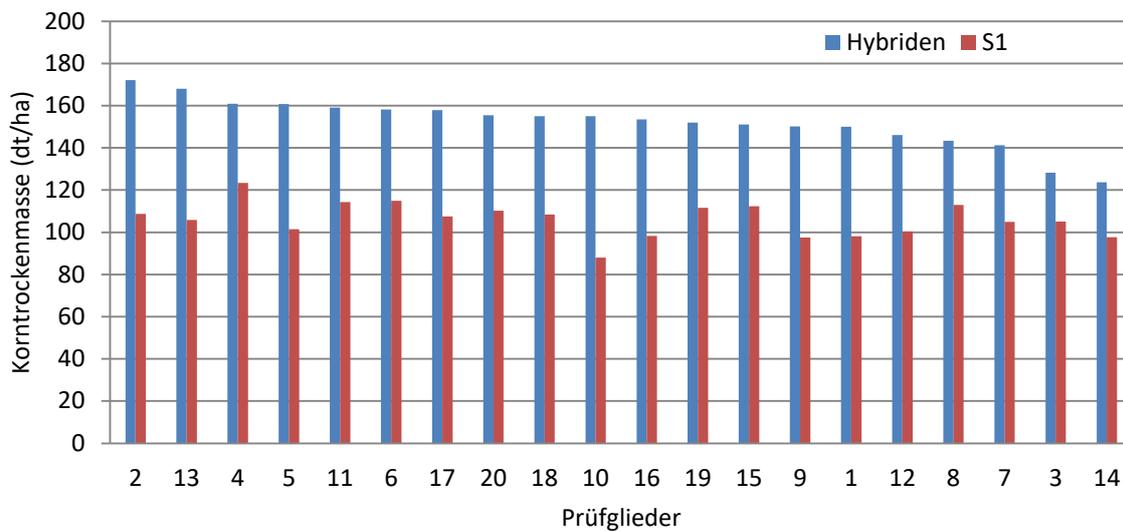
Saatgutherkunft	Variante	Anzahl	Anzahl	Chiquadrat-
		homozygote Loci	heterozygote Loci	Test
Ballenhausen	offen abgeblüht	4833	3061	-
	entfahnt	4726	3167	
Deppoldshausen	offen abgeblüht	4916	2960	**
	entfahnt	4619	3299	
Hombrechtikon (CH)	offen abgeblüht	4720	3155	-
	entfahnt	4671	3264	

\*\* = signifikant unterschiedlich nach Chiquadrat-Test bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von 5%

Die Ergebnisse der Leistungsprüfung der offen abgeblühten und entfahnten Populationen sowie die Markeranalyse wurden in einer Masterarbeit von Stephanie Esemann bearbeitet.

### Leistungsrückgang nach Selbstbefruchtung

Im Mittel über die beiden Standorte Göttingen und Wiebrechtshausen lag der KTM bei den Hybriden bei 153,15 dt/ha und bei den S1 bei 106,06 dt/ha, das entspricht einem Leistungsrückgang von 30,7%. In Abb. 3 sind die KTM aller Hybriden und ihrer S1 über zwei Orte gemittelt dargestellt. Es zeigten sich signifikante Unterschiede zwischen den Hybriden und der S1 mit P=10% sowie zwischen den Orten mit P=1% für die Merkmale WH, KTM und KTS (Tab. 45). Für WH und KTS konnten auch signifikante genotypische Unterschiede mit P=1% festgestellt werden, nicht jedoch für den KTM. Für den KTM zeigte sich eine signifikante Interaktion zwischen dem Faktor Inzuchtstatusgruppe und Ort mit P=5%. Für WH und KTS war eine signifikante Interaktion von Genotyp und Inzuchtstatusgruppe mit P=5% bzw. P=1%, sowie für KTS eine signifikante Interaktion von Genotyp und Ort mit P=1% festzustellen.



**Abb. 3** Korntrockenmasseerträge der Hybriden und ihrer Nachkommenschaft aus Selbstung (S1) im Mittel über die Orte Göttingen und Wiebrechtshausen

**Tab. 45 Varianzanalysen der Merkmale Wuchshöhe, Korntrockenmasseertrag und Korntrockensubstanz zum Vergleich der Hybriden und ihrer Nachkommenschaft aus Selbstung**

Merkmal	Varianzursache	FG	MQ	Varianzkomponente	GD
WH (m)	Ort (O)	1	1.7258	0.043**	0.04
	Inzuchtstatusgruppe (I)	1	2.8088	0.0699+	0.31
	Genotyp (G)	19	0.0695	0.0155**	0.13
	IO	1	0.0123	0.0003	0.05
	GO	19	0.0074	0.0008	0.16
	GI	19	0.0141	0.0042*	0.16
	GIO	19	0.0057	-0.0024	0.25
	Restfehler	74	0.0081	0.0081	
Heritabilität 60%					
KTM (dt/ha)	Ort (O)	1	7734.58	190.62**	4.93
	Inzuchtstatusgruppe (I)	1	43058.13	1063.30+	65.16
	Genotyp (G)	19	229.14	16.38	18.93
	IO	1	526.01	20.80*	6.97
	GO	19	163.62	26.85	22.03
	GI	19	134.11	12.09	22.03
	GIO	18	109.93	33.06	24.71
	Restfehler	73	76.87	76.87	
Heritabilität 18%					
KTS (%)	Ort (O)	1	60.83	1.52**	0.15
	Inzuchtstatusgruppe (I)	1	19.46	0.49+	0.44
	Genotyp (G)	19	7.93	1.84**	1.13
	IO	1	0.02	0.00	0.22
	GO	19	0.58	0.24**	0.68
	GI	19	0.61	0.25**	0.68
	GIO	18	0.11	-0.07	1.17
	Restfehler	73	0.17	0.17	
Heritabilität 82%					

FG = Freiheitsgrade, MQ = Varianz, GD = Grenzdifferenz bei 5 % Irrtumswahrscheinlichkeit, WH = Wuchshöhe in cm, KTM = Korntrockenmasse in dt/ha, KTS = Korntrockensubstanz in %, \*, \*\* = Signifikanz bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von P = 5 %, 1 %

## 5. Diskussion der Ergebnisse

### AP2: „Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit optimaler Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut“

#### Bemerkungen zur Untersaat und zur Anlage der Feldversuche

Die Mischung aus Winterroggen (*Secale cereale*), Wegwarte (*Cichorium intybus*, Sorte „Grasslands Puna“) und Buchweizen (*Fagopyrum esculentum*) sollte einkeimblättrige und zweikeimblättrige Pflanzen sowie Knöterichgewächse als Unkraut simulieren.

Nicht alle Mischungspartner der Untersaat waren in den Parzellen entsprechend der angestrebten Bestandesdichte vertreten. So dominierte trotz der zunächst erfolgreichen Etablierung sämtlicher Mischungspartner mit fortschreitender Vegetation der Buchweizen. Der Roggen war ca. vier Wochen nach Auflaufen der Untersaat kaum noch zu sehen, da ihm das Licht von dem schneller wachsenden Buchweizen genommen wurde. Die Wegwarte verzeichnete im Versuchsjahr 2013, nachdem es nach der Aussaat eine längere Trockenperiode gegeben hatte, einen höheren Anteil in der Mischung als in den Jahren zuvor. Weitere Informationen zu der Entwicklung dieser und anderer Untersaaten sind im Abschlussbericht zum AP 1, FKZ 10OE108, „Entwicklung von Untersaaten und Untersaatenmischungen zur Reduzierung des Unkrautdruckes in Mais“ zu finden.

Obwohl schon im ersten Versuchsjahr 2011 der Buchweizen in der Untersaatmischung dominierte, wurde dennoch diese Mischung beibehalten um die Versuchsbedingungen möglichst konstant zu halten.

Trotz Einsaat dieser unkrautsimulierenden Untersaat ist es nicht gänzlich gelungen den Selektionsdruck über das ganze Versuchsfeld gleichmäßig zu halten. Obwohl vor der Aussaat der Untersaat eine intensive mechanische und manuelle Unkrautbekämpfung stattgefunden hat, war es nicht gelungen die natürliche Verunkrautung auszuschließen, während dies in der Variante ohne Untersaat weitestgehend gelang. Nach der Einsaat der Untersaat lief weiteres Unkraut auf, das dann nur noch schwer zu bekämpfen war. Der natürliche Unkrautdruck war von Ort zu Ort und Jahr zu Jahr bzw. Feld zu Feld unterschiedlich. Auch innerhalb eines Versuches trat das Unkraut nicht gleichmäßig auf. Auch die Untersaat selbst war nicht völlig gleichmäßig über einen Versuch hinweg. So zeigten sich teilweise signifikante Unterschiede nicht nur zwischen Orten sondern auch zwischen Wiederholungen und Blöcken (Tab. 15, 27 und 28). Unter diesem Gesichtspunkt wäre es eventuell besser gewesen die Varianten ohne und mit Untersaat nicht als getrennte Versuche anzulegen, sondern zusammen in einer Spalt-Anlage. Dies war aus versuchstechnischen Gründen aber nicht möglich. Dadurch, dass bei einer Gitteranlage die Parzellenwerte mit den Blockeffekten adjustiert werden, ließen sich Unterschiede in der Untersaat teilweise ausgleichen.

Es wäre auch denkbar gewesen die Untersaat früher auszusäen, um dem Mais nicht so viel Vorsprung in der Entwicklung zu geben und noch einen höheren Selektionsdruck zu erzeugen. Dann hätte aber, insbesondere bei für den Mais ungünstiger kühler Witterung im Frühjahr, das Risiko bestanden, dass die Untersaat den Mais überwächst und die Versuche nicht verwertbar gewesen wären.

## Fehlstellen und Ertragskorrektur

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

Aufgrund blühbiologisch ungünstiger Bedingungen sowie technischen Schwierigkeiten bei der Produktion des Saatgutes für die Testkreuzungen und Experimentalhybriden im Winterzuchtgarten kam es zu Problemen bei der Saatgutqualität. Diese wirkte sich unter den widrigen Wachstumsbedingungen 2013 umso deutlicher aus und führte zu den enormen Fehlstellen beim Mais.

Der KTM, der als Selektionsmerkmal diente, wurde daraufhin bezüglich der Anzahl Pflanzen wie in Material und Methoden beschrieben korrigiert, da die Anzahl fehlender Pflanzen nicht auf den Genotyp an sich, sondern auf Vogelfraß und Probleme bei der Saatgutqualität zurückzuführen war. Anstelle des Parzellenertrages, bzw. des daraus errechneten KTM in dt/ha den Einzelpflanzenenertrag zur Selektion zu verwenden wäre nicht sinnvoll gewesen, da bei Mais die Nachbarpflanzen den Ertrag einer fehlenden Pflanze zum Teil kompensieren können. Der Einzelpflanzenenertrag wäre bei den Genotypen mit Fehlstellen gegenüber solchen mit wenigen Fehlstellen in der Parzelle erhöht gewesen.

Im Versuchsjahr 2013 waren die Korrekturfaktoren, in den Varianten mit Untersaat höher als in denen ohne Untersaat. Das erscheint sinnvoll, da Licht, Nährstoffe und Wasser, die die fehlenden Maispflanzen nicht verbrauchen nicht allein den vorhandenen Maispflanzen zur Verfügung stehen, sondern auch durch die Untersaat genutzt werden und der Mais den Ertrag der fehlenden Pflanzen dadurch weniger gut kompensieren kann. Dieser mögliche Zusammenhang zeigte sich in den anderen Versuchen nicht. Die Höhe der Korrekturfaktoren zeigte weder für die Varianten noch die Materialgruppen ein einheitliches Bild.

Durch die Ertragskorrektur lässt sich eine höhere Aussagekraft der Versuche erzielen. Dennoch ist dieses Verfahren gegenüber einer direkten Ertragsmessung vergleichsweise ungenau. Die Heritabilität des KTM schwankte zwischen 23% bei den Dent Testkreuzungen mit Untersaat 2012 (Tab. 28) und 83% bei den Flint Testkreuzungen ohne Untersaat ebenfalls 2012 (Tab. 25). Im Versuchsjahr 2013 erreichte der KTM aber eine Heritabilität von 70% (Tab. 34).

## **Korn trockenmasseertrag und Korn trockensubstanz**

Im Ausgangsmaterial des ersten Versuchsjahres zeigte sich nur für die Flint Testkreuzungen in Göttingen eine schwach signifikante Interaktion zwischen Genotyp und Variante für das Merkmal KTM (Tab. 16), obwohl die Mittelwerte sich zumindest an diesem Standort für beide Materialgruppen deutlich unterschieden (Tab. 14). Daraus erklärt sich auch, dass in beiden Varianten teilweise die gleichen Genotypen selektiert wurden (Tab. 23), da KTM und KTS als Selektionsmerkmale dienten. Für die KTS zeigte sich 2011 nur in den Flint Testkreuzungen in Wiebrechtshausen eine schwach signifikante Interaktion zwischen Genotyp und Variante (Tab. 18).

Generell zeigte sich in der Variante mit Untersaat im Jahr 2011 eine etwas geringere KTS (Tab. 14), die signifikant negativ mit dem Blühzeitpunkt korreliert war (Tab. 22). Genotypen, die später blühten, zeigten auch eine geringere KTS. Die Entwicklung der Maispflanzen mit Untersaat war leicht verzögert.

Es bestand über die Jahre keine eindeutige Korrelation zwischen KTM und KTS. Vereinzelt zeigte sich eine signifikant negative bzw. positive Korrelation, während in der Regel keine statistisch gesicherter Zusammenhang vorlag. Üblicherweise sind KTM und KTS negativ miteinander korreliert, da Genotypen, die früher abreifen eine verkürzte Vegetationsdauer zur Kornfüllung nutzen können.

Im zweiten Versuchsjahr wurden die Flint und Dent Testkreuzungen nur in der Variante angebaut, in der sie auch selektiert worden waren. So konnten bei gleichem Versuchsumfang mehr Wiederholungen je Versuch durchgeführt werden, um dadurch den Versuchsfehler zu verringern. Allerdings ist aufgrund dessen kein Vergleich der Selektionsgruppen über die Varianten möglich. Die KTM und die KTS sind zwar mit Untersaat geringer, lassen sich aber schlecht zwischen den Varianten vergleichen, da nicht dieselben Genotypen mit und ohne Untersaat getestet wurden (Tab. 24). Ungeachtet dessen wurden auch in diesem Jahr bei den Flint bzw. Dent Testkreuzungen in den beiden Varianten zu großen Teilen die gleichen Genotypen selektiert (Tab. 31).

Im dritten Versuchsjahr zeigte sich beim Vergleich der mit bzw. ohne Untersaat selektierten Experimentalhybriden weder im Anbau ohne Untersaat noch im Anbau mit Untersaat ein signifikanter Unterschied zwischen den Selektionsgruppen (Tab. 34). Der KTM war in der Variante mit Untersaat höher als ohne Untersaat. Dies lässt sich aber nicht auf das Anbauverfahren an sich zurückführen, sondern zeugt eher von Bodenunterschieden zwischen den Versuchen.

## **Untersaat und Unkrautbesatz als Merkmal**

Für das Merkmal Untersaat ließ sich nur im letzten Versuchsjahr ein schwach signifikanter Unterschied zwischen den Genotypen innerhalb der Selektionsgruppen ausmachen (Tab. 32). Bei der Betrachtung der einzelnen Selektionsgruppen zeigte sich dieser Unterschied nur bei den Experimentalhybriden, die ohne Untersaat selektiert worden waren (Daten nicht gezeigt). Für den Unkrautbesatz, der 2012 erfasst wurde, zeigte sich für die Dent Kreuzungen ein schwach signifikanter genotypischer Unterschied in der Verrechnung über die Orte (Tab. 28).

Im ersten Versuchsjahr zeigte sich eine teils signifikante, wenn auch nicht sehr enge, negative Korrelation zwischen Untersaat und KTM (Tab. 22). Für die Dent Testkreuzungen mit Untersaat zeigte sich zudem eine relativ schwach ausgeprägte, signifikant negative Korrelation zur WH in Wiebrechtshausen und zum Chlorophyllgehalt in Göttingen. Im Jahr 2012 hingegen zeigte sich eine

signifikant positive Korrelation zwischen Untersaat und Chlorophyll für die Dent Testkreuzungen mit Untersaat. 2013 gab es keine signifikante Korrelation (Tab. 35). Für die Flint Testkreuzungen war eine signifikant negative Korrelation zwischen Unkrautbesatz und KTM zu beobachten (Tab. 30).

Ein negativer Zusammenhang zwischen Menge der Untersaat und der Höhe des KTM wäre zu erwarten gewesen, wie er sich in den Mittelwerten (Tab. 14) und auch den Korrelationen (Tab. 22) im ersten Versuchsjahr zeigte, war in den folgenden Versuchsjahren aber nicht zu beobachten. Es lässt sich nicht ganz eindeutig sagen, ob die Untersaat eventuell nicht genug Stress für den Mais darstellte und sich daher nicht in allen Jahren eindeutige Zusammenhänge zum KTM und anderen Merkmalen wie der WH zeigten, oder ob die Versuche aufgrund der vielen Fehlstellen bei den Maispflanzen oder der oben beschriebenen Heterogenität der Untersaat zu ungenau waren.

Im ersten Versuchsjahr lag die Wiederholbarkeit des Merkmals Untersaat jedoch auch nur zwischen 0% und 11% (Tab. 15), bzw. die Heritabilität bei einer Verrechnung über die Orte bei 33% für die Flint und bei 16% für die Dent Testkreuzungen. 2012 lag sie bei 38% bzw. 0% (Tab. 27 und 28) und im letzten Versuchsjahr bei 31% bei den ohne Untersaat selektierten und 5% bei den mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden (Tab. 33). Diese Werte unterstreichen, dass es auch durch Einsaat dieser Untersaatmischung als Unkrautsimulation nicht gelungen ist einen gleichmäßigen Selektionsdruck herzustellen.

### **Chlorophyllgehalt und Jugendentwicklung**

Für den Chlorophyllgehalt zeigten sich in allen Versuchen hoch signifikante Unterschiede sowohl zwischen Genotypen als auch zwischen Varianten. Nur am Standort Göttingen zeigte sich in 2011 eine signifikante Interaktion zwischen beiden Faktoren (Tab. 16 und 17). Die Chlorophyllgehalte, die indirekt durch die SPAD-Messungen erfasst wurden, stehen in Zusammenhang mit dem Stickstoffgehalt der Maispflanzen. Daher zeugen geringe Chlorophyllgehalte von einer Konkurrenz durch die Untersaat. Die vergleichsweise geringen Chlorophyllgehalte der Variante mit Untersaat zeigen, dass die Untersaat dem Mais durchaus Konkurrenz gemacht hat.

Die Korrelationen, die das Merkmal Chlorophyll mit anderen Merkmalen zeigte, sind nicht ganz eindeutig. Im ersten Versuchsjahr sind die Chlorophyllgehalte häufig signifikant negativ, wenn auch eher lose, mit dem Blühzeitpunkt korreliert, d.h. Genotypen, die früh blühten hatten einen höheren Chlorophyllgehalt. Zudem war Chlorophyll teilweise signifikant negativ, wenn auch wieder eher lose, mit der WH korreliert. Weniger massenwüchsige Genotypen verbrauchten weniger Stickstoff und zeigten einen Mangel daher später auf. Für die Flint Testkreuzungen mit Untersaat in Göttingen zeigte sich allerdings eine signifikant positive, wenn auch geringe Korrelation zur WH. Für die Dent Testkreuzungen zeigte sich in Göttingen in der Variante mit Untersaat ein signifikant negativer Zusammenhang zwischen Chlorophyll und Untersaat. Zum KTM zeigten sich sowohl signifikant negative wie positive Korrelationen, die weder für Materialgruppen noch Varianten eindeutig waren (Tab. 22).

Für die Versuche 2012 ohne Untersaat war eine hoch signifikante negative Korrelation zwischen Chlorophyllgehalt und Blüte, WH sowie KTM zu beobachten (Tab. 30). In der Variante mit Untersaat zeigte sich hier für die Flint Testkreuzungen im Gegensatz zum Vorjahr keine positive sondern eine signifikant negative Korrelation zur WH. Das lässt sich möglicherweise dadurch erklären, dass Testkreuzungen geprüft wurden. D.h. die Flint Linien, die im letzten Versuchsjahr in Kreuzung mit den

ebenfalls ohne und mit Untersaat selektierten Dent Linien als Experimentalhybriden getestet wurden, wurden nicht als Linie, sondern in Kreuzung mit einem Tester geprüft. In den verschiedenen Jahren wurden unterschiedliche Tester eingesetzt, da es in der Hybridzüchtung wichtig ist, dass die Linien in Kombination mit verschiedenen Testern eine gute Leistung zeigen (Burger, 2008). Die unterschiedliche Richtung der Korrelation zwischen Chlorophyll und WH könnte daher durch die verschiedenen Tester bedingt sein. Bei den Dent Testkreuzungen war ein signifikant positiver Zusammenhang vom Chlorophyllgehalt mit der Untersaat zu verzeichnen. Möglicherweise ist dies auf eine teils heterogene Stickstoffversorgung im Versuchsfeld zurückzuführen. Eine höhere Stickstoffverfügbarkeit könnte sich demnach sowohl für die Untersaat als auch den Mais wachstumsfördernd ausgewirkt haben. Die nicht bestehende Korrelation von KTM und Untersaat wäre dann auch erklärlich.

Im letzten Versuchsjahr zeigten sich ausschließlich in der Variante ohne Untersaat signifikant negative Korrelationen zwischen Chlorophyll und Blüte bei den ohne Untersaat selektierten sowie zwischen Chlorophyll und KTS bei den mit Untersaat selektierten Experimentalhybriden (Tab. 35). Hier zeigte sich der gleiche Zusammenhang wie in 2011, d.h. dass weniger wüchsige Genotypen i.d.R. einen geringeren Stickstoffbedarf entwickeln.

Insgesamt waren zwar die Chlorophyllgehalte mit Untersaat niedriger, es zeigten sich aber selten signifikante Korrelationen zu der bonitierten Untersaat. Während die Heritabilität des Merkmals Chlorophyll zwischen 53% und 88% lag, zeigte die der Untersaat eine sehr geringe Wiederholbarkeit, so dass der Nachweis eines solchen Zusammenhangs auch kaum zu erwarten war.

Das Merkmal Jugendentwicklung wurde in den Jahren 2012 und 2013 erfasst. Es waren signifikante Unterschiede zwischen den Genotypen und zwischen den Varianten (2013) zu beobachten (Tab. 25, 26, 27, 28 und 34). Im Versuchsjahr 2012 zeigte sich für die Flint Testkreuzungen ohne Untersaat eine signifikant positive Korrelation zwischen Jugendentwicklung und KTM (Tab. 30). Im letzten Versuchsjahr war die Jugendentwicklung durchgängig signifikant negativ mit dem Zeitpunkt der Blüte korreliert (Tab. 34). Die Genotypen mit einer schnellen Jugendentwicklung blühten auch früher. Bei den Experimentalhybriden, die ohne Untersaat selektiert worden waren, war zudem in beiden Varianten eine signifikant negative Korrelation zur WH festzustellen.

### **Bewertung der Unkrautsimulation durch Untersaat**

Zur Erfassung der Unkrauttoleranz erfolgte ein vergleichender Anbau von Mais-Genotypen unter den Bedingungen „geringe Unkrautkonkurrenz“ versus „hohe Unkrautkonkurrenz“. Die Bedingungen „geringe Unkrautkonkurrenz“ wurden in der Variante ohne Untersaat umgesetzt, die durch die mechanische und manuelle Unkrautbekämpfung nahezu unkrautfrei war. Die Bedingungen „hohe Unkrautkonkurrenz“ sollten durch die Einsaat der unkrautsimulierenden Untersaat erreicht werden. Da sich nur im ersten Versuchsjahr eine klare Stressreaktion der Maispflanzen durch die Untersaat in Form von geringerem Ertrag, WH und Chlorophyllgehalten zeigte, ist nicht eindeutig zu sagen, ob diese Untersaat in der Mischung aus Roggen, Wegwarte und Buchweizen wirklich eine hohe Konkurrenz darstellte. Wenn die Untersaat früher, eventuell zeitgleich mit dem Mais, ausgesät worden wäre, wäre die Bekämpfung der natürlichen Verunkrautung mechanisch nicht mehr möglich gewesen. Selbst mit intensiver Unkrautbekämpfung war es nicht möglich die natürliche Verunkrautung weitgehend auszuschließen und so eine gleichmäßige Untersaat als Simulation eines gleichmäßigen

Unkrautdruckes zur Selektion zu schaffen. Die Wiederholbarkeit bzw. Heritabilität des Merkmals Untersaat war so gering, dass sich kaum Korrelationen zeigten.

Als Selektionsmerkmal diente der KTM. Da es aufgrund von Vogelfraß und Problemen bei der Saatgutqualität teilweise zu erheblichen Fehlstellen kam, musste der KTM bezüglich der Anzahl fehlender Pflanzen in der Parzelle korrigiert werden. Die Heritabilität für das Merkmal KTM schwankte sehr und war zum Teil sehr niedrig. Daher ist die Aussagekraft des Merkmals eingeschränkt, zumal im letzten Versuchsjahr nur ein Standort ausgewertet werden konnte.

Als besonders für den ökologischen Landbau wichtige Eigenschaften von Maisgenotypen werden eine gute Keimfähigkeit, eine rasche Jugendentwicklung und eine hohe Toleranz gegenüber Nährstoff-Defizit-Situationen beschrieben (Schmidt und Burger 2010). Eine gute Keimfähigkeit ist im ökologischen Landbau besonders wichtig, da das Saatgut nicht gebeizt wird und so zum Schutz vor Vogelfraß bei der Aussaat möglichst tief abgelegt werden sollte. Da der Stickstoff aus organischem Dünger insbesondere bei kühler Witterung nicht gleich zu Beginn der Vegetationszeit dem Mais voll zu Verfügung steht, ist eine hohe Toleranz gegenüber diesen Nährstoff-Defizit-Situationen wichtig, damit die Jugendentwicklung zügig sein kann und der Mais dem Unkraut davon wächst. Auch wenn sich in diesem Projekt aufgrund der schwierigen Versuchsbedingungen keine signifikanten Korrelationen zwischen Jugendentwicklung und KTM unter hohem Unkrautdruck zeigten, dürfte eine rasche Jugendentwicklung essentiell für eine gute Unkrauttoleranz sein.

Um die Genauigkeit der Versuche zu erhöhen wäre denkbar gewesen mehr Maiskörner je m<sup>2</sup> auszusäen und später zu vereinzeln. Allerdings standen für diese großflächigen Versuche nur begrenzte Saatgutmengen zur Verfügung. Darüber hinaus hätte die teils mangelnde Qualität des Saatgutes aus dem Winterzuchtgarten weiterhin eine uneinheitliche Entwicklung der Maispflanzen unter widrigen Bedingungen verursacht.

Prinzipiell könnte das Saatgut für die Testkreuzungen und Experimentalhybriden auch in Deutschland hergestellt werden, aber dann würden die Versuche doppelt so lange dauern, weil nicht jeweils eine Saison im Wintergarten gespart würde.

### **Schlussfolgerungen**

- Es konnte kein Unterschied zwischen den Selektionsgruppen festgestellt werden.
- Eine Selektion mit Untersaat als Unkrautsimulation ist nicht unbedingt notwendig.
- Eine schnelle Jugendentwicklung ist das wichtigste Merkmal für Unkrauttoleranz.
- Eine gute mechanische Unkrautbekämpfung ist essentiell.

### **AP3: „Blühbiologische Untersuchungen zur Optimierung der Entwicklung offen abblühender Maissorten für den Ökologischen Landbau“**

In den Untersuchungen des BI an 54 modernen Maishybriden in 2011 zeigte sich, dass sie mit einem BI von 0,45 Tagen gemittelt über beide Orte entgegen den Lehrbüchern Protogynie aufweisen. Die weibliche Blüte kommt vor der männlichen und somit ist Selbstbefruchtung prinzipiell möglich, da Mais über kein Inkompatibilitätssystem verfügt.

Bei der Entwicklung von Hybridsorten kommt es aus zwei Gründen zu Protogynie. Für die Herstellung von Hybriden müssen zunächst Inzuchtlinien erzeugt werden. Mittlerweile geschieht dies vorwiegend mittels DH-Technik, aber vorher wurden Inzuchtlinien in Mais durch Selbstung hergestellt. Wenn das BI aber sehr weit auseinander liegt, ist es nicht so einfach möglich eine Pflanze mit sich selbst zu kreuzen. Daher erfolgte indirekt eine Selektion auf ein geringes BI.

Des Weiteren ist es so, dass die weibliche Blüte durch Stress, wie zum Beispiel Trockenheit, verzögert und das BI in die Länge gezogen werden kann (Uribelarrea et al. 2002, Pagano et al. 2007, Bolaños und Edmeades 1993). In einer heterogenen Population hat das nicht unbedingt gravierende Auswirkungen, aber bei einer homogenen Hybridsorte könnte es bei einer starken Verzögerung der weiblichen Blüte dazu führen, dass die männliche Blüte schon vorbei ist, wenn die Narbenfäden geschoben werden und keine Körner ausgebildet werden.

Trotz hoch signifikanter Interaktion von Genotyp und Ort in Bezug auf das BI (Tab. 36) ist das BI der Populationen über die Jahre konstant geblieben (Tab. 40) und zeigte eine sehr hohe Heritabilität von 99% (Tab. 42 und 43).

Bei der Markeranalyse der Pop1 zeigte sich nur für die Pflanzen einer Herkunft ein signifikant höherer Anteil homozygoter Loci in der offen abgeblühten gegenüber der entfalteten Variante (Tab. 44). Bei dem Leistungsvergleich der Populationen, bei denen jeweils eine Variante aus dem offen abgeblühten Teil der Isolierparzellen und die andere Variante aus dem entfalteten Teil der Isolierparzellen stammte, ließen sich keine signifikanten Unterschiede für den Ertrag feststellen. Es gab Probleme bei der Saatgutqualität bei dem Saatgut, das aus den Isolierparzellen in Deutschland stammte, die zu erheblichen Fehlstellen bei den Maispflanzen führte. Trotz einer Ertragskorrektur bezüglich der Anzahl Pflanzen war die Heritabilität des Merkmals 0% (Tab. 42 und 43).

Bei dem Vergleich der Hybriden und ihrer S1 hat sich ein signifikanter Unterschied zwischen den beiden Inzuchtstatusgruppen gezeigt (Tab. 45). Im Mittel über alle Genotypen belief sich die Differenz auf 30,7%. Es zeigte sich nur bei den Merkmalen WH und KTS nicht aber KTM ein signifikanter Unterschied zwischen den Genotypen, aber auch in diesem Versuch gab es viele Fehlstellen bei den Maispflanzen und der Ertrag musste korrigiert werden. Die Heritabilität des KTM war mit 18% bei den Genotypen innerhalb ihrer Inzuchtstatusgruppe sehr niedrig, daher sind die Ergebnisse nur begrenzt aussagekräftig.

Auch wenn die Unterschiede im Ertrag zwischen den Genotypen nicht signifikant werden, sind in Abb. 3 unterschiedlich hohe Leistungsrückgänge der S1en gegenüber den Hybriden zu erkennen. Für die Merkmale WH und KTM wurde die Interaktion von Genotyp und Inzuchtstatusgruppe signifikant. Es könnte also sinnvoll sein, bei der Auswahl der Eltern für eine Population nicht nur auf die Leistung der Hybriden selbst, sondern auch auf die Ertragsreduktion nach Selbstbefruchtung zu achten.

Bei einer angenommenen Selbstungsrate von 10%, d.h. 10% der Pflanzen der Population würden einen Leistungsrückgang von 30,7% verzeichnen, würde dies in der gesamten Population zu einem Leistungsrückgang von 3,07% führen. Bei einer Selbstungsrate von 20% wären es 6,14% und bei 30% würde die Leistung um 9,21% zurückgehen. Ein Ertragsunterschied von 3% ist in Feldversuchen kaum eindeutig zu erfassen. Um das Ausmaß der Inzuchtdepression durch eine unterschiedliche Selbstungsrate in Populationen mit kurzem und langem BI feststellen zu können, müssten die Feldversuche sehr umfangreich sein.

Der Unterschied im Blühintervall zwischen Pop2 mit 0,1 Tagen und Pop3 mit 1,8 Tagen erscheint in Anbetracht der von Eschholz (2008) gefundenen Differenz zwischen maximaler Pollenschüttung und maximalem Narbenschieben von 2,3 bis 7,5 Tagen bei Landsorten als nicht sehr groß. Aber, da bei den modernen Hybriden Protogynie vorliegt, bedeutet ein Unterschied von 1,7 Tagen im BI, dass die Narbenfäden 1,7 Tage lang von Pollen anderer Pflanzen bestäubt werden kann, bevor die Pflanze selbst Pollen schüttet.

Dennoch kam es kaum zu signifikanten Unterschieden im Ertrag zwischen den Varianten der Population, die aus offener Bestäubung kamen und denen, die von den entfahnten Pflanzen abstammten. Auf dem Weg zu den Narbenfäden wird der Pollen so stark mit dem Pollen der anderen Pflanzen vermischt, dass es kaum zu Selbstbefruchtung kommt.

### **Schlussfolgerungen**

- Das Blühintervall von modernen Hybriden ist deutlich verkürzt.
- Es liegt überwiegend Protogynie vor.
- Die Selbstbefruchtungsrate ist dennoch sehr gering.
- Auch bei einem deutlichen Ertragsrückgang nach Selbstbefruchtung ergeben sich für das Ertragsniveau einer Population keine Auswirkungen.

## **6. Angaben zum voraussichtlichen Nutzen und zur Verwertbarkeit der Ergebnisse.**

Aufgrund der Ergebnisse aus den vorliegenden Untersuchungen ist es nicht unbedingt nötig eine Untersaat als Unkrautsimulation in den Mais zu säen um unkrauttolerante Genotypen selektieren zu können.

Für eine effektive Unkrautkontrolle ist eine intensive mechanische oder auch thermische Unkrautbekämpfung unerlässlich. Einige Untersaatenmischungen, die in den Mais gesät werden können einen Beitrag zur Unkrautunterdrückung leisten. Informationen dazu sind dem Abschlussbericht zum AP 1, FKZ 10OE108, „Entwicklung von Untersaaten und Untersaatenmischungen zur Reduzierung des Unkrautdruckes in Mais“ zu entnehmen. Der Anteil zur Unkrautunterdrückung, den Maisgenotypen eventuell leisten können, ist zu vernachlässigen.

Die Merkmale, die zur Unkrauttoleranz beitragen, wie rasche Jugendentwicklung und Nährstoff-Effizienz, können auch in Versuchen ohne Untersaat untersucht werden, zumal die Versuche mit Untersaat sehr aufwändig sind.

Eine Möglichkeit die Effizienz der Unkraut simulierenden Untersaat als Selektionsumwelt zu erhöhen könnte darin bestehen, den Unkrautdruck durch eine frühere Aussaat noch zu verstärken. Die Probleme die natürliche Verunkrautung zu kontrollieren würden dann aber noch steigen.

Für die Nutzung von modernen Hybriden als Eltern einer Population stellt ein kurzes BI kein Hindernis dar. Der Anteil der spontanen Selbstbefruchtung und des damit verbundenen Ertragsrückganges ist sehr gering.

## 7. Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen; Hinweise auf weiterführende Fragestellungen

### **AP2: Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit optimaler Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut**

Die Feldversuche wurden im Wesentlichen wie im Antrag formuliert umgesetzt. In der Saison 2011 wurden nicht 2x88 sondern 2x90 Testkreuzungen mit 2x10 anstelle von 2x12 Checks an zwei Ökostandorten geprüft.

Die selektierten 44 Dent und 44 Flint Linien wurden im Winterzuchtgarten der KWS nicht mit zwei Linien aus den Versuchen von 2011 gekreuzt, sondern mit Testerlinien bzw.-hybriden der KWS. Aus Saatguttechnischen Gründen war dies nicht anders möglich.

In der Saison 2012 wurden die Testkreuzungen mit Checks in 7x7 an vier Ökostandorten mit und ohne Untersaat geprüft, und nicht wie im Antrag an zwei Ökostandorten ohne und mit und an drei weiteren nur ohne Untersaat. Aufgrund von Problemen bei der Aussaat konnte die Untersaat an einem der zusätzlichen Standorte (Grucking) nicht richtig etabliert werden und der Standort wurde nicht in die Auswertung aufgenommen. Die Flint Testkreuzungen mit dem Linientester ergaben nicht genug Saatgut, so dass nur die Testkreuzungen mit dem Hybrid-Tester, dafür in doppeltem Umfang, geprüft werden konnte. Anders als im Antrag formuliert wurden die ohne Untersaat selektierten Testkreuzungen im Jahr 2012 auch nur ohne Untersaat, allerdings mit vier anstelle von zwei Wiederholungen geprüft. Dasselbe galt für die mit Untersaat selektierten Testkreuzungen. Aufgrund der Vorjahreserfahrung mit hohen Ausfällen durch Krähenfraß der Körner nach der Aussaat und damit erschwerter Auswertung sollte so eine sicherere Datengrundlage erreicht werden.

In der Saison 2013 wurden die faktoriellen Kreuzungen und Checks wie im Antrag beschrieben an zwei Ökostandorten jeweils ohne und mit Untersaat geprüft. Es war noch ein dritter Ökostandort geplant, der aber nach der Maisaussaat für längere Zeit überflutet war und daher ausfiel. Da es teilweise Probleme bei der Saatgutherstellung gab, konnten nicht alle geplanten Testkreuzungen auch in allen Versuchen geprüft werden.

### **AP3: „Blühbiologische Untersuchungen zur Optimierung der Entwicklung offen abblühender Maissorten für den Ökologischen Landbau“**

Die Markeranalysen wurden im Jahr 2014 von der Firma TraitGenetics durchgeführt. Zusätzlich wurde der Versuch zum Ertragsvergleich zwischen offen abgeblühten und entfahnten Varianten der drei Populationen im Jahr 2014 unter konventionellen Bedingungen wiederholt, da die Versuche von 2013 unter ökologischen Bedingungen nicht auswertbar waren. Aus versuchstechnischen Gründen war dies nur unter konventionellen Bedingungen möglich.

## 8. Zusammenfassung

Mais wird im ökologischen Landbau bisher wenig angebaut, obwohl er sowohl als Futterpflanze als auch als Marktfrucht von großem Nutzen sein könnte. Ein Grund hierfür ist, dass der Anbau unter ökologischen Bedingungen höhere und teilweise andere Ansprüche an dem Mais stellt als der unter konventionellen Bedingungen. Für den Ökolandbau sind insbesondere eine gute Keimfähigkeit, eine schnelle Jugendentwicklung mit guter Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut und eine hohe Toleranz gegenüber Nährstoff-Defizit-Situationen wichtig. Die Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut ist das am stärksten ökospezifische Merkmal. Ein weiterer Grund, warum Mais im Ökolandbau nicht sehr verbreitet ist, liegt darin, dass Hybridsorten teilweise abgelehnt werden, da sie nicht nachbaufähig sind.

Bei der Selektion auf Unkrauttoleranz stellt sich das Problem, dass die natürlichen Unkräuter sehr heterogen über die Ackerfläche verteilt sind und sich von Standort zu Standort bzw. Jahr zu Jahr stark unterscheiden, und damit keinen homogenen Selektionsdruck ausüben, unter dem unkrauttolerante Maishybriden selektiert werden könnten. Im AP2: „Entwicklung von Maiszuchtmaterial mit optimaler Konkurrenzfähigkeit gegenüber Unkraut“ wurde untersucht, ob dieses Problem mit der Einsaat einer Untersaat bestehend aus Winterroggen (*Secale cereale*), Wegwarte (*Cichorium intybus*, Sorte „Grasslands Puna“) und Buchweizen (*Fagopyrum esculentum*) in den Mais umgangen werden kann. Neunzig Dent und 90 Flint Linien wurden 2011 in Kreuzung mit einem Tester ohne und mit Unkrautsimulierende Untersaat geprüft und jeweils die Kreuzungen mit dem höchsten Ertrag selektiert und in Kreuzung mit einem anderen Tester im folgenden Jahr wieder geprüft. Im dritten Versuchsjahr 2013 wurden Experimentalhybriden aus den Dent x Flint Linien, die vorher selektiert wurden, jeweils ohne und mit Untersaat geprüft um zu vergleichen, ob die Selektion mit Untersaat zu unkrauttoleranteren Genotypen geführt hat als die Selektion ohne Untersaat.

In den Untersuchungen konnte kein Unterschied zwischen den Selektionsgruppen festgestellt werden, daher ist eine Selektion mit Untersaat als Unkrautsimulation nicht unbedingt notwendig. Auch die Untersaat war nicht völlig gleichmäßig über den ganzen Versuch hinweg und die Bekämpfung der natürlichen Verunkrautung war in der Variante mit Untersaat sehr schwierig. Das wichtigste Merkmal für Unkrauttoleranz ist eine schnelle Jugendentwicklung, damit der Mais nicht bei kühler Witterung vom Unkraut überwachsen wird, das besser an kühle Bedingungen angepasst ist. Eine gute mechanische Unkrautbekämpfung bleibt weiterhin essentiell beim Anbau von Mais unter ökologischen Bedingungen.

Um die Verwendung von Hybridsorten zu umgehen entwickelt die Firma Getreidezüchtung Peter Kunz Populationssorten. Als Eltern für die Populationen werden Hybriden verwendet, da das Ertragsniveau alter Landsorten und Populationen, die züchterisch lange nicht bearbeitet wurden, zu gering ist. Im AP3: „Blühbiologische Untersuchungen zur Optimierung der Entwicklung offen abblühender Maissorten für den Ökologischen Landbau“ wurde untersucht, ob bei den modernen Hybriden ein kürzeres Blühintervall vorliegt als sonst üblich bei Mais und es daher bei offenem Abblühen in einer Population zu Selbstbefruchtung und damit zu Ertragseinbußen durch Inzuchtdepression kommt.

In einer Untersuchung an 54 modernen Maishybriden stellte sich heraus, dass das BI bei nur 0,45 Tagen liegt und damit deutlich verkürzt ist und nicht mehr wie bei Mais eigentlich üblich Protandrie sondern Protogynie vorliegt, die weibliche Blüte kommt vor der männlichen. Damit wäre

Selbstbefruchtung möglich, da Mais kein Inkompatibilitätssystem besitzt wie viele andere Fremdbefruchter. Dennoch war die anhand von molekularen Markern analysierte Selbstungsrate sehr gering und ließ im Ertragsvergleich von Populationen, die offen abgeblüht waren, und ihrer Kontrollvariante, bei der Selbstbefruchtung durch das Entfernen der männlichen Blüte ausgeschlossen war, nicht feststellen. Ob das BI der Populationen im Mittel sehr kurz war (0,1 Tage) oder länger (1,8 Tage) machte keinen feststellbaren Unterschied im Ertragsrückgang. Bei der Untersuchung von 20 Hybriden und ihrer Nachkommenschaft aus Selbstbefruchtung zeigte sich ein deutlicher Ertragsrückgang bei der S1 gegenüber den Hybriden von 30,7%. Der Ertragsrückgang war bei den einzelnen S1 sehr unterschiedlich. Aber auch der große Ertragsrückgang wirkt sich in einer Population kaum aus. Selbst bei einer Selbstungsrate von 10%, die hier nicht gefunden wurde, wäre der Ertragsrückgang in der ganzen Population nur 3,07% und damit kaum feststellbar. Für das Erstellen einer Population aus Hybriden ergeben sich durch das verkürzte BI keine Einschränkungen. Es könnte aber sinnvoll sein auf die S1 Leistung der Hybriden zu achten.

## 9. Literaturverzeichnis

- Abdin OA, Zhou XM, Cloutier D, Coulman DC, Smith DL (2000) Cover crops and interrow tillage for weed control in a short season maize (*Zea mays*). *European Journal of Agronomy* 12, 93-102.
- Anonymus (2005) Weed management in organic sweet corn. *HortScience* 40, 1071-1072.
- Anscombe FJ, Tukey JW (1963) The examination and analysis of residuals. *Technometrics* 5, 141-160.
- Arncken C, Dierauer H (2005). Hybridsorten im Bio-Getreide? Perspektiven und Akzeptanz der Hybrid-züchtung für den Bio-Anbau. Schlussbericht, Juni 2005, Forschungsinstitut für biologischen Landbau (FiBL), CH-5070 Frick.
- Bannert M (2006) Simulation of transgenic pollen dispersal by use of different grain colour maize. Diss. ETH No. 16508.
- Baresel JP (2010) Selektion von Erdklee, *Trifolium subterraneum*, auf Winterfestigkeit, Biomassebildung und Reifezeitpunkt unter deutschen Bedingungen. <http://www.bundesprogramm.de/fkz=09OE088>, besucht am 25. Februar 2011.
- Bilalis D, Papastylianou P, Konstantas A, Patsiali S, Karkanis A, Efthimiadou A (2010) Weed-suppressive effects of maize-legume intercropping in organic farming. *International Journal of Pest Management* 56, 173-181.
- Bolaños J, Edmeades GO (1993) Eight cycles of selection for drought tolerance in lowland tropical maize. II. Responses in reproductive behavior. *Field Crops Research*, 31, 253-268.
- Burger H (2008) Methodenvergleich zur Entwicklung von Maissorten für den ökologischen Landbau. Diss. Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik der Universität Hohenheim, Stuttgart-Hohenheim.
- Burger H, Schloen M, Schmidt W, Geiger HH (2008) Quantitative-genetic investigations of breeding maize for adaption to organic farming. *Euphytica* 163, 501-510.
- Drews S, Neuhoff D, Juroszek P, Köpke U (2002) Einfluß von Sortenwahl, Reihenweite und Drillrichtung auf die Konkurrenzkraft von Winterweizen im Organischen Landbau. *Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, Sonderheft XVIII*.
- Eschholz TW (2008) Genetic diversity and relationships of Swiss Flint maize (*Zea mays* L. ssp. *Mays*) landraces. Diss ETH No. 17715.
- Federer WT (1955) *Experimental Designs*. Mcmillan Comp., New York.
- Healy MJR, Westmacott MH (1956) Missing values in experiments analyzed on automatic computers. *Appl. Statist.* 5, 203-206.
- Landwirtschaftskammer Niedersachsen (Hrsg) (2009) Versuchsergebnisse im Ökologischen Landbau 2009 – Landessortenversuche und Anbautechnik.
- Messeguer J, Penas G, Ballester J, Bas M, Serra J, Salvia J, Palau-delmas M, Mele E (2006) Pollen-mediated gene flow in maize in real situations of coexistence. *Plant Biotechnol. J* 4:633-645.

- Moonen AC, Barberi P (2004) Size and composition of the weed seedbank after 7 years of different cover-crop-maize management systems. *Weed Research* 44, 163-177.
- Murphy SD, Yakubu Y, Weise SF, Swanton CJ (1996) Effect of planting patterns and inter-row cultivation on competition between corn (*Zea mays*) and late emerging weeds. *Weed Science* 44, 865-870.
- Pagano E, Cela S, Maddonni GA, Otegui ME (2007) Intra-specific competition in maize: Ear development, flowering dynamics and kernel set of early-established plant hierarchies. *Field Crops Research* 102: 198-209.
- Pallut B. (Hrsg.) (2000) Pflanzenschutz im Ökologischen Landbau – Probleme und Lösungsansätze – Drittes Fachgespräch am 2. November 1999 in Kleinmachnow „Unkrautregulierung im Ökologischen Landbau“. Berichte aus der Biologischen Bundesanstalt Nr. 104.
- Preece DA (1971) Iterative procedures for missing values in experiments. *Technometrics* 13, 743-753.
- Presterl T, Seitz H, Landbeck M, Thiemt EM, Schmidt W, Geiger HH (2003) Improving nitrogen-use efficiency in European maize - Estimation of quantitative genetic parameters. *Crop Science* 43: 1259-1265.
- Schmidt W, Burger H (2010) Maissorten für den Ökoanbau. *mais*, Heft 1, 18-21.
- Silva PSL, Silva KMB, Silva PIB, Oliveira VR, Ferreira JLB (2010) Green ear yield and grain yield of maize cultivars in competition with weeds. *Planta Daninha* 28, 77-85.
- Systat Software Inc. (2008) SigmaPlot 11 Handbuch, deutsch, Teil 2, Statistik. [http://www.systat.de/Downloads\\_handbooks.html](http://www.systat.de/Downloads_handbooks.html) (abgerufen am 24.04.2016).
- Tollenaar M, Aguilera A, Nissanka SP (1997) Grain yield is reduced more by weed interference in an old than in a new maize hybrid. *Agronomy Journal* 89, 239-248.
- Uchino H, Iwama K, Jitsuyama Y, Yudate T, Nakamura S (2009) Yield losses of soybean and maize by competition with interseeded cover crops and weeds in organic-based cropping systems. *Field Crops Research* 113, 342-351.
- Uribelarrea M, Carcova J, Otegui ME, Westgate ME (2002) Pollen production, pollination dynamics, and kernel set in maize. *Crop Science* 42: 1910-1918.
- Utz HF (2011) "PLABSTAT, Computerprogramm zur statistischen Analyse von pflanzenzüchterischen Experimenten, Version 3Awin 14. Juni 2011." Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik der Universität Hohenheim.
- Verschwele A (1994) Sortenspezifische Unkrautkonkurrenz bei Winterweizen als begrenzender Faktor für das Unkrautwachstum. Dissertation Universität Göttingen.
- Vogler A (2008) Simulation of transgenic pollen dispersal at short distances in maize (*Zea mays* L.) Diss. ETH No. 17841.

Warburton ML, Setimela P, Franco J, Cordova H, Pixley K, Banziger M, Dreisigacker S, Bedoya C, MacRobert J (2010) Toward a Cost-Effective Fingerprinting Methodology to Distinguish Maize Open-Pollinated Varieties. *Crop Science* 50: 467-477

Williams ER (1977) Iterative analysis of generalized lattice designs. *Austr. J. Statist.*19, 39-42.

Yates F (1933) The analysis of replicated experiments when the field results are incomplete. *Emp.J.Exp.Agric.* 1,129-142.

## **10. Übersicht über alle im Berichtszeitraum vom Projektnehmer realisierten Veröffentlichungen zum Projekt (Printmedien, Newsletter usw.), bisherige und geplante Aktivitäten zur Verbreitung der Ergebnisse**

**Von FiBL Deutschland wurden unten stehende Artikel veröffentlicht:**

### **2011**

Unkrautkontrolle durch Untersaaten und Züchtungsansätze, [www.oekolandbau.de](http://www.oekolandbau.de), <http://www.oekolandbau.de/erzeuger/pflanzenbau/hackfruechte/mais/unkrautkontrolle-durch-untersaaten-und-zuechtungsansaetze/>, 19.10.2011

Mais: Unkrautkontrolle durch Untersaaten und Züchtungsansätze, Agrar Presseportal, [http://www.agrar-presseportal.de/Nachrichten/Mais-Unkrautkontrolle-durch-Untersaaten-und-Zuechtungsansaetze\\_article11429.html](http://www.agrar-presseportal.de/Nachrichten/Mais-Unkrautkontrolle-durch-Untersaaten-und-Zuechtungsansaetze_article11429.html), 17.11/2011

Mais: Unkrautkontrolle durch Untersaaten und Züchtungsansätze, Proplanta, 11/2011

Unkrautkontrolle durch Untersaaten und Züchtungsansätze, Bauernblatt Schleswig-Holstein, 12/2011

Mais: Unkrautkontrolle durch Untersaaten und Züchtungsansätze, Naturland Nachrichten, 12/2011

Maissorten für den Ökoanbau, Newsletter 48-2011 bei [www.oekolandbau.nrw.de](http://www.oekolandbau.nrw.de), 14.12.2011

### **2012**

Unkrautkontrolle im Ökomais, BW-Agrar 6/2012

Untersaaten im Biomais: Wirksame Maßnahme gegen Unkraut, aid-Newsletter 21/2012

Untersaaten im Ökomais helfen, sind aber kein Allheilmittel, ACKERplus 11/2012

Mais kann auch im Biobetrieb Energie liefern, LW heute online

Mais und Öko ist kein Widerspruch, Badische Bauerzeitung 42/2012

Öko-Mais: Feldtag präsentiert Neues aus Forschung und Züchtung, NaturlandNachrichten 6/2012

Untersaaten halten das Unkraut in Schach, 06/2012, online

An folgenden Erscheinungsdaten gab es zudem Pressemeldungen:

Meldung Untersaaten in Biomais agrar-heute-Newsletter 11. Juni 2012

Meldung Untersaaten in Biomais top agrar-Newsletter 12. Juni 2012

Meldung Untersaaten in Biomais Magdeburger Volksstimme 10. August 2012

Meldung Untersaaten in Biomais Neue Landwirtschaft 08. Dezember 2012

Meldung Untersaaten in Biomais aid-PressInfo Nr. 21/2012

## **2013**

Öko-Mais: Feldtag präsentiert Neues aus Forschung und Züchtung, NaturlandNachrichten 02/2013

Beikrautregulierung im Mais, [www.oekolandbau.de](http://www.oekolandbau.de), 11/013

Viele Themen rund um den Öko-Maisanbau in Wiebrechtshausen, Naturland Nachrichten, 6/2013

## **2014**

Experteninterview: Schädlinge und Krankheiten im Maisanbau, [www.oekolandbau.de](http://www.oekolandbau.de), 22.7.2014

Experteninterview: Allgemeines zum Maisanbau, [www.oekolandbau.de](http://www.oekolandbau.de), 22.7.2014

Heimische Körnerleguminosen als Stickstoff-Lieferant für Körnermais, [www.oekolandbau.de](http://www.oekolandbau.de), 21.5.2014

### **Weitere Artikel in Praktiker-Fachzeitschriften:**

Jung, R., M. Stever, H. Burger, W. Schmidt, R. Rauber und H. Becker (2012) Untersaaten mit zusätzlichem Nutzen - Entwicklung von Untersaaten und Untersaatenmischungen zur Reduzierung des Beikrautdruckes. Landwirtschaft ohne Pflug 05/2012, 32-37.

Stever, Mareile und Heiko C. Becker (2015) Entwicklung von Maishybriden mit hoher Unkrauttoleranz. KWS Sorten für den ökologischen Landbau 2015/2016 58-60.

### **Poster auf wissenschaftlichen Tagungen:**

Stever, M und HC Becker (2012) Development of maize (*Zea mays*) germplasm with high weed tolerance for organic farming systems. In: Conference Booklet of the GPZ-Conference: Breeding crops for sustainable agricultural production (28.02.-01.03.2012), Giessen, Göttingen.

Stever, Mareile, Walter Schmidt, Henriette Burger, Heiko C. Becker (2013) Development of maize hybrids with high weed tolerance for organic farming systems. In: Conference Booklet of the Joint Meeting of EUCARPIA Section Organic & Low-Input Agriculture and EU NUE-Crops Project: Breeding for Nutrient Efficiency (24–26 September 2013), Göttingen, Germany, 86.

Stever, Mareile, Florian Burkard, Monika Messmer, Heiko C. Becker (2013) Strategies to avoid inbreeding depression in population cultivars of maize. In: Conference Booklet of the Joint Meeting of EUCARPIA Section Organic & Low-Input Agriculture and EU NUE-Crops Project: Breeding for Nutrient Efficiency (24–26 September 2013), Göttingen, Germany, 86.

Stever, Mareile, Walter Schmidt, Henriette Burger, Heiko C. Becker (2016) Selection of weed tolerant maize hybrids for organic farming. German Plant Breeding Conference (GPZ-Conference) (08.-10.03.2016), Bonn, Germany.

#### **Vorträge und Demonstrationen:**

Stever, Mareile (2011) Entwicklung von Maishybriden mit hoher Unkrauttoleranz. Öko-Maisfeldtag der KWS Saat AG (21.09.2011) Versuchsgut Kloster Wiebrechtshausen, Deutschland.

Stever, Mareile (2012) Entwicklung von Maishybriden mit hoher Unkrauttoleranz. Öko-Maisfeldtag der KWS Saat AG (20.09.2012) Versuchsgut Kloster Wiebrechtshausen, Deutschland.

Stever, Mareile (2013) Entwicklung von Maishybriden mit hoher Unkrauttoleranz. Öko-Maisfeldtag der KWS Saat AG (10.09.2013) Versuchsgut Kloster Wiebrechtshausen, Deutschland.

Stever, Mareile, Walter Schmidt, Henriette Burger, Heiko C. Becker (2013) Development of maize hybrids with high weed tolerance for organic farming systems. In: Conference Booklet of the Joint Meeting of EUCARPIA Section Organic & Low-Input Agriculture and EU NUE-Crops Project: Breeding for Nutrient Efficiency (24–26 September 2013), Göttingen, Germany, 86.

#### **Geplante Veröffentlichungen:**

Die Veröffentlichung der Ergebnisse im Rahmen einer Dissertation (Mareile Stever) ist in Vorbereitung, ebenso die Publikation der wichtigsten Ergebnisse in internationalen Fachzeitschriften.