

# **Diplomarbeit**

Universität für Bodenkultur

Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung

Thema

## **Diversität in Samenmerkmalen eines Sojabohnen – Genbanksortiments**

eingereicht von

**Lukas Weinberger**

Beurteilung und Betreuung

Ao.Univ.Prof. Dipl. Ing. Dr. Johann Vollmann

Wien, April 2008

## *Dankesworte*

*Mein besonderer Dank gilt Herrn Ao. Univ. Prof. Dipl. Ing. Dr. Johann Vollmann, der mir das Thema für die Diplomarbeit zur Verfügung stellte und mir bei der Durchführung stets hilfreich zur Seite stand.*

*Herzlichen Dank an meine Eltern, die mir dieses Studium ermöglicht und mich auf vielfältige Weise unterstützt haben.*

# Inhaltsverzeichnis

<b>1. EINLEITUNG</b> .....	<b>3</b>
<b>2. LITERATURÜBERSICHT</b> .....	<b>4</b>
<b>2.1. Abstammung und Bezeichnung</b> .....	<b>4</b>
<b>2.2. Morphologie</b> .....	<b>5</b>
<b>2.3. Entwicklungsphysiologie</b> .....	<b>6</b>
2.3.1. Photoperiodismus.....	6
2.3.2. Reifegruppen.....	6
2.3.3. Entwicklung und Entwicklungsstadien.....	6
2.3.4. Temperaturansprüche .....	7
<b>2.4. Inhaltsstoffe</b> .....	<b>8</b>
<b>2.5. Verarbeitung und Verwertung</b> .....	<b>9</b>
<b>2.6. Züchtung und Zuchtziele</b> .....	<b>9</b>
<b>2.7. Diversität der Sojabohne</b> .....	<b>11</b>
<b>3. PROBLEMSTELLUNG</b> .....	<b>13</b>
<b>4. MATERIAL UND METHODEN</b> .....	<b>14</b>
<b>4.1. Versuchsstandort</b> .....	<b>14</b>
<b>4.2. Klima</b> .....	<b>14</b>
<b>4.3. Bodenbedingungen</b> .....	<b>15</b>
<b>4.4. Versuchsmaterial</b> .....	<b>15</b>
<b>4.5. Versuchsanlage</b> .....	<b>18</b>
4.5.1. Allgemeines über Gitteranlagen (Lattice Designs).....	18
4.5.2. Gitteranlage im vorliegenden Feldversuch .....	18
<b>4.6. Versuchsdurchführung</b> .....	<b>18</b>
<b>4.7. Untersuchte Merkmale</b> .....	<b>20</b>
4.7.1. Reifezeit.....	20
4.7.2. Wuchshöhe.....	20
4.7.3. Nabelfarbe .....	20
4.7.4. Vom Nabel ausgehende Verfärbungen.....	20
4.7.5. Samenfarbe.....	20
4.7.6. Tausendkorngewicht (TKG).....	20
4.7.7. Proteingehalt, Ölgehalt .....	20
4.7.7.1. Funktionsprinzip NIRS .....	21
4.7.8. Summe aus Protein- und Ölgehalt.....	22

<b>4.8. Datenauswertung .....</b>	<b>23</b>
<b>4.9. Bodentrend bzw. Bodenfehler .....</b>	<b>24</b>
<b>4.10. Darstellung der genetischen Distanz.....</b>	<b>24</b>
<b>5. ERGEBNISSE .....</b>	<b>25</b>
<b>5.1. Varianzanalyse der untersuchten Merkmale .....</b>	<b>25</b>
<b>5.2. Ergebnisse der untersuchten Merkmale .....</b>	<b>26</b>
5.2.1. Reifezeit .....	26
5.2.2. Wuchshöhe.....	26
5.2.3. Nabelfarbe .....	26
5.2.4. Vom Nabel ausgehende Verfärbung .....	26
5.2.5. Samenfarbe.....	26
5.2.6. Tausendkorngewicht.....	27
5.2.7. Proteingehalt .....	27
5.2.8. Ölgehalt.....	27
5.2.9. Summe aus Protein- und Ölgehalt.....	27
<b>5.3. Merkmalskorrelationen .....</b>	<b>33</b>
<b>5.4. Bodentrend bzw. Bodenfehler .....</b>	<b>36</b>
5.4.1. Teilblockeffekte.....	36
5.4.2. Nachbaranalyse.....	36
<b>5.5. Heritabilität.....</b>	<b>40</b>
<b>5.6. Darstellung der genetischen Distanz.....</b>	<b>40</b>
5.6.1. Clusteranalyse .....	40
5.6.2. Principal Component Analysis (PCA).....	46
5.6.3. Vergleich zwischen PCA und Dendrogramm .....	50
<b>6. DISKUSSION .....</b>	<b>54</b>
<b>6.1. Bodentrend / Bodenfehler.....</b>	<b>54</b>
<b>6.2. Samenmerkmale bzw. Boniturmerkmale.....</b>	<b>54</b>
<b>6.3. Proteingehalt, Ölgehalt, Protein- und Ölgehalt.....</b>	<b>55</b>
<b>6.4. Tausendkorngewicht (TKG).....</b>	<b>55</b>
<b>6.5. Reifezeit, Wuchshöhe.....</b>	<b>55</b>
<b>6.6. Merkmalskorrelationen .....</b>	<b>56</b>
<b>6.7. Genetische Diversität.....</b>	<b>56</b>
<b>7. ZUSAMMENFASSUNG .....</b>	<b>58</b>
<b>8. ABSTRACT .....</b>	<b>59</b>
<b>9. LITERATURVERZEICHNIS .....</b>	<b>60</b>

# 1. Einleitung

Sojabohnen werden allgemein in Reifegruppen eingeteilt. Dies beruht auf unterschiedlichen Reaktionen auf Photoperiode und Temperatur. Als Kriterium für die Einteilung wurde die Vegetationsdauer verwendet.

Die für den Anbau in Österreich eingetragenen Sorten liegen im Reifegruppenbereich von 000 = extrem früh, bis 0 = früh.

Die restlichen Reifegruppen werden mit römischen Ziffern von I –X bezeichnet, wobei X für eine extrem späte Sorte steht.

Die weltweit am häufigsten eingesetzten Sorten liegen im Reifegruppenbereich von IV – VII und finden vor allem in den Hauptproduktionsländern wie USA, Brasilien, Argentinien und China Verwendung.

Das Problem ist, dass nur wenig frühreife Sorten bekannt sind, was also eine geringe Diversität in diesem Reifegruppenbereich zur Folge hat.

Für die Züchtung auf frühreife Sorten ist es aber vorteilhaft eine hohe Diversität in diesem Reifegruppenbereich aufweisen zu können.

Bei der Züchtung von Sojabohnen, werden fast ausschließlich die Kreuzungszüchtung und insbesondere die Technik der rekurrenten Selektion angewendet.

Grundlage dafür, ist die Bereitstellung einer großen Ausgangsvariation bzw. einer hohen Diversität.

Selektion kann nur erfolgreich sein, wo eine genügend große genetische Variabilität (erblich bedingte Unterschiedlichkeit zwischen Individuen) vorliegt. Selektion ohne vorhandene Variabilität bleibt wirkungslos.

Diese Diplomarbeit soll einen Beitrag dazu leisten, die Sortenanzahl von Sojabohnen im frühreifen Bereich zu erweitern.

## 2. Literaturübersicht

Dieses Kapitel soll einen kurzen Überblick über die Sojabohne bezüglich deren Abstammung, Morphologie, Entwicklungsphysiologie, Inhaltsstoffe, Verwertung sowie deren Züchtung liefern. Dazu wurde das „Handbuch des Pflanzenbaues 3“ herangezogen, das ein umfangreiches Kapitel über die Sojabohne von Soldati (1999) enthält.

### 2.1. Abstammung und Bezeichnung

Die Sojabohne gehört zur Ordnung der *Leguminosae* (Hülsenfrüchtler), zur Familie der Fabaceen und zur Gattung *Glycine* WILLD. Die kultivierte Art ist als *Glycine max* (L.) MERR. eingestuft.

Die Grundzahl der Chromosomen ist  $n = 20$ . Es treten recht häufig haploide, triploide, tetraploide, pentaploide, hexaploide sowie aneuploide Formen mit  $2n = 78$  und  $38$  Chromosomen auf. Ohne Fertilitätsstörungen können nur die beiden Arten *Glycine soja* und *Glycine max* im Subgenus *Soja* miteinander gekreuzt werden.

Tab. 1: Die Gattung *Glycine* Willd.

Species	2n	Verbreitung
Subgenus <i>Glycine</i>		
<i>G. clandestina</i>	40	Australien
<i>G. falcata</i>	40	Australien
<i>G. latifolia</i>	40	Australien
<i>G. latrobeana</i>	40	Australien
<i>G. canescens</i>	40	Australien
<i>G. tabacina</i>	40, 80	Australien, Südchina, Taiwan, Marianen Inseln
<i>G. tomentella</i>	38, 40, 78, 80	Australien, Südchina, Taiwan, Philippinen
Subgenus <i>Soja</i>		
<i>G. soja</i>	40	China, Taiwan, Korea, ex UdSSR
<i>G. max</i> (L.) Merr.	40	kultivierte Formen

Als Wildform ist die Sojabohne niemals gefunden worden. Die heute angebaute Kultursojabohne (*Glycine max*) stammt von der Art *Glycine soja*, die in Ostasien beheimatet ist. Die natürliche Verbreitung reicht von China, Indien, Indochina, Japan, Java bis nach Sumatra. Man vermutet, dass als Herkunftsgebiet die Mandschurei mit den angrenzenden Teilen Chinas und Koreas in Frage kommt. Bei der *Glycine soja* handelt es sich um eine einjährige Pflanze mit kriechenden Sprossen und kleinen dunklen Samen in den leicht aufplatzenden Hülsen. Die folgende Tabelle soll den ostasiatischen Raum als Herkunftsgebiet verdeutlichen.

Tab. 2: Geographische Herkunft von *Glycine max* und *Glycine soja* Sorten, die in der USDA-ARS Soybean Germplasm Collection aufbewahrt werden (Carter et al. 2004).

Land	<i>Glycine max</i>	<i>Glycine soja</i>
China	6 226	198
Japan	2 979	294
Korea	3 614	350
Russland	644	272
Europa	1 087	-
Afrika	157	-
Amerika	1 596	-
Australien	10	-
Andere asiatische Länder	1 648	-
Unbekannt	153	-
Total	18 114	1 114

## 2.2. Morphologie

Die Sojabohne ist eine einjährige Pflanze, meist aufgerichtet, die je nach Sorte und Anbaugebiet eine Pflanzenhöhe zwischen 30 und 150 cm erreichen kann. Es sind Formen mit zahlreichen Seitentrieben bekannt, obwohl die meisten Kultursorten nur wenige Seitentriebe aufweisen. Die Wildformen neigen stark zur Bildung von Ranken. Das Wurzelsystem ist gekennzeichnet durch eine nicht allzu stark differenzierte Hauptwurzel (modifizierte Pfahlwurzel) und zahlreiche Seitenwurzeln erster und zweiter Ordnung sowie aus vielen Kronen- oder Adventiwurzeln.

Man unterscheidet vier verschiedene Blatttypen: das erste Kotyledonenblattpaar (oder Keimblattpaar); das erste Blattpaar bestehend aus einfachen ovalen Blättern, die aus dem ersten Knoten oberhalb der Keimblätter entstehen; die dreizähligen Blätter, die alternierend am Haupttrieb gebildet werden sowie die Prophyllen. Die Blätter werden kurz vor der Reife gelb und fallen in der Regel ab, wenn die Samen noch einen Wassergehalt von 20 % aufweisen. In den Blattachseln entstehen kurze Blütenstiele (1 bis 20 mm lang).

Die Blüten (meist taubenförmig angeordnet) sind klein, weiß oder violett. Sie erscheinen zuerst unten am Haupttrieb, dann fortschreitend gegen die Spitze und an den Seitentrieben. Die Sojabohne ist selbstfertil und normalerweise selbstbefruchtend. Die Befruchtung erfolgt, sobald die Blüte sich öffnet oder sogar kurz vorher. Die Hülsen sind meistens leicht gebogen und mit Haaren bedeckt. Sie enthalten 1-4 grüne, gelbe oder schwarze Körner, wobei die meisten Kultursorten gelbe Samen aufweisen. Abhängig von der Sorte, dem Anbaugebiet oder ganz allgemein von den Umweltbedingungen können die Samen noch schwarze oder braune Flecken beim Hilum aufweisen, was aber für die industrielle Verarbeitung (Mehlherstellung) nicht erwünscht ist. Die Samengröße variiert in weiten Grenzen (TKG zwischen 45 und 480 g, kultivierte Sorten zwischen 160 und 240 g).

In Bezug auf Wuchstypen ist zwischen determinierten und nicht determinierten Pflanzen zu unterscheiden. Bei den nicht- oder indeterminierten Typen wächst die Pflanze auch nach dem Blühbeginn weiter. Bei den determinierten Sorten stellt sich dagegen unter optimalen Wachstumsbedingungen ein Wachstumsstopp des Haupttriebes nach dem Erscheinen der ersten Blüten ein.

## 2.3. Entwicklungsphysiologie

### 2.3.1. Photoperiodismus

Als Photoperiodismus wird die Reaktion einer Pflanze auf die Tageslänge bezeichnet. Die Tageslänge wird bestimmt durch die Relation der Licht- zur Dunkelphase. Diese Relation wirkt auf die Umsteuerungsprozesse der vegetativen zur generativen Phase in den Vegetationspunkten der Pflanzen ein. Nach dem Verhalten der Pflanzen hinsichtlich des Photoperiodismus werden sie in Kurztag-, Langtag- und tagneutrale Pflanzen eingeteilt.

Als Kurztag wird eine Tageslänge mit natürlichem Licht unter 14 Stunden, als Langtag eine Tageslänge über 14 Stunden bezeichnet. Als Pflanze mit subtropischem Ursprung wird die Blütenbildung der Sojabohne im Kurztag gefördert. Bei 48° nördlicher Breite wie in Österreich, herrschen jedoch während der gesamten Vegetationsdauer der Sojabohne Langtagbedingungen. Die Pflanze reagiert darauf mit verstärktem vegetativen Wachstum und verzögerter generativer Entwicklung. Diese Umstände führten zur Entwicklung von Sorten, die tagneutral sind.

### 2.3.2. Reifegruppen

Die Ansprüche der Sojabohne an die Klimafaktoren und insbesondere an Temperatur und Photoperiode variieren sehr stark je nach Sorte. Das Sojasortiment der ganzen Welt ist sehr groß und die Sorten werden nach ihrer Reife bzw. nach ihrer Reaktion auf die Photoperiode eingeteilt. In der Reifegruppe 000 werden die frühreifen Sorten aus Mittel- und Nordeuropa sowie Kanada zusammengefasst. In der Reifegruppe 00 finden wir Sorten, die für den Anbau im Norden der USA und in Kanada sowie in den günstigen Gebieten Mitteleuropas angepasst sind. Sorten der Reifegruppe 0 und I sind bereits angepasst für Anbaugelände in Italien oder Frankreich sowie in Nordamerika. Die Sorten der Reifegruppe X sind extrem spätreif (und sehr stark photoperiodeabhängig) und nur für den Süden der USA und für Südamerika geeignet.

### 2.3.3. Entwicklung und Entwicklungsstadien

Die Jugendentwicklung ist relativ langsam und stark von der Temperatur abhängig. Bereits ab dem 2-Blattstadium sind die ersten – für Leguminosen charakteristischen – kleinen Knöllchen an den Wurzeln sichtbar. Ein spezifisches Bakterium, *Bradyrhizobium japonicum*, lebt in Symbiose mit den Wurzeln und sichert die Stickstoff-Fixierung aus der Luft. Bei der Sojabohne handelt es sich um eine Kurztagspflanze, deren Empfindlichkeit gegen die Tageslänge je nach Sorte stark ausgeprägt ist. Dies führt dazu, dass die Blühphase unter Langtagbedingungen bei spätreifen Sorten (> Reifeklasse I-II) stark verzögert wird. Bei frühreifen Sorten (< Reifeklasse II-I) spielt dagegen die Tageslänge eine untergeordnete oder sogar eine umgekehrte Rolle. Aufgrund eines internationalen Versuches konnte bewiesen werden, dass der Blühbeginn von frühreifen Sorten eindeutig von der Temperatur abhängig ist und die Tageslänge eine untergeordnete Rolle spielt.

Die Entwicklungsstadien der Sojabohne werden weltweit nach einem standardisierten Schema von **Fehr & Caviness (1980)** erhoben, das die

verschiedenen Faktoren berücksichtigt. Die Schlüsselnummern, welche sich auf das vegetative Wachstum beziehen, werden mit dem Anfangsbuchstaben V (=vegetativ), die Nummern für die reproduktive Entwicklung dagegen mit dem Buchstaben R (=reproduktiv) bezeichnet.

---

**Tab. 3: Entwicklungsstadien der Sojabohne nach Fehr & Caviness**

---

**Vegetative Stadien (V)**

- VE Erscheinen der Keimblätter
- VC Keimblattstadium: Ein erstes, ungeteiltes Blattpaar erscheint zwischen den Keimblättern
- V1 Erster Knoten: Vollständig entfaltetes Blattpaar am ersten Knoten (einteiliges Blatt)
- V2 Zweiter Knoten: Vollständig entfaltetes dreizähliges Blatt am zweiten Knoten
- Vn n Knoten: Vollständig entfaltetes dreizähliges Blatt am n-ten Knoten

**Reproduktive Stadien (R)**

- R1 Blühbeginn: Die erste Blüte ist an irgendeinem Knoten des Haupttriebes sichtbar
  - R2 Blütenbildung: Mindestens eine Blüte an einem der vier obersten Knoten des Haupttriebes, die ein vollständig entfaltetes Blatt tragen
  - R3 Beginn Hülsenbildung: Mindestens eine 5 mm lange Hülse an einem der vier obersten Knoten des Haupttriebes, die ein vollständig entfaltetes Blatt tragen
  - R4 Hülsenbildung: Mindestens eine 2 cm lange Hülse an einem der vier obersten Knoten des Haupttriebes, die ein vollständig entfaltetes Blatt tragen
  - R5 Beginn Körnerbildung: Durch Abtasten der Hülsen fühlt man die kleinen Körner. Mindestens ein Korn in einer Hülse der obersten vier Knoten des Haupttriebes hat eine Größe von 3mm
  - R6 Die Hülsen weisen vollentwickelte, aber noch grüne Körner auf
  - R7 Die Hülsen werden gelb, 50% der Blätter sind gelb = physiologische Reife
  - R8 Erntereif: 95% der Hülsen sind braun. Die runden Körner rascheln in den Hülsen. Praktisch alle Blätter sind abgestoßen worden
- 

### 2.3.4. Temperaturansprüche

Günstige klimatische Voraussetzungen für den Sojaanbau finden sich in warmen Gebieten mit reichlicher Wasserversorgung vor allem während der Samenbildung. Die Keimung beginnt bei einer Bodentemperatur von ca. 8-10°C. Die Optimaltemperatur für das Wachstum liegt zwischen 20°C und 25°C. Kann dem Wärmeanspruch während der Hauptwachstumszeit im Juli, August und September nicht genügt werden, leidet die Ertragssicherheit. Bei kühleren Temperaturen wurde ein deutlich höherer Anteil an abgestoßenen Blüten und Hülsen festgestellt. In Feldversuchen hat sich gezeigt, dass kühle Sommertemperaturen (< 15°C) den Sojabohnenertrag stark reduzieren können, indem die Anzahl Körner pro Frucht und die durchschnittliche Masse der Körner abnehmen. Kühle Temperaturen im Sommer reduzieren so den Ertrag selbst dann, wenn für den gesamten Vegetationszyklus die Temperatursumme konstant bleibt.

Aufgrund dieser Erkenntnisse wurden die Forschungsarbeiten in Mitteleuropa in den letzten 30 Jahren stark intensiviert, um neue, ertragsstarke Sorten, welche in den temperaturempfindlichen Phasen Kühletoleranz aufweisen, zu züchten. Kühletoleranz beruht auf drei unabhängigen, aber sich ergänzenden Merkmalen. Es handelt sich um

- die Anzahl Blüten, die in den zentralen Blütenständen gebildet werden;
- die Fähigkeit dieser Blüten sich, trotz Kälteeinwirkung, zu Hülsen zu entwickeln;
- die Fähigkeit, einen Abwurf von zentralen Blüten durch schnelle und umfangreiche Blütenbildung an den seitlichen Blütenständen zu kompensieren.

Die genetische Variabilität für diese drei Merkmale ist groß und lässt sich züchterisch ausnutzen. Bei toleranten Sorten wird eine Schädigung bei Temperaturen unter 15°C festgestellt, bei den sensiblen Sorten liegt diese Schädigungsschwelle hingegen bei 18°C.

## 2.4. Inhaltsstoffe

Die hohe Wertschätzung der Sojabohne basiert auf ihrem Nährstoffgehalt, aber auch die Qualität der Sameninhaltsstoffe ist hoch und aus ernährungsphysiologischer Sicht besonders wertvoll. Das Protein der Sojabohne ist eines der wenigen pflanzlichen Eiweiße, das als vollwertig bezeichnet werden kann, da es mit 39% an essentiellen Aminosäuren im Protein dem Eiweiß des Hühnereis am nächsten kommt (Tab. 4).

Die Fettsäurezusammensetzung mit 48 bis 52% Linolsäure und 23 bis 32% Ölsäure sowie 8-12% gesättigten Fettsäuren (Palmitinsäure 2-10%, Stearinsäure 2-6%) ist für die Verwendung in der Ernährungsindustrie recht günstig. Weiter liegt der Tocopherolgehalt des Sojaöles, dem als Antioxidans und Vitamin E eine besondere Bedeutung zukommt, mit 920 bis 2000 mg pro kg Öl beachtlich hoch. Ebenso ist der Anteil an Phospholipiden (Lecithin) beachtlich, so dass eine Lecithingewinnung aus Sojabohnen erfolgen kann.

Tab. 4: Aminosäurespektrum (g/16 g N) der Sojabohne

Isoleucin	5,1
Leuzin	7,9
Valin	4,7
Methionin	1,3
Phenylalanin	5,5
Threonin	4,0
Tryptophan	1,2
Lysin	6,3
Histidin	2,7
Arginin	6,8
Zystin	1,3
Glycin	4,1
Isoleuzin	4,6
Tyrosin	2,6
Alanin	4,5

## 2.5. Verarbeitung und Verwertung

Der größte Anteil des Erntegutes wird direkt den Ölmühlen geliefert, wo das Öl extrahiert wird. Der Ölkuchen bzw. Ölschrot wird von der Futtermittelindustrie verwertet. Während der überwiegende Teil des Sojaöls in der menschlichen Ernährung Verwendung findet, trifft dies für das Sojaprotein nicht zu. Sojaprotein ist ein geschätztes Viehfutter, der Verbrauch proteinreicher Sojaprodukte in der menschlichen Ernährung ist jedoch stark steigend.

Das Öl wird vor allem als Speiseöl oder zur Herstellung von Margarine verwendet. Sojamehl bildet die Grundlage für Suppen und Saucen und Zusätze für Brot- und Backwaren. Sojaweiß wird Frühstücksspeisen, Suppen Teigwaren, Desserts, Kindernahrungsmitteln oder eiweißreichen Drinks beigemischt. In asiatischen Ländern wird vielerorts mit der „Sojamilch“ (aus feingemahlenden, hellen Sojabohnen und Wasser) die Kuhmilch ersetzt.

Mit Hilfe von niedrigen Pilzen und Bakterien werden aus Sojaweiß durch Gärungsvorgänge verschiedene Arten von vegetarischem Käse, wie „Miso“, „Temphe“, „Natto“ und „Sufu“ erzeugt. Unreife Sojasamen und Sojakeimlinge werden verbreitet als Gemüse gegessen.

Wie schon vorhin erwähnt, wird der weitaus größte Anteil der extrahierten oder gepressten Sojabohne als Futtermittel verwendet. Die Sojabohne enthält aber, verschiedene Hemmstoffe wie z.B. Trypsinhemmer, deren Wirkung aber mit unterschiedlichen Maßnahmen („toasten“) ausgeschaltet werden können. Durch das Toasten (Behandlung mit heißem Wasserdampf) des extrahierten Schrotes werden die Trypsinhemmfaktoren und auch die Hämoglutenine, die einen negativen Einfluss auf die Verdaulichkeit des Eiweißes und der stickstofffreien Extraktionsstoffe ausüben, zerstört.

Die für die Lebensmittelindustrie angebotenen Sojaprodukte werden nach ihrem Proteingehalt in der Frischsubstanz eingeteilt und sind vier Produktgruppen zuzuordnen:

- Sojavollmehl, bis 45% Protein
- entfettete Sojamehle, ca. 50% Protein
- Sojakonzentrate, ca. 65% Protein
- Sojaisolate, mehr als 90% Protein

Weiters gibt es noch eine große Zahl von industriell erzeugten Produkten, die Soja als Grundstoff enthalten (z.B. Lösungsmittel, Waschmittel, Druckfarben, Polymere und Kunstfasern, usw.).

Insgesamt ist der Rohstoff Soja in ungefähr 30.000 Produkten enthalten.

## 2.6. Züchtung und Zuchtziele

Zurzeit werden fast ausschließlich die Kreuzungszüchtung und insbesondere die Technik der rekurrenten Selektion angewendet. Durch Kreuzungen versucht man die vorteilhaften Eigenschaften zweier Kreuzungspartner in einer Sorte zu vereinigen. Die Eltern werden aufgrund ihrer Komplementarität ausgewählt. Die manuelle Kreuzungsarbeit ist relativ mühsam. Vor der Bestäubung mit Pollen der Vaterpflanze muss eine Selbstbefruchtung verhindert werden. Dies geschieht durch Entfernen der Staubgefäße mit einer spitzen Pinzette kurz vor der Blüte. Die benachbarten, nicht

gekreuzten Blüten werden entfernt. Die Winzigkeit der Sojablüte erschwert die Kastration und die Bestäubung von Hand.

Die hauptsächliche Zuchtmethod ist die „Single Seed Descent“. Bei dieser Methode wird bereits in der F<sub>2</sub> mit der Selektion begonnen, indem in jeder Vermehrung eine Hülse pro Pflanze geerntet wird; deren Samen werden im folgenden Jahr ausgesät. Somit können bereits früher Eigenschaften der neuen Sorte getestet und selektiert werden.

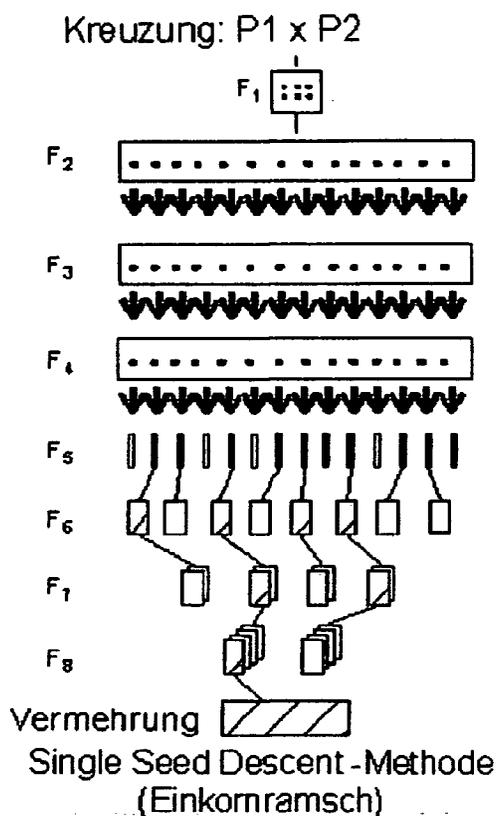


Abb. 1: Funktionsprinzip SSD

Ein bedeutendes Zuchtziel ist es, die enge negative Korrelation zwischen Frühreife und Ertrag möglichst zu mildern. Grundforderungen aus anbautechnischer Sicht sind eine ausreichend hohe Ansatzstelle der untersten Hülsen sowie gute Standfestigkeit der Pflanzen und hohe Platzfestigkeit der Hülsen. Je nach Verwendungsart sind die Zuchtziele bezüglich Qualität sehr unterschiedlich. Allgemein soll in Züchtungsprogrammen die Samenqualität verbessert oder zumindest erhalten bleiben durch

- möglichst gleichmäßig große Samen mit gelber Samenfarbe und hellem Nabel
- durch hohen Rohprotein- und Fettgehalt sowie hohen Tocopherolanteil
- durch Erhöhung des Methioningehaltes, um die Eiweißqualität zu verbessern

Weitere spezifische Zuchtziele sind z.B. Anpassung an den Biolandbau, Krankheitsresistenz (Nematoden, Pilze, Bakterien), Speisesojabohnen, usw.

## 2.7. Diversität der Sojabohne

Wie schon in der Einleitung kurz erwähnt, ist die Diversität bzw. die Sortenanzahl in den frühen Reifegruppen der Sojabohne gering. Die folgende Tabelle soll dies verdeutlichen.

Tab. 5: Anzahl von *Glycine max* und *Glycine soja*, eingeteilt nach Reifegruppen, die sich in der USDA-ARS Soybean Germplasm Collection befinden (Carter et al. 2004).

Reifegruppe	<i>Glycine max</i>	<i>Glycine soja</i>
OOO	140	109
OO	475	50
O	1 113	53
I	1 502	61
II	1 744	95
III	1 674	51
IV	3 618	85
V	2 618	360
VI	1 308	165
VII	750	78
VIII	796	1
IX	717	3
X	111	3
Total	16 566	1 114

Gemäß den gesammelten Daten der International Plant Genetic Resource Institute, kurz IPGRI (2001), werden über 170.000 *Glycine max* Herkünfte, von mehr als 160 Institutionen in mehr als 70 Ländern erhalten. China hat die größte Sojabohnensammlung der Welt mit mehr als 26.000 Sorten von *Glycine max*. Auf dem zweiten Platz liegt die USDA mit rund 18.000 Sorten.

Die europäischen Sammlungen sind zwar klein, können aber aus genetischer Sicht bedeutsam sein, weil sie einzigartige Landsorten, die vor mehr als 100 Jahren aus Asien eingeführt worden sind, enthalten (Carter et al. 2004).

Tab. 6: Einige der größten und wichtigsten *Glycine max* Sammlungen und deren Institute.

Institute	Land	Sorten
Institute of Crop Germplasm Resource, CAAS	China	23 578
USDA Soybean Germplasm Collection	USA	18 076
Asian Vegetable Research and Development Centre (AVRDC)	Taiwan	12 508
Department of Genetic Resource I	Japan	8 630
Institute of Agroecology and Biotechnology	Ukraine	7 000
N.I. Vavilov Resarch Institute of Plant Industry	Russland	6 126
CENARGEN	Brasilien	4 693
All India Coordinated Research Project on Soybean	Indien	4 015
Genbank, Institute for Plant Genetics and Crop Plant Res. (IPK)	Deutschland	3 063
G.I.E. Amelioration Fourragere	Frankreich	1 582

Die Diversität von Sojabohnen wurde von verschiedenen Gesichtspunkten aus, genauestens erforscht und von **Carter et al. (2004)** überprüft. Stammbaumanalysen und Kalkulationen von Elternschaftskoeffizienten zeigten, dass die genetische Basis von nordamerikanischen Sojabohnen geringer ist, als jene von Sojabohnen aus dem asiatischen Raum. Während nur eine Anzahl von 26 Vorfahren, 90% der Gene von 258 nordamerikanischen Sorten beitragen (**Gizlice et al., 1994**), sind mehr als 339 Vorfahren an 90% der Gene von 651 chinesischen Sojabohnensorten beteiligt (**Cui et al. 2000**).

Weiters wurden von **Cui et al. (2001)**, 47 chinesische und 25 aus Nordamerika stammende Sorten, anhand von 25 Blatt-, Stamm- und Samenmerkmalen untersucht, um die enge genetische Basis von nordamerikanischen Sorten, welche höchstwahrscheinlich eine Teilmenge der weiten genetischen Basis der chinesischen Sorten repräsentieren, zu bestätigen.

Es zeigte sich, dass die phänotypische Verschiedenheit der beiden Gen-Pools aus der kontinuierlichen Selektion, als Anpassung an unterschiedliche Umweltbedingungen, resultierte. Dies ermöglicht nun neue Möglichkeiten für ein beiderseitiges erweitern der genetischen Basis durch das Einführen exotischer Eltern.

**Dong et al. (2004)**, ermittelte anhand von 15 Merkmalen von über 20.000 Sojabohnensorten, aus der Chinesischen Sojasammlung, die Diversität von Sojabohnen entlang des Gelben Flusses. Ziel dieser Arbeit war es, ein geographisches Zentrum für die Diversität von Sojabohnen zu finden, von der aus die Verbreitung stattgefunden hat.

Weitere Beispiele für ähnliche Untersuchungen: **Wang et al., (2006)**; **Lorenzen & Shoemaker, (1996)**.

### 3. Problemstellung

Grundlage für die vorliegende Diplomarbeit bilden 150 verschiedene Genotypen der Reifegruppe 000 – III. Die meisten Sorten stammen aus dem europäischen Raum, aber auch aus Russland und China.

Das Problem ist, dass von den meisten Sorten kein Stammbaum vorhanden ist. Weiters, liegen keine Informationen über deren Inhaltsstoffe und Eigenschaften vor.

Aufgabe ist es also, die Genotypen anhand ausgewählter Merkmale (Reifezeit, Wuchshöhe, Samenfarbe, Nabelfarbe, vom Nabel ausgehende Verfärbung, Tausendkorngewicht, Proteingehalt, Ölgehalt, Protein- und Ölgehalt) zu klassifizieren und mit Hilfe unterschiedlicher Methoden (Clusteranalyse / Dendrogramm; PCA), deren genetische Distanz bzw. Ähnlichkeit / Unähnlichkeit, anhand dieser untersuchten Merkmale darzustellen.

Die Darstellung der genetischen Distanz ist in der Kreuzungszüchtung sinnvoll, wenn es gilt, genotypisch möglichst unterschiedliche Kreuzungseltern zu finden, um in deren Nachkommenschaften eine starke Aufspaltung zu erreichen. Oder im Rahmen einer Evaluierung von Genbankherkünften kann mit z.B. einer Clusteranalyse das Material auf überschaubare Gruppen eingeengt und damit ein Überblick über die genetische Diversität gewonnen werden.

## 4. Material und Methoden

### 4.1. Versuchsstandort

Der Versuchsstandort befindet sich auf den Flächen der Versuchsanstalt der Universität für Bodenkultur in Groß Enzersdorf. Dieser wird als konventioneller Marktfruchtbetrieb geführt.

Rund 60 ha der Betriebsfläche sind arrondiert, 80 ha liegen im 5 km entfernten Raasdorf. Seit Herbst 1998 werden ca. 26 ha der Raasdorfer Fläche nach den Richtlinien des ökologischen Landbaus bewirtschaftet.

### 4.2. Klima

Die Versuchswirtschaft liegt im pannonischen Klimagebiet, bzw. im Kleinproduktionsgebiet Marchfeld. Das Marchfeld liegt im nördlichen Teil des Wiener Beckens, einer der größten Ebenen Österreichs. Es grenzt nordöstlich an die Bundeshauptstadt an und wird im Süden von der Donau, im Osten von der March, im Norden vom Hügelland und im Westen vom Bisambergzug umrahmt. Die Felder liegen in offener, windiger Lage 156 m über dem Meeresniveau. Das Klima ist besonders im Sommer durch geringe Luftfeuchtigkeit und wenig Taubildung gekennzeichnet. Der Klimaraum ist durch heiße, trockene Sommer und kalte, schneearme Winter geprägt. Die mittlere Jahrestemperatur beträgt 9,8 ° C, die mittlere Niederschlagssumme 546 mm und die durchschnittliche relative Luftfeuchte 75 %. Die Durchschnittstemperaturen und Niederschlagsmengen im langjährigen Mittel, sowie in der Vegetationsperiode 2007, können der Abb. 2 bzw. Abb. 3 entnommen werden.

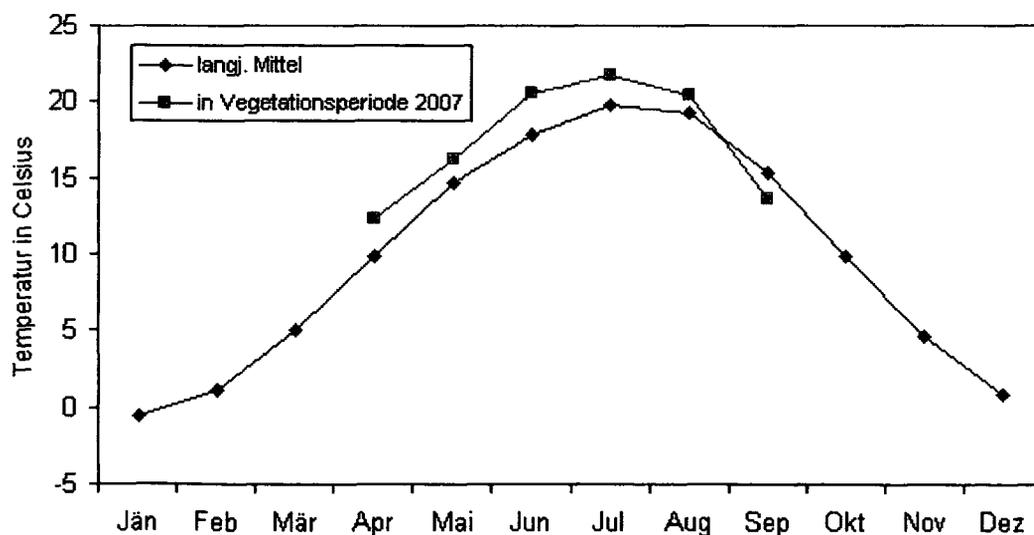


Abb. 2: Temperaturverlauf im langjährigen Mittel und in der Vegetationsperiode 2007

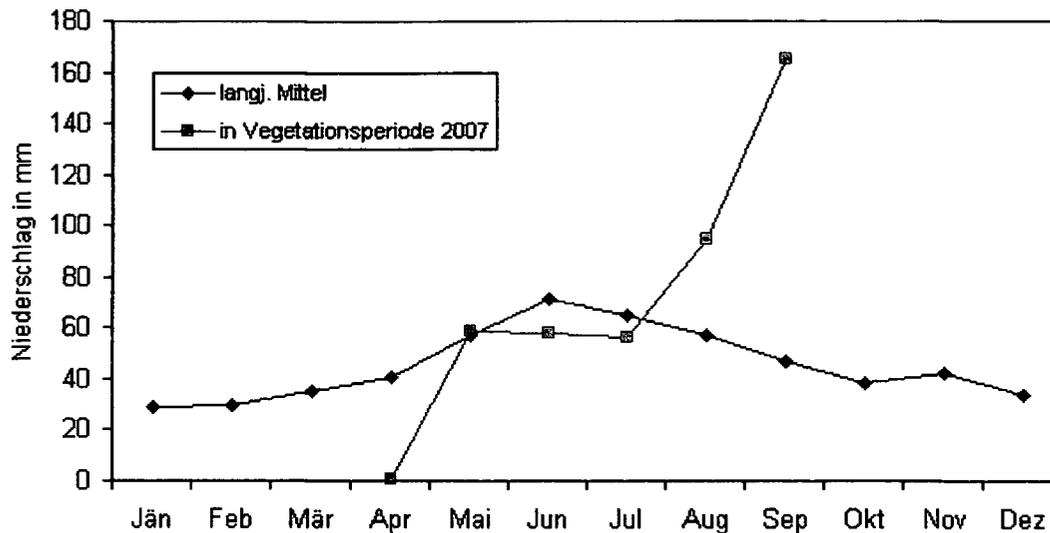


Abb. 3: Niederschlagsmengen im langjährigen Mittel und in der Vegetationsperiode 2007

### 4.3. Bodenbedingungen

Die Böden dieser Region gehören zu den Tschernosemen, die aus kalkhaltigen Feinsedimenten entstanden sind. Die Tiefgründigkeit des Bodens ist nicht gleichmäßig, es treten Teilflächen mit hoch anstehenden Schotterlagen auf. Die Krume reicht bei einer 30 cm betragenden Mächtigkeit des Ap - Horizontes bis ca. 50 cm Tiefe, bestehend aus lehmigen Schluff mit einem Humusgehalt von 3,15 bis 2,52 %. An den Ah - Horizont stellt der AC - Horizont in 50 bis 90 cm Tiefe den Übergang zum schottrigen C - Horizont dar. Die Bodenreaktion liegt im alkalischen Bereich (pH 7,5 – 7,6). Die Böden sind mit Phosphor, Kalium und Magnesium ausreichend bis gut versorgt.

### 4.4. Versuchsmaterial

Grundlage für die vorliegende Arbeit bilden 150 verschiedene Genotypen die von der „Arche Noah“ in Schiltern zur Verfügung gestellt wurden. Die Arche Noah ist ein Verein, der sich seit über 15 Jahren für den Erhalt alter Kulturpflanzen und deren Sorten einsetzt.

Die Arche Noah erhielt die Sorten von der IPK Gatersleben in Deutschland. Bei dem Versuchsmaterial handelt es sich um Sojabohnen der Reifegruppe 000 bis III.

Die Bezeichnung der einzelnen Genotypen kann aus der Tabelle 7 entnommen werden.

Tabelle 7: Sortenübersicht

Entry	Name		
1	Nanking	51	Gatersleben 31
2	Hei-He Nr. 3	52	Pannonia 8
3	Wilenska Brunatna 2	53	Bydgoska 0.46
4	Dornburger Stamm 106	54	Juanj-bao-tsinj
5	Chmelarovska brenská SVA	55	Freitag Stamm 70
6	Roudnicka Cierná	56	Piava
7	Gatersleben 13	57	Mandin Kajon
8	v. Japonica	58	Delitzsch Nr. 36
9	v. Kizelnicka	59	Zlotka
10	Szklista	60	Gatersleben 36
11	15761-Norddeutsch-Schwarz matt	61	Hudson Manchu
12	Altonagaarden	62	Halfon 502
13	Dieckmannova Cierna	63	Universal
14	Baburka Przebedowska	64	Corona
15	Alurzynka	65	Heimkraft I
16	Amurskaja 262	66	Brillmeyer Giesenska
17	Altongaard	67	Flambeau
18	Dr. Esycok	68	Maksimir S-45
19	Fruhwirts Schwarze Pedoja	69	Freitag Stamm 2143
20	Amurskaja	70	Iregi Korona
21	Char'kovskaja 149	71	Hudson Manchu
22	Light Green	72	Mlochowska
23	Rekord Severnyj	73	Bydgoska 0.57
24	Nagy Szemü Fehér	74	Mazowiecka
25	Gelbe Riesen	75	Riede 525
26	D-747	76	Précoce de Milly
27	Rouest 68	77	Freitag Stamm 2143
28	Kouban 0.375	78	Heimkraft II
29	Zolta Przebedowska	79	Kamianetz No. 1
30	Kou-shou	80	Cina 5202
31	Hardome	81	Ta-chin-hu-Houan-Tsa
32	Kirsches Stamm 2027	82	Carola
33	Grignon 14	83	Ruska Zltá
34	Roudnická Zlta	84	Amurskaja 42
35	Hawkeye	85	Amurskaja 41
36	Mauthnerová Velkozruná	86	Comet
37	Reiner	87	Ford
38	Gatersleben 18	88	Allemand
39	Purpurblume Nr. 4	89	Chyazi No. 2
40	Dse-chua-zo-dse	90	Giessener Stamm
41	Goldsoy	91	Cina 6268
42	Krusulja 9/3	92	v. Mediaches
43	Bitterhof a	93	Krusulja
44	Hodoninska Zluta	94	Rumina Nr. 616
45	Bitterhof b	95	Dornburger Stamm 150
46	Borowska	96	Tübinger
47	Kabott	97	Dippes Frühgelbe
48	Ko chuan	98	Len-Sin-pin-din
49	Rekord Severa	99	Rumina 91
50	Faur	100	Aproszemu Sárga

101	Bel'ckaja 636
102	Bezenczucka
103	Amurskaja Zlutozelená
104	Domacka-Soja
105	Iregi Szürkebarát
106	Kleverhof 527
107	Frühe Braune
108	Heinemann
109	Gatersleben 45
110	Gatersleben 46
111	Gatersleben 47
112	Juhomoravska drobnozrna Zltá
113	Slovenská Drobnozruná
114	Minsoy
115	Mandarská Zltá
116	Aesne
117	Herb 606
118	Gatersleben 48
119	Herb Nr. 620
120	Chabarovskaja 4
121	Ruminia Nr. 606
122	Grignon 21
123	Gatersleben 49
124	Capital
125	Herb 22
126	Iasi 5
127	Kromerizska Zlutá
128	Nikogri
129	Mauthners Gelbe
130	Charbinskaja 111
131	B.G. 23-44
132	Bezencukskaja
133	Varainana
134	Amurskaja 265-63
135	Amurskaja 736/84
136	Saljut 216
137	Saljut 216
138	Gatersleben 57
139	Dobrudzanka
140	SU 608
141	Amurskaja 242-63
142	Herb 616
143	Dneprovskaja 1
144	Amurskaja 139-63
145	Herb 600
146	Amurskaja 209-63
147	SU 605
148	SU 612
149	Merit
150	Platska Zlta Obravska

## 4.5. Versuchsanlage

### 4.5.1. Allgemeines über Gitteranlagen (Lattice Designs)

Die am häufigsten verwendeten Gitteranlagen sind Zweisatz-, Dreisatzgitter, Rechteckgitter und generalisierte Gitter. Sie eignen sich speziell für große Prüfgliederzahlen.

Prinzip: Wiederholungen werden in unvollständige Teilblöcke unterteilt, welche der Schätzung des Bodenfehlers und der Adjustierung der Parzellenwerte dienen.

Zum Bsp.: 6x6- Gitter in zwei Wiederholungen: 36 Genotypen, eine Wiederholung besteht aus 6 Teilblöcken mit je 6 Parzellen innerhalb eines Teilblocks. In der zweiten Wiederholung darf kein Prüfglied mit einem anderem im selben Teilblock sein, mit dem es schon in der ersten Wiederholung zusammen war. Gitteranlagen sind an bestimmte Prüfgliedzahlen gebunden, sind rechenaufwendiger, erlauben aber meist eine genauere Schätzung der Genotypwerte als zum Beispiel Blockanlagen.

In vielen praktischen Fällen entspricht eine Gitteranlage in zwei Wiederholungen in ihrer Effizienz einer Blockanlage in 3 bis 4 Wiederholungen (**Vollmann & Grausgruber, 2000**).

### 4.5.2. Gitteranlage im vorliegenden Feldversuch

Der Versuch wurde als generalisierte Gitteranlage in Form eines 30 x 5 Gitters angelegt. Jede der 150 Genotypen gelangte in zweifacher Wiederholung zum Anbau. Abbildung 4 zeigt die Versuchsanlage, welche sich aus den zwei Gittern, entsprechend den Wiederholungen, zusammensetzt. Die Aufteilung der Genotypen erfolgt zufällig, wobei jeweils 5 Genotypen einen unvollständigen Block bilden.

## 4.6. Versuchsdurchführung

Der Anbau erfolgte am 3. Mai, mittels einer von Hand geschobenen Einzelreihensämaschine. Die Vorfrucht war Winterweichweizen, es wurde keine Düngung durchgeführt.

Zur Unkrautbekämpfung wurde das Pflanzenschutzmittel „Treflan“ eingesetzt. Es handelt sich um ein Bodenherbizid und wird vor dem Anbau mit der Saatbettvorbereitung in den Boden eingearbeitet.

Die Einzelreihen wurden in einer Länge von 2,5 m und einen Reihenabstand von 50 cm angelegt. Geerntet wurde der Versuch am 2. Oktober, da sich zu diesem Zeitpunkt alle Sorten im Stadium der Vollreife befanden. Die Einzelreihen wurden zunächst mit der Hand abgeschnitten und danach in den Parzellenmähdrescher eingelegt.

Darauf kamen die Samen in Papiersäckchen, wo sie ca. 3 Wochen bei Zimmertemperatur auf einen Wassergehalt von 7 – 8 % getrocknet wurden.

14	146	85	61	74	71	49	126	143	16	114	8	28	57	44	46	135	132	112	136	88		
13	116	56	93	139	96	54	104	95	36	25	35	109	1	124	17	80	104	47	60	77		
12	50	148	14	17	77	35	131	43	140	107	106	41	82	31	119	62	29	74	24	54		
11	141	129	135	82	9	119	88	150	121	84	128	93	69	21	55	79	122	101	78	38		
10	81	7	12	118	68	109	103	147	24	80	131	75	148	103	25	150	149	113	141	73	2	99
9	127	89	137	32	44	124	75	92	60	48	91	67	33	16	68	86	118	5	114	72	6	56
8	101	30	28	142	52	39	83	138	117	8	97	71	94	81	70	90	53	107	129	37	105	19
7	111	26	110	78	130	90	66	136	10	1	146	45	95	108	120	92	10	50	43	3	116	12
6	33	13	86	144	97	31	73	37	133	112	111	51	133	84	63	15	13	27	7	49	87	143
5	134	2	15	72	105	40	29	125	47	108	26	145	121	123	115	58	64	139	134	126	138	110
4	59	45	62	70	67	42	115	34	76	122	40	59	102	144	61	23	142	130	39	34	52	42
3	19	46	22	18	69	57	65	4	100	128	9	66	48	20	140	65	32	96	11	22	30	127
2	79	113	106	123	63	145	38	23	51	41	3	53	149	132	20	83	98	18	137	100	4	117
1	58	21	27	6	87	99	98	55	11	64	120	102	5	94	91	14	125	36	147	85	76	89
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22

150 entries, 30 x 5 – lattice, 2 rep

rep 1

rep 2

Abb. 4: Darstellung der Versuchsanlage

## 4.7. Untersuchte Merkmale

### 4.7.1. Reifezeit

Die Reifezeit wird in Anzahl der Tage nach dem 31. Juli angegeben. Das Stadium der Vollreife erkennt man daran, dass der Stängel trocken und der Blattwurf abgeschlossen ist.

### 4.7.2. Wuchshöhe

Die Messung wurde mit einem Maßstab einmal pro Einzelreihe durchgeführt. Dies erfolgte ebenfalls im Stadium der Vollreife kurz vor der Ernte. Gemessen wird der Abstand vom Boden bis zur Stängelspitze oder der letzten Schote. Die Angabe der Wuchshöhe erfolgt in Zentimeter (cm).

### 4.7.3. Nabelfarbe

Die Beurteilung der Nabelfarbe wurde mit bloßem Auge durchgeführt, also handelt es sich hier um einen Boniturwert (dies gilt auch für die Merkmale „Vom Nabel ausgehende Verfärbung“ und „Samenfarbe“). Die Farbausprägungen erhalten die Zahlen 1-5.

- 1- gelb
- 2- weiß bis leicht grau
- 3- braun
- 4- grau
- 5- schwarz

### 4.7.4. Vom Nabel ausgehende Verfärbungen

Die Beurteilung erfolgt ebenfalls von 1-5, je stärker die Verfärbung desto höher die Werte.

Ein Problem waren hierbei die rein schwarzen Samen, da dadurch eine Verfärbung nicht festgestellt werden konnte. Bei der statistischen Auswertung, wurde daher (aus rechnerischen Gründen) bei diesem Merkmal für schwarze Samen der Wert 0,1 angenommen.

### 4.7.5. Samenfarbe

Die Samenfarbe wurde mit 1= gelb, 3= braun und 5= schwarz gewertet.

### 4.7.6. Tausendkorngewicht (TKG)

Bei der Messung des TKG wurden 100 Körner jeder Sorte gewogen und mit dem Faktor 10 multipliziert. Die Werte werden in Gramm (g) angegeben.

### 4.7.7. Proteingehalt, Ölgehalt

Diese zwei Merkmale wurden mit Hilfe der Nah-Infrarot-Reflexions-Spektroskopie, kurz NIRS genannt, ermittelt.

#### 4.7.7.1. Funktionsprinzip NIRS (Vollmann & Grausgruber, 2000)

NIRS ist eine physikalische Analysenmethode für die quantitative und qualitative Bestimmung von Inhaltsstoffen wie Öl, Protein, Stärke, Rohfaser, Feuchtigkeit, Zucker, freien Fettsäuren, Glucosinulaten u.a. in biologischen Materialien (Samen, Mehle, Lebens- und Futtermittel etc.). Als analytische Schnellmethode nutzt dieses Verfahren die Tatsache, dass Licht im Wellenlängenbereich von etwa 800 bis 2600 nm (naher Infrarotbereich) von organischen Verbindungen absorbiert und reflektiert wird. Diese Absorption ist hauptsächlich auf Bindungen mit CH-, NH-, SH- oder OH- (sowie andere funktionelle Gruppen) zurückzuführen, wodurch sich für einen jeden zu messenden Inhaltsstoff eines Untersuchungsgegenstandes ein typisches Spektrum an Absorptionsbanden (bzw. Kombinationsschwingungen und verschiedene Oberschwingungen) ergibt, das durch einen Detektor unter Verwendung bestimmter Wellenlängen (durch Filter oder Monochromator) erfasst wird. Aus den so ermittelten Messdaten werden mittels multipler linearer Regressionsgleichungen und mit Hilfe produktspezifischer Kalibrationsdaten Gehaltswerte für bestimmte Inhaltsstoffe errechnet. Die Dauer einer Messung beträgt meist weniger als eine Minute, wobei verschiedene Inhaltsstoffe einer Probe gleichzeitig erfasst werden können. Dadurch ist es möglich, mehrere 100 Proben pro Tag zu analysieren, was den Hauptvorteil dieser Untersuchungsmethoden gegenüber nasschemischen Verfahren ausmacht und die Beurteilung einer für züchterische Selektionszwecke ausreichend großen Zahl an Genotypen ohne einen Bedarf an Chemikalien und ohne zeitaufwendige Analysenschritte erlaubt.

#### Probenvorbereitung

Großkörnige Untersuchungsproben (Ackerbohnen, Sojabohnen, Getreide etc.) müssen vor der Messung zumeist gleichmäßig fein vermahlen werden, da unterschiedliche Oberflächen, Textureigenschaften, Korngrößen oder Kornhärten das Messergebnis beeinflussen können. Kleinkörnige Saat-Proben (Raps, Mohn, Leindotter, Amaranth etc.) können in jedem Fall ohne Zerkleinerung gemessen werden.

#### Kalibration

Für die Proteingehaltsbestimmung z.B. von Sojabohnen muss zunächst eine Kalibration des Gerätes mit Proben durchgeführt werden, die das gesamte Spektrum an zu erwartenden Untersuchungsproben (Proteingehalte, Korngrößen usw.) repräsentieren sollen. Die Referenzmethode ist dabei eine Protein- bzw. Stickstoffbestimmung nach Kjeldahl; die Eichverfahren für die Bestimmung des Ölgehaltes sind Soxhlet-Extraktion oder die NMR-Methode, für Feuchtigkeitsmessung eine einfache Wassergehaltsbestimmung durch Trocknung und Wägung (gravimetrische Bestimmung). Die eigentliche Kalibration des Gerätes geschieht mathematisch z.B. mittels multipler linearer Regression (MLR) oder „partial least square regression“ (PLSR): Dabei werden Absorptionen bei einzelnen Wellenlängen mit Inhaltsstoffgehalten (aus den Referenzproben) in Verbindung gebracht und sogenannte Kalibrationsgleichungen erstellt, mit deren Hilfe dann aus den Absorptionswerten unbekannter Proben die Gehalte der einzelnen Inhaltsstoffe (für welche die Kalibration erstellt wurden) errechnet werden können.

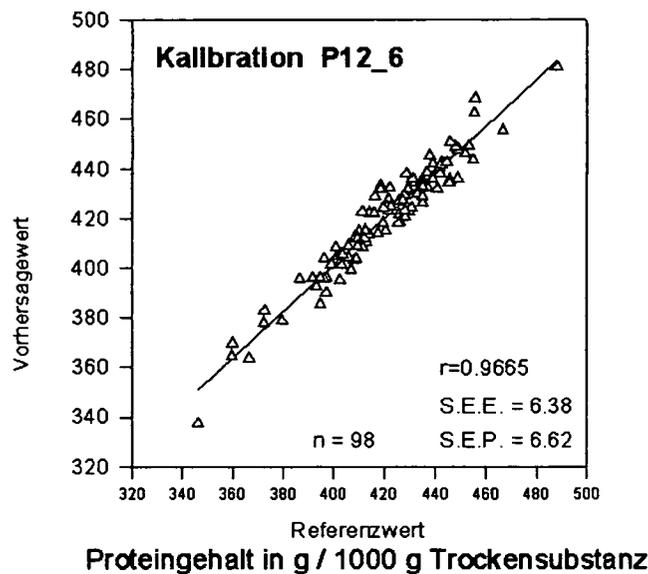


Abb. 5: Beispiel für eine NIRS-Kalibration zur Proteingehaltsbestimmung bei Sojabohnen

### Besondere Probleme der NIRS

Die Reproduzierbarkeit der gemessenen Gehaltswerte über unterschiedliche Standorte und Anbaujahre bedarf einer ständigen Überprüfung (Validierung) mit Kontrollproben und erfordert unter Umständen eine Erweiterung der NIRS-Kalibration, da verschiedene Umwelten unterschiedliche Reflexionseigenschaften der Messproben nach sich ziehen, wodurch Vorhersageergebnisse verfälscht werden können.

Bei der Probennahme ist der Stichprobenfehler besonders zu beachten, da kleine Probenmengen verwendet werden, die durch Entmischungsvorgänge nicht repräsentativ für die Gesamtheit sein können. Um eine optimale Probennahme sicherzustellen, können auch mehrere Teilproben analysiert werden.

### Analyse

Zuerst wurden die Proben mittels einer Labormühle fein zermahlen und in die Messbehälter gefüllt. Für die Analyse stand ein so genannter FT-NIRS, Matrix I (Bruker, Ettlingen, D) zur Verfügung. Der Messcomputer war mit dem Softwareprogramm OPUS ausgestattet.

Von jedem Genotyp wurde eine Probe analysiert, wobei nach der ersten Messung der Messbehälter um 180° gedreht wurde und erneut gemessen wurde. Damit soll eine mögliche Messungenauigkeit, verursacht durch eine auftretende Inhomogenität der Proben eliminiert werden.

Der Gehalt an Protein und Öl wird in g/kg Trockensubstanz ausgedrückt.

### 4.7.8. Summe aus Protein- und Ölgehalt

Dieser Wert dient als Leistungs- und Qualitätsmerkmal der Sorten (über 620 g/kg TM = sehr gut, höchste Qualität). Diese Kennzahl wird durch Addition der beiden Einzelwerte erhalten.

## 4.8. Datenauswertung

Für die statistische Auswertung der genannten Merkmale, wurde das Computerprogramm PLABSTAT Version 3A (Utz, 2005), eine für die Pflanzenzüchtung entwickelte Statistiksoftware, verwendet.

PLABSTAT kann als ein Kürzel für „PLAnt Breeding STATistical program“ oder auch als „PLAnned Block experiments and their STATistical analysis“ gelesen werden.

### Rechnerische Möglichkeiten von PLABSTAT:

#### a) Einfache statistische Messzahlen und multiple Regression

Mit PLABSTAT lassen sich einfache statistische Maßzahlen wie Varianz, Schiefe, Exzess oder Korrelationskoeffizienten von Variablen schätzen. Einfache und multiple Regressionsanalysen, einschließlich von Pfadkoeffizienten, können berechnet werden.

#### b) Gitteranlagen

PLABSTAT analysiert Gitteranlagen, genauer quadratische, Rechteck- und verallgemeinerte Gitteranlagen, jeweils ohne Wiederholung des Grundplans. Für Gitteranlagen berechnet es die adjustierten Mittelwerte oder Effekte und gibt eine Liste der unvollständigen Blockeffekte aus. Es prüft die Residuen auf Ausreißer.

#### c) Mehrfaktorielle Experimente

Es können Varianzanalysen für balancierte Datensätze berechnet werden, wobei fehlende Werte erlaubt sind. Bei vielen fehlenden Werten werden nur die Mittelwerte, berechnet und nach der Methode der kleinsten Quadrate, ausgegeben. Das Programm verarbeitet faktorielle und hierarchische Klassifikationen mit fixierten, zufälligen oder gemischten Modellen. Situationen mit nicht orthogonalen Anlagen oder Reihen-Säulen-Anlagen, wie lateinisches Quadrat, sind ausgeschlossen, doch können solche Fälle über einen zweiten Durchgang, verarbeitet werden.

Es werden die Varianzanalyse-Tabellen, einschließlich Varianzkomponenten, deren Standardfehler und F-Tests, sowie Mittelwerte mit Standardfehlern und Grenzdifferenzen berechnet. Tabellen von Mittelwerten, Effekten oder Rängen können ausgegeben werden. Residuen und Effekte können auf Ausreißer hin überprüft werden.

#### d) Weitere Möglichkeiten

Korrelationsdiagramme werden erzeugt. Mittelwerte können gespeichert werden, um anschließend weitere Analysen damit durchzuführen.

Neue Variablen werden berechnet oder vorhandene modifiziert. Beobachtungen lassen sich überprüfen, ob gewisse Grenzen überschritten werden.

Weiters wurde mit PLABSTAT die operative Heritabilität mit der Varianzkomponentenmethode bestimmt. Bei dieser Methode wird der Schätzwert  $h^2$  für die Heritabilität als Quotient der Prüfgliedervarianzkomponente ( $V_g$ ) zur Prüfglieder- und Fehlervarianzkomponente ( $V_f$ ) ermittelt.

$$h^2 = V_g / (V_g + V_f)$$

Die Heritabilität gibt nur an, zu welchem Anteil der Phänotyp auf den Genotyp zurückzuführen ist, sie sagt jedoch nichts über die Anzahl der beteiligten Gene, deren Lokalisation oder Genprodukte aus.

Auf Merkmale mit hoher Heritabilität (z.B.: Samenfarbe) kann schon in frühen Generationen selektiert werden, auf jener mit niedriger Heritabilität (z.B.: Ertrag) sollte erst nach mehrjährigen und mehrortigen Prüfungen in späteren Generationen selektiert werden.

#### 4.9. Bodentrend bzw. Bodenfehler

Bei der Varianzanalyse (im Kapitel „Ergebnisse“) der untersuchten Merkmale sind hoch signifikante Unterschiede bezüglich Wiederholung und Blöcken ersichtlich. Dadurch kann auf einen bestehenden Bodentrend in der Gitteranlage geschlossen werden, weshalb unterschiedliche Darstellungen des Bodentrends (mittels Blockeffekte, Nachbaranalyse) anhand des Merkmals TKG durchgeführt wurden.

Die Ursachen für derartige Bodentrends sind sehr vielfältig und können in bestimmten Fällen durch pflanzenbauliche Maßnahmen beseitigt werden, in anderen Fällen jedoch liegen Trendursachen in Bodeneigenschaften (z.B. sich verändernde Sand- und Tonanteile, pH-Wert etc.), die nur schwer zu beeinflussen sind.

Bei der varianzanalytischen Auswertung einer Leistungsprüfung kommt es durch nicht berücksichtigte Trends zu einem Ansteigen der Fehlervarianz, im Gefolge damit werden statistische Signifikanztests wie F-Test, Grenzdifferenzen oder multiple Mittelwertvergleiche unscharf. Besonders problematisch aus züchterischer Sicht ist darüber hinaus die Tatsache, dass auch Rangreihungen von Genotypen durch Trends verändert werden, was falsche Selektionsentscheidungen zur Folge haben kann. Eine erhöhte Fehlervarianz führt zu einer verringerten operativen Heritabilität, veränderten Korrelationen und in bestimmten Situationen zu unrichtigen genetischen Varianzverhältnissen (Vollmann et al., 1994).

#### 4.10. Darstellung der genetischen Distanz

Um die genetische Distanz der 150 Genotypen ersichtlich zu machen, wurde eine Clusteranalyse durchgeführt. Die Ergebnisse der Clusteranalyse werden als Dendrogramme dargestellt.

Eine weitere Darstellung der genetischen Distanz erfolgte mit der Methode der Principal Components (PCA). Für die Durchführung dieser Methoden bzw. Analysen wurde das Statistiksoftwareprogramm SPSS verwendet.

Um ein übersichtlicheres Dendrogramm zu erstellen, wurde weiters das Softwareprogramm NTSYSpc verwendet.

Die Durchführung zur Darstellung der genetischen Distanz, wird erst im Kapitel Ergebnisse, der Verständlichkeit wegen erklärt.

# 5. Ergebnisse

## 5.1. Varianzanalyse der untersuchten Merkmale

Tab. 8: Ergebnisse der Varianzanalyse

Varianzursache	DF	MS	Varianzkomp.	F-Wert
<b>Reifezeit</b>				
I Replications	1	466.2533	2.8274	21.56 **
I Treatm(unadj)	149	79.8501	28.8489	3.89 **
I Blocks (adj)	58	29.4041	5.0966	1.76 **
I Intrabl.error	91	16.6627	16.6627	
<b>Wuchshöhe</b>				
I Replications	1	444.0833	1.3241	5.87 *
I Treatm(unadj)	149	204.7679	44.2162	3.13 **
I Blocks (adj)	58	140.0254	42.1774	4.05 **
I Intrabl.error	91	34.5818	34.5818	
<b>Tausendkorngewicht</b>				
I Replications	1	10620.7500	65.7067	40.54 **
I Treatm(unadj)	149	1317.3786	496.7633	6.89 **
I Blocks (adj)	58	452.6161	124.8486	3.22 **
I Intrabl.error	91	140.4947	140.4947	
<b>Proteingehalt</b>				
I Replications	1	732.9151	-5.3664	1.69
I Treatm(unadj)	149	1081.7521	249.1513	3.56 **
I Blocks (adj)	58	850.0373	275.1322	5.24 **
I Intrabl.error	89	162.2067	162.2067	
<b>Ölgehalt</b>				
I Replications	1	2567.0340	13.2343	10.84 **
I Treatm(unadj)	149	646.6157	164.1111	2.80 **
I Blocks (adj)	58	366.9343	85.9825	2.41 **
I Intrabl.error	89	151.9782	151.9782	
<b>Protein- und Ölgehalt</b>				
I Replications	1	556.4420	-0.2484	2.74 +
I Treatm(unadj)	149	364.6442	84.6290	2.32 **
I Blocks (adj)	58	350.4753	97.2877	3.27 **
I Intrabl.error	89	107.2561	107.2561	

+ signifikant bei 10 %; \* signifikant bei 5 %; \*\* hoch signifikant bei 1 % Irrtumswahrscheinlichkeit

Wie aus Tabelle 8 ersichtlich, gibt es bei fast allen Merkmalen hoch signifikante Unterschiede bezüglich Wiederholung (Replications), Sorte (Treatm) und Blöcken

(Blocks). Durch die hoch signifikanten Unterschiede zwischen der Wiederholung und den Blöcken, kann man schließen, dass Bodentrends bzw. Bodenfehler vorhanden sind. Diese Bodentrends werden im Kapitel 5.4 graphisch dargestellt. Bei dem Merkmal Proteingehalt konnte zwischen den Wiederholungen kein Unterschied festgestellt werden. Auch bei der Summe aus Protein und Ölgehalt hat die Wiederholung einen schwach signifikanten Einfluss.

## 5.2. Ergebnisse der untersuchten Merkmale

### 5.2.1. Reifezeit

Die Reifezeit schwankt zwischen 28 und 52 Tagen und beträgt im Mittel rund 41 Tage (Tage nach dem 31. Juli).

Frühreife Sorten sind zum Bsp.: „Heimkraft I“, „Nikogri“ oder „Grignon 21“. Die späteste Reifezeit weist die Sorte „Merit“ auf.

### 5.2.2. Wuchshöhe

Die geringste Wuchshöhe erreichte „Dornburger Stamm“ mit 34 cm, der höchste Genotyp ist „Gatersleben 45“ mit einem Wert von 80 cm. Der Mittelwert der Versuchsanlage beträgt 58 cm.

### 5.2.3. Nabelfarbe

Wie schon im Kapitel „Material und Methoden“ erwähnt, handelt es sich hier nur um eine optische Beurteilung und Beschreibung, die deshalb aus der Varianzanalysetabelle entfernt (dies gilt auch für „Samenfarbe“ und „Vom Nabel ausgehende Verfärbung“) wurde.

Farbausprägungen werden von Umwelt- und Bodenbedingungen kaum beeinflusst, außer bei der Nabelverfärbung durch Kälteeinfluss. Bei der Varianzanalyse gibt es, wie erwartet, nur Unterschiede zwischen den Sorten.

Beispiele für Genotypen mit:

- gelben Nabel: „Carola“, „Pannonia 8“, „Ruska Zltá“
- weiß-leicht grau: „Rekord Severa“, „Juanj-bao-tsinj“
- braun: „Ford“, „Allemand“, „Capital“, „SU 612“
- grau: „Corona“, „Hardome“, „Mazowiecka“, „Heimkraft“
- schwarz: „Flambeau“, „Gatersleben 13“, „Nanking“

### 5.2.4. Vom Nabel ausgehende Verfärbung

Dieses Merkmal wurde mit den Werten von 1-5 beurteilt, geringster Wert 1, bedeutet keine Verfärbung, der höchste Wert von 3,5 wurde hauptsächlich von den verschiedenen „Amurskaja“-Sorten erreicht.

Bei schwarzen Samen konnte bzw. kann keine Verfärbung festgestellt werden, hier wurde bei der Beurteilung der Wert 0 angenommen, im PLABSTAT (aus rechnerischen Gründen) der Wert 0,1.

### 5.2.5. Samenfarbe

Der Großteil der 150 Sorten oder Genotypen weist eine gelbe Samenfarbe auf.

Drei davon sind braun: „Dornburger Stamm 106“, „Chmelarovska brenská SVA“, „Wilenska Brunatna 2“.

17 Sorten haben eine schwarze Samenfarbe wie zum Bsp.: „Dr. Esycok“, „v. Japonica“, „Amurskaja 262“, „Altongaard“, Nanking“.

### 5.2.6. Tausendkorngewicht

Im Mittel liegt das Tausendkorngewicht bei ca. 154 g. Den Minimalwert von 108 g, weist die Sorte „Amurskaja 41“ auf.

Ein Tausendkorngewicht von über 200g erreichen die Genotypen: „Giessener Stamm“, „Platska Zlta Obravska“, Gatersleben 8, Bitterhof b. Das höchste TKG von 289g wird von der Sorte „Chyazi No. 2“ erreicht.

### 5.2.7. Proteingehalt

Der geringste Proteingehalt von 361g/kg TS wurde bei der Sorte „v. Kizelnicka“ festgestellt, den Maximalwert von 464 g/kg TS erreicht die Sorte „Zolta Przebedowska“.

Der Mittelwert der Versuchsanlage liegt bei ca. 404 g/kg TS.

### 5.2.8. Ölgehalt

Die Sorte „Altonagaarden“ weist den höchsten Ölgehalt von 240 g/kg TS auf, den niedrigsten Gehalt an Öl von 145g/kg TS hat die Sorte „Zolta Przebedowska“. Es ist verständlich, dass dieser Genotyp den niedrigsten Ölgehalt aufweist, da Protein- und Ölgehalt negativ korreliert sind (siehe Korrelationstabelle). Im Mittel liegt der Ölgehalt bei rund 193 g/kg TS.

### 5.2.9. Summe aus Protein- und Ölgehalt

Für dieses Merkmal wurde eine Variation zwischen 624 und 562 g/kg TS festgestellt. Im Mittel liegt der Wert bei 597 g/kg TS.

Über 620 g/kg TS schaffen es vier Sorten: „Amurskaja 139-63“, „Char'kovskaja 149“, „Gatersleben 18“, „Alurzynka“.

Tab. 9: Übersicht über die Minimum-, Maximumwerte und adjustierten Mittelwerte der untersuchten Merkmale sowie deren Grenzdifferenzen (LSD5)

<b>Merkmal</b>	<b>Minimum</b>	<b>Maximum</b>	<b>Adj. Mittelwert</b>	<b>LSD5</b>
Reifezeit (Tage nach 31. Juli)	28	52	41	8,8
Wuchshöhe (in cm)	34,5	80	58	13,5
Nabelfarbe	1	5	3,2	0,85
v.Nabel.a.Verfärbung	0,1	3,5	2,1	0,81
Samenfarbe	1	5	1,5	0
TKG (in g)	108	289	154	26,9
Proteingehalt (g/kg TS)	361	464	404	29,5
Ölgehalt (g/kg TS)	145	240	193	27,4
Protein+Öl (g/kg TS)	562	624	597	23,5

Tab. 10: Ergebnisse der untersuchten Merkmale für die 150 Sorten

Entry	Name	Reifezeit	Wuchshöhe	Nabelfarbe	v.N.a.Verf.	Samenfarbe	TKG	Protein	Öl	Prot.+Öl
1	Nanking	42,7	76,0	5,0	0,1	5,0	167,4	379,5	237,0	616,0
2	Hei-He Nr. 3	50,0	59,0	2,5	3,0	1,0	154,7	414,0	185,1	599,7
3	Wilenska Brunatna 2	30,5	62,8	3,0	0,1	3,0	124,8	418,9	182,5	599,8
4	Dornburger Stamm 106	29,1	34,4	3,0	0,1	3,0	183,2	418,1	188,0	609,3
5	Chmelarovska brenská SVA	50,9	60,0	3,0	0,1	3,0	131,8	419,3	169,8	589,5
6	Roudnicka Ciemá	48,4	56,2	5,0	0,1	5,0	117,2	429,4	178,3	610,1
7	Gatersleben 13	44,1	73,8	5,0	0,1	5,0	175,6	369,3	234,6	599,6
8	v. Japonica	40,0	64,0	5,0	0,1	5,0	130,6	408,8	209,0	613,2
9	v. Kiszelnicka	40,5	65,7	5,0	0,1	5,0	182,4	361,1	236,1	597,3
10	Szkilista	45,9	64,2	5,0	0,1	5,0	146,8	420,9	195,4	614,6
11	15761-Norddeutsch-Schwarzmat	48,7	68,9	5,0	0,1	5,0	134,2	387,6	205,0	597,5
12	Altonagaarden	43,3	63,7	5,0	0,1	5,0	170,9	368,2	240,0	606,0
13	Dieckmannova Cierna	39,5	63,1	5,0	0,1	5,0	166,5	374,5	212,8	582,4
14	Baburka Przebedowska	49,4	73,5	5,0	0,1	5,0	142,3	427,0	183,9	611,5
15	Alurzynka	34,9	52,4	5,0	0,1	5,0	130,2	392,2	235,3	624,0
16	Amurskaja 262	52,3	68,8	5,0	0,1	5,0	123,9	402,3	198,8	596,3
17	Altongaard	50,0	74,7	5,0	0,1	5,0	138,2	428,8	192,2	618,9
18	Dr. Esycok	49,2	74,7	5,0	0,1	5,0	126,7	419,6	194,2	617,4
19	Fruhwrts Schwarze Pedoja	45,3	73,1	5,0	0,1	5,0	131,5	413,6	196,2	614,4
20	Amurskaja	43,5	63,4	5,0	0,1	5,0	121,8	423,1	178,3	602,5
21	Char'kovskaja 149	44,3	46,5	5,0	0,1	5,0	184,4	397,0	218,7	621,1
22	Light Green	39,0	65,1	3,0	3,0	1,0	161,6	395,4	203,4	603,2
23	Rekord Severnyj	30,3	40,4	1,5	2,3	1,0	143,7	441,9	170,2	609,1
24	Nagy Szemü Fehér	47,1	65,5	4,0	2,0	1,0	170,1	404,9	179,4	591,2
25	Gelbe Rlesen	41,1	51,9	2,5	2,3	1,0	179,0	436,4	168,4	607,2
26	D-747	32,6	37,2	3,0	1,5	1,0	159,6	426,1	192,2	615,0
27	Rouest 68	46,3	62,2	3,0	1,5	1,0	155,7	400,4	193,3	592,0
28	Kouban 0.375	41,1	58,9	4,0	1,5	1,0	154,6	411,4	189,0	594,1
29	Zolta Przebedowska	45,1	47,5	2,0	3,0	1,0	173,0	464,2	145,0	611,3
30	Kou-shou	37,5	54,7	2,0	3,0	1,0	155,7	390,9	197,1	586,3
31	Hardome	42,8	64,3	4,0	3,0	1,0	159,6	389,4	198,8	588,6
32	Kirsches Stamm 2027	40,5	57,8	3,0	1,5	1,0	151,7	400,9	193,4	594,4
33	Grignon 14	43,7	62,1	1,8	3,0	1,0	153,3	406,0	194,3	597,5

34	Roudnická Zlta	45,8	50,9	1,0	2,5	1,0	178,7	396,8	222,5	617,4
35	Hawkeye	40,2	66,1	4,0	2,0	1,0	194,9	374,1	225,0	596,9
36	Mauthnerová Velkozruná	42,1	63,8	4,0	2,3	1,0	176,7	396,2	194,2	591,9
37	Reiner	43,8	59,3	1,5	2,3	1,0	185,9	408,3	193,0	599,0
38	Gatersleben 18	47,3	56,8	2,0	2,8	1,0	204,2	434,9	186,1	621,3
39	Purpurblume Nr. 4	39,8	51,8	1,5	3,0	1,0	168,1	402,7	190,5	589,4
40	Dse-chua-zo-dse	47,5	41,6	1,5	1,8	1,0	129,3	400,3	192,4	590,8
41	Goldsoy	43,3	55,6	2,5	3,0	1,0	172,1	411,4	198,2	610,7
42	Krusulja 9/3	37,8	50,4	3,0	3,3	1,0	131,8	401,9	212,8	616,9
43	Bitterhof a	34,4	54,3	2,3	2,5	1,0	183,8	412,9	189,3	598,9
44	Hodoninska Zluta	46,6	63,4	1,0	2,0	1,0	154,5	397,3	207,3	599,8
45	Bitterhof b	35,5	52,1	1,5	3,0	1,0	208,2	422,5	171,6	592,3
46	Borowska	35,6	58,3	2,5	3,0	1,0	190,4	423,9	172,4	595,8
47	Kabott	43,6	63,0	2,0	2,5	1,0	140,6	410,0	181,6	593,5
48	Ko chuan	47,4	56,9	3,0	3,0	1,0	177,8	420,4	181,8	603,1
49	Rekord Severa	30,1	42,3	2,0	1,8	1,0	142,1	442,1	164,3	599,5
50	Faur	43,2	75,4	5,0	2,0	1,0	167,5	373,7	221,2	591,6
51	Gatersleben 31	52,1	75,4	3,0	3,0	1,0	194,8	385,6	207,3	591,1
52	Pannonia 8	41,4	61,3	1,0	2,3	1,0	164,7	381,6	194,2	574,5
53	Bydgoska 0.46	28,8	52,5	3,0	3,0	1,0	141,2	410,7	182,6	592,5
54	Juanj-bao-tsinj	31,4	57,8	2,0	3,0	1,0	158,0	419,7	182,2	603,4
55	Freitag Stamm 70	42,3	47,1	3,0	2,0	1,0	146,8	422,0	149,4	579,4
56	Piava	43,0	54,4	1,5	2,5	1,0	133,9	415,3	184,7	604,1
57	Mandin Kajon	46,3	71,1	5,0	1,3	1,0	177,6	372,4	213,8	584,7
58	Delitzsch Nr. 36	38,1	61,3	5,0	2,0	1,0	138,1	400,3	189,3	592,4
59	Zlotka	43,8	56,0	4,8	2,0	1,0	169,1	391,5	197,7	585,6
60	Gatersleben 36	29,3	44,0	5,0	2,5	1,0	135,5	443,3	154,8	600,1
61	Hudson Manchu	46,9	69,5	5,0	2,0	1,0	167,0	388,9	209,3	596,0
62	Halfon 502	45,3	49,4	5,0	2,0	1,0	170,8	411,4	189,6	601,5
63	Universal	41,4	55,5	3,8	2,0	1,0	171,2	379,8	189,0	568,7
64	Corona	31,6	49,4	4,0	2,3	1,0	127,4	402,7	196,7	605,0
65	Heimkraft I	28,3	47,9	4,0	2,5	1,0	113,8	399,5	194,2	597,2
66	Brillmeyer Giesenska	38,5	69,8	4,0	2,8	1,0	156,7	389,5	211,9	602,4
67	Flambeau	36,1	56,1	5,0	2,5	1,0	142,9	392,1	202,5	592,4

68	Maksimír S-45	47,3	57,8	4,5	2,0	1,0	166,9	414,4	184,6	596,8
69	Freitag Stamm 2143	42,2	58,3	5,0	2,5	1,0	153,7	412,6	184,9	605,1
70	Iregi Korona	50,0	72,5	3,0	2,0	1,0	162,4	377,8	226,6	601,5
71	Hudson Manchu	44,6	63,5	5,0	1,5	1,0	167,3	368,0	200,3	566,8
72	Mlochowska	36,2	50,8	4,0	2,5	1,0	133,2	404,4	195,7	598,6
73	Bydgoska 0.57	31,8	53,7	3,0	2,0	1,0	112,1	406,5	206,0	611,2
74	Mazowiecka	32,4	55,3	4,0	3,0	1,0	121,7	391,4	207,7	601,0
75	Riede 525	46,4	65,0	4,5	2,0	1,0	168,4	410,1	164,7	577,9
76	Précoce de Milly	31,9	43,9	4,0	2,3	1,0	139,3	393,2	206,0	600,9
77	Freitag Stamm 2143	36,7	63,1	5,0	2,3	1,0	164,2	413,7	200,0	614,2
78	Heimkraft II	39,0	58,0	5,0	2,5	1,0	144,8	410,7	173,7	582,5
79	Kamianetz No. 1	38,5	51,8	3,5	2,5	1,0	130,6	417,8	169,5	589,3
80	Cina 5202	43,7	56,1	1,5	2,8	1,0	134,2	401,6	203,8	612,0
81	Ta-chin-hu-Houan-Tsa	47,2	59,3	1,0	1,8	1,0	166,8	393,1	196,5	586,7
82	Carola	40,8	52,3	1,0	2,5	1,0	149,1	394,8	203,8	599,4
83	Ruska Zlta	44,5	50,3	1,0	2,3	1,0	147,8	404,2	186,1	589,8
84	Amurskaja 42	35,9	56,7	2,5	3,0	1,0	131,0	428,7	180,3	608,5
85	Amurskaja 41	32,6	48,8	3,0	3,5	1,0	108,5	372,8	211,9	586,6
86	Comet	44,8	66,5	1,5	1,8	1,0	161,4	404,9	184,2	586,2
87	Ford	40,0	42,0	3,0	2,0	1,0	115,5	432,4	178,6	611,4
88	Allemand	46,6	55,0	3,0	3,0	1,0	135,4	404,5	186,5	589,8
89	Chyazi No. 2	44,4	59,3	3,0	3,5	1,0	289,1	393,0	181,1	573,9
90	Giessener Stamm	43,2	53,9	3,0	2,5	1,0	202,1	407,2	196,4	602,6
91	Cina 6268	43,8	50,6	1,5	2,0	1,0	138,2	410,4	194,8	605,8
92	v. Mediaches	44,3	63,8	3,0	3,0	1,0	159,3	423,1	180,8	602,2
93	Krusulja	41,9	57,2	1,8	2,5	1,0	166,6	428,7	178,6	614,5
94	Ruminia Nr. 616	37,7	52,1	3,0	2,0	1,0	185,1	420,4	177,7	597,9
95	Dornburger Stamm 150	39,1	63,1	2,0	3,0	1,0	157,4	419,0	185,6	603,8
96	Tübingen	44,2	66,5	2,0	2,0	1,0	156,5	408,1	185,4	597,6
97	Dippes Frühgelbe	34,1	51,1	3,0	2,3	1,0	145,2	413,0	180,7	590,0
98	Len-Sin-pin-din	43,8	63,4	2,5	3,0	1,0	137,2	370,9	215,7	590,6
99	Ruminia 91	36,9	54,3	3,0	3,3	1,0	118,5	432,0	161,8	598,8
100	Aproszemu Sárga	34,4	57,5	3,0	2,3	1,0	128,3	407,2	187,5	597,4
101	Bel'ckaja 636	39,4	53,1	3,0	2,0	1,0	123,6	400,5	200,1	598,6

102	Bezenczucka	40,4	50,6	2,5	3,0	1,0	139,8	409,7	196,6	605,4
103	Amurskaja Zlutozelená	47,3	64,5	4,0	3,5	1,0	175,1	413,9	184,2	605,9
104	Domacka-Soja	48,9	65,9	5,0	1,8	1,0	153,6	373,5	187,8	562,6
105	Iregi Szürkebarát	40,6	49,7	5,0	1,8	1,0	148,0	373,7	213,5	585,8
106	Klevertof 527	50,1	65,7	5,0	3,3	1,0	170,5	381,8	200,3	584,9
107	Frühe Braune	31,2	59,0	1,3	2,5	1,0	140,7	382,6	214,3	594,3
108	Heinemann	35,3	50,2	2,0	2,3	1,0	193,4	427,0	170,1	596,9
109	Gatersleben 45	44,0	80,2	3,0	1,5	1,0	143,7	380,0	196,1	580,1
110	Gatersleben 46	42,6	71,2	3,0	1,5	1,0	149,3	406,8	183,1	588,8
111	Gatersleben 47	39,4	79,2	3,0	1,5	1,0	148,4	388,6	194,8	579,5
112	Juhomoravska drobnozrna Zitá	35,8	54,9	3,0	2,5	1,0	172,2	412,2	190,8	599,8
113	Slovenská Drobnozruná	42,5	60,1	3,0	2,5	1,0	131,5	436,3	174,8	612,3
114	Minsoy	51,5	55,7	3,0	3,0	1,0	128,1	382,7	187,9	565,8
115	Mandárská Zitá	40,9	56,4	3,0	2,0	1,0	123,5	397,5	188,6	586,1
116	Aesne	44,1	67,7	1,8	3,0	1,0	140,2	378,6	202,0	582,8
117	Herb 606	32,8	47,3	3,0	2,0	1,0	164,7	400,1	182,6	582,6
118	Gatersleben 48	39,9	54,8	3,0	3,0	1,0	156,0	408,9	183,0	589,6
119	Herb Nr. 620	34,6	54,4	3,0	3,0	1,0	141,3	384,7	191,2	578,2
120	Chabarovskaja 4	42,2	51,7	2,0	2,8	1,0	184,5	424,1	173,2	598,0
121	Ruminia Nr. 606	34,6	52,2	3,3	3,0	1,0	158,2	431,3	180,0	611,5
122	Grignon 21	28,7	49,7	2,8	2,5	1,0	143,7	415,4	181,2	598,0
123	Gatersleben 49	40,6	58,5	2,0	3,0	1,0	183,4	426,6	184,9	612,1
124	Capital	39,6	60,6	3,0	2,5	1,0	135,0	417,7	171,8	588,9
125	Herb 22	39,3	56,0	3,0	2,0	1,0	140,8	426,7	174,9	603,7
126	Iasi 5	50,9	53,9	3,0	2,5	1,0	135,0	388,8	193,9	580,4
127	Kromerizska Zlutá	44,4	70,8	3,0	1,8	1,0	158,0	389,6	190,8	580,7
128	Nikogri	28,4	51,1	3,0	3,5	1,0	132,4	398,2	209,2	614,1
129	Mauthners Gelbe	35,3	62,3	2,0	2,8	1,0	109,8	385,3	190,7	574,1
130	Charbinskaja 111	52,6	66,7	3,0	2,5	1,0	144,3	364,2	216,7	575,6
131	B.G. 23-44	50,5	68,0	3,0	2,3	1,0	123,3	374,5	197,9	573,9
132	Bezencukskaja	32,8	70,7	3,0	2,0	1,0	142,0	363,4	226,4	587,9
133	Varainana	34,1	49,1	3,0	2,0	1,0	154,4	417,7	178,9	594,1
134	Amurskaja 265-63	35,6	49,1	3,0	3,5	1,0	117,6	405,8	194,1	601,0
135	Amurskaja 736/84	36,3	73,0	5,0	1,5	1,0	144,6	389,3	192,0	578,4

<b>136</b>	Sajjut 216	44,2	67,1	2,5	2,5	1,0	175,5	394,6	200,5	593,2
<b>137</b>	Sajjut 216	30,6	59,8	3,0	3,3	1,0	136,8	393,5	208,8	601,5
<b>138</b>	Gatersleben 57	31,3	53,9	5,0	2,8	1,0	138,1	410,0	193,4	603,9
<b>139</b>	Dobrudzanka	47,6	69,5	4,0	2,3	1,0	190,8	391,2	201,1	597,0
<b>140</b>	SU 608	37,4	54,9	3,0	2,5	1,0	169,8	400,3	201,4	601,1
<b>141</b>	Amurskaja 242-63	33,7	69,3	2,5	3,5	1,0	118,0	423,4	172,8	595,2
<b>142</b>	Herb 616	36,4	44,3	3,0	3,0	1,0	167,6	428,9	181,6	605,1
<b>143</b>	Dneprovskaja 1	51,4	54,6	3,0	1,3	1,0	133,9	387,5	206,3	589,1
<b>144</b>	Amurskaja 139-63	34,8	47,0	2,5	3,5	1,0	153,4	440,1	184,7	620,5
<b>145</b>	Herb 600	38,4	56,0	3,0	2,0	1,0	176,0	419,6	181,3	599,8
<b>146</b>	Amurskaja 209-63	32,1	58,1	3,0	3,3	1,0	127,1	404,2	199,7	603,5
<b>147</b>	SU 605	37,9	64,0	3,0	2,8	1,0	172,9	400,3	196,3	603,3
<b>148</b>	SU 612	39,9	59,1	3,0	3,0	1,0	178,6	422,7	173,3	597,6
<b>149</b>	Merit	52,7	67,0	3,0	1,5	1,0	144,4	385,0	210,6	595,7
<b>150</b>	Platska Zlta Obravska	51,1	58,8	1,0	2,0	1,0	203,8	418,7	188,8	608,3

### 5.3. Merkmalskorrelationen

Nach einer Beschreibung der einzelnen Merkmale über die 150 verschiedenen Genotypen, werden nun folgend Korrelationen zwischen den Merkmalen betrachtet. Dazu werden die im Zuge der statistischen Auswertung errechneten Korrelationskoeffizienten angegeben. Die wichtigsten untersuchten Zusammenhänge werden dadurch ersichtlich (Tabelle 11). Die durchaus interessanten Ergebnisse werden zusätzlich graphisch dargestellt.

Tab. 11: Korrelationskoeffizienten zwischen den untersuchten Merkmalen

	1	2	3	4	5	6	7	8
2 wuchs	<b>0.482**</b>							
3 n_far	0.091	0.298**						
4 nf_au	-0.261**	-0.278**	-0.484**					
5 s_far	0.207*	0.278**	0.514**	-0.817**				
6 tkg	0.200*	0.071	-0.097	0.098	-0.111			
7 prot	-0.206*	<b>-0.435**</b>	-0.226**	0.127	-0.052	-0.010		
8 oil	0.117	0.348**	0.256**	-0.267**	<b>0.308**</b>	0.004	<b>-0.784**</b>	
9 po	-0.166*	-0.214**	0.011	-0.130	0.331**	-0.025	<b>0.537**</b>	0.079
	reife	wuchs	n_far	nf_au	s_far	tkg	prot	oil

\*\* signifikant bei 1% Irrtumswahrscheinlichkeit

Wie aus Tabelle 11 ersichtlich ist, wurden bei der Auswertung die Merkmale Reifezeit, Wuchshöhe, Nabelfarbe, vom Nabel ausgehende Verfärbung, Samenfarbe, Tausendkorngewicht, Proteingehalt, Ölgehalt und Summe aus Protein- und Ölgehalt auf ihre Korrelation mit den jeweils anderen Merkmalen untersucht. Die bedeutsamen und hoch gesicherten (\*\*) Zusammenhänge sind hervorgehoben.

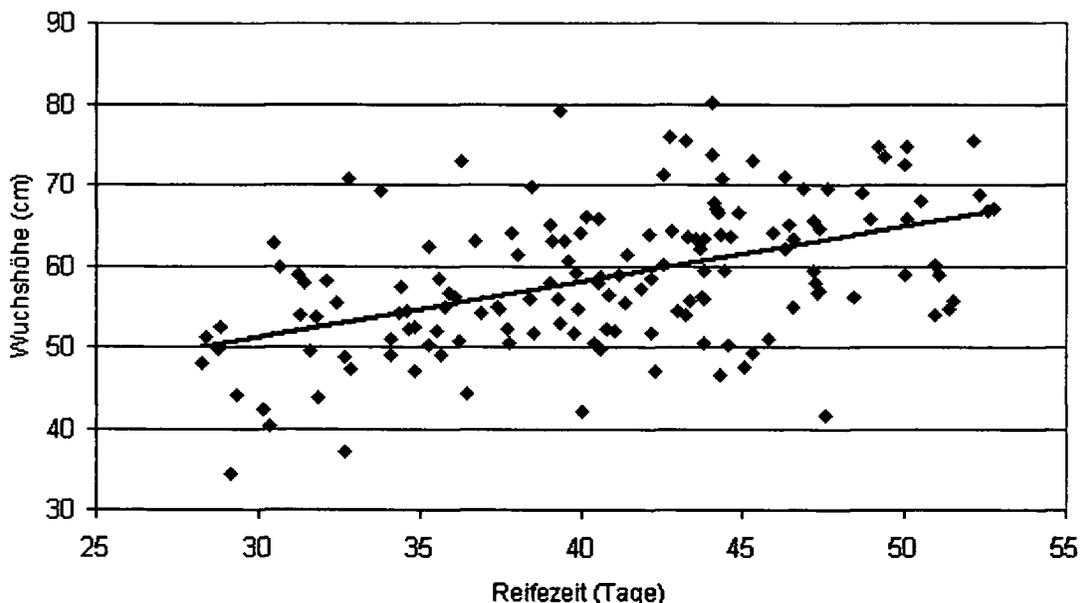


Abb. 6: Korrelation zwischen der Wuchshöhe und der Reifezeit;  $r = 0,482$

Es ist ersichtlich, dass mit zunehmender Wuchshöhe auch die Reife später erreicht wird. Weiters (nicht graphisch dargestellt), ist eine längere Reifezeit mit dem Proteingehalt und Protein- und Ölgehalt leicht negativ korreliert ( $r = -0,206$  bzw.  $-0,166$ ). Auf den Ölgehalt hat die Reifezeit keine Auswirkung.

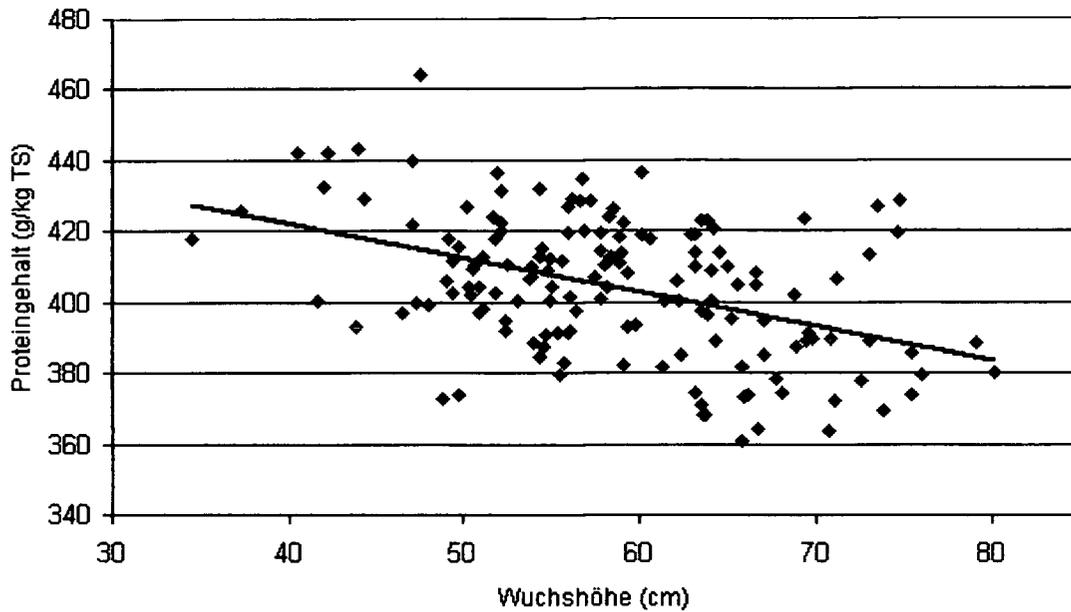


Abb. 7: Korrelation zwischen Proteingehalt und der Wuchshöhe;  $r = -0,435$

Die negative Korrelation zwischen Proteingehalt und der Wuchshöhe ist ebenfalls im Merkmal Protein- und Ölgehalt zutreffend ( $r = -0,214$ ). Mit dem Ölgehalt ist eine zunehmende Wuchshöhe korreliert ( $r = 0,348$ ).

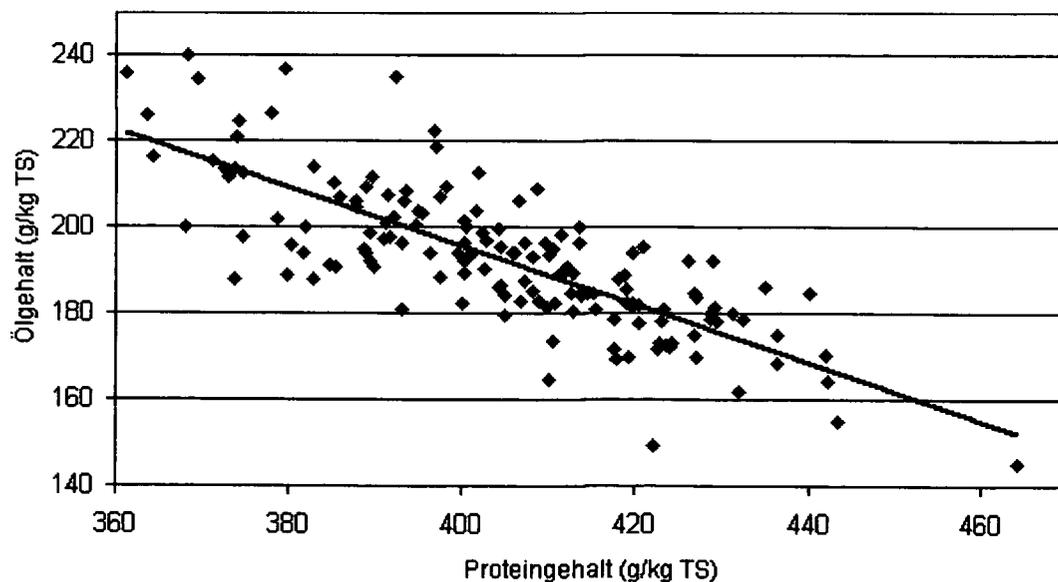


Abb. 8: Korrelation zwischen dem Ölgehalt und Proteingehalt;  $r = -0,784$

In dieser Abbildung ist eindeutig festzustellen, dass der Ölgehalt mit dem Proteingehalt stark negativ korreliert ist. Dies hat auch eine Auswirkung auf die anderen Korrelationen. Ist wie oben genannt, der Proteingehalt mit steigender Wuchshöhe geringer, ist der Ölgehalt mit steigender Pflanzenhöhe positiv korreliert.

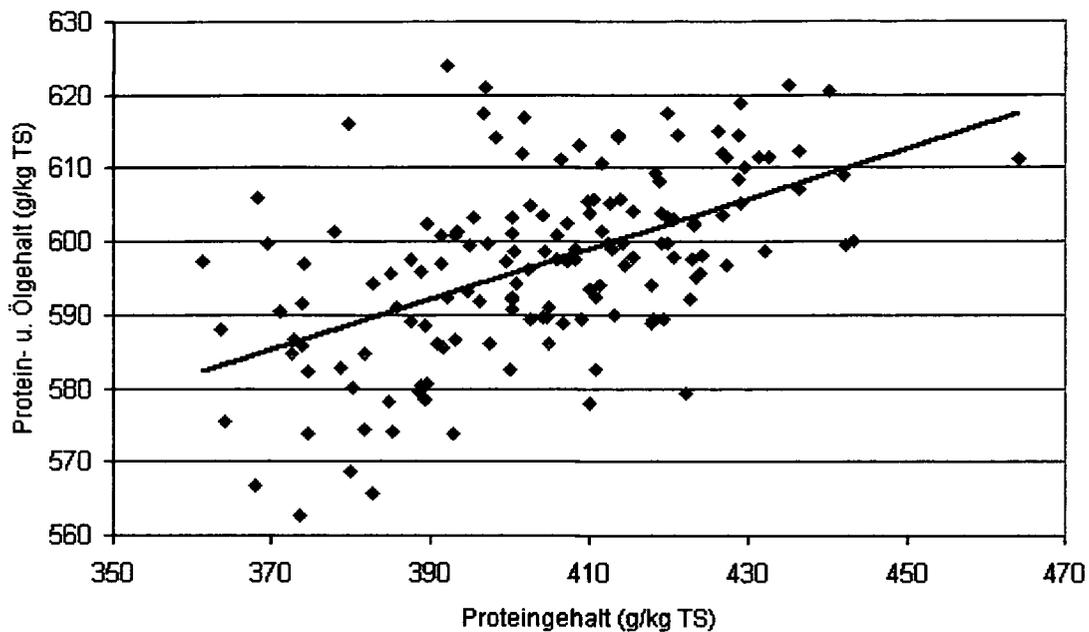


Abb. 9: Korrelation zwischen Protein- und Ölgehalt und dem Proteingehalt;  $r = 0,537$

Mit steigendem Proteingehalt ist auch die Summe aus Protein- und Ölgehalt höher, während der Ölgehalt mit dem zu letzt genannten Merkmal keine signifikante Korrelation aufweist.

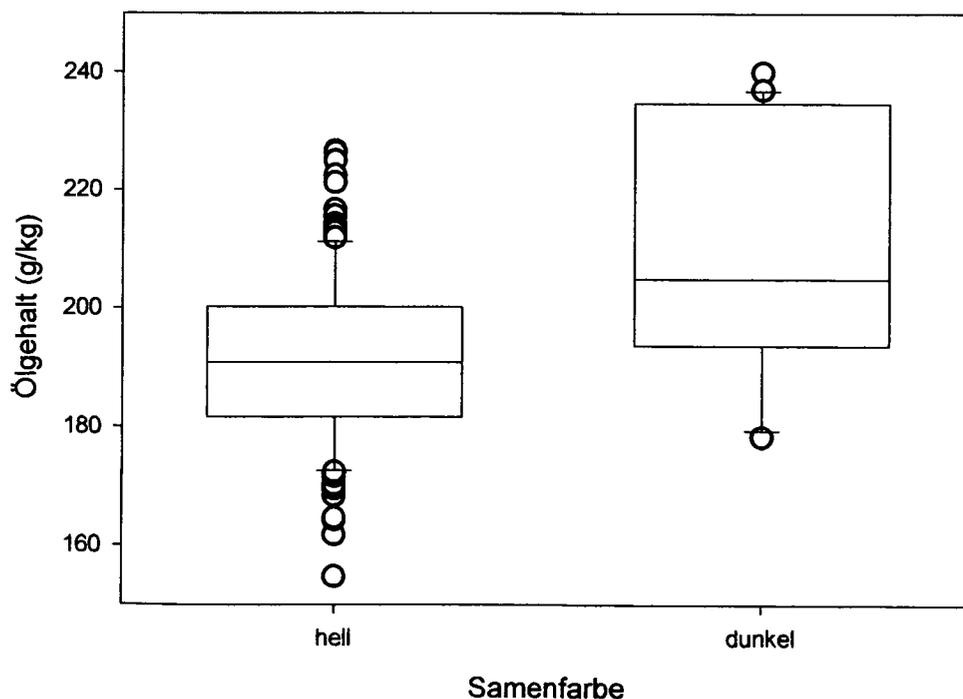


Abb. 10: Beziehung zwischen Ölgehalt und Samenfarbe

In dieser Abbildung ist zu sehen, dass die dunklen Sojabohnen im Durchschnitt einen höheren Ölgehalt aufweisen. Aber auch einige hellfarbige Sojabohnen erreichen durchaus einen Ölgehalt über 210 g/kg TS.

## 5.4. Bodentrend bzw. Bodenfehler

### 5.4.1. Teilblockeffekte

Die Teilblockeffekte wurden vom Programm PLABSTAT nach unterschiedlicher Adjustierung des Bodenfehlers errechnet.

In der nachfolgenden Graphik, werden die Teilblockeffekte anhand des Tausendkorngewichts, der Versuchsanlage in Farbe (grün = positiv; gelb = negativ) dargestellt.

Die Werte (in g) der Blockeffekte schwanken zwischen -18,1 und +19,2. Eine andere Darstellung des Bodentrends wird wie folgend mit der Nachbaranalyse durchgeführt.

14	146	85	61	74	71	49	126	143	16	114	8	28	57	44	46	135	132	112	136	88			
13	116	56	93	139	96	54	104	95	36	25	35	109	1	124	17	80	104	47	60	77			
12	50	148	14	17	77	35	131	43	140	107	106	41	82	31	119	62	29	74	24	54			
11	141	129	135	82	9	119	88	150	121	84	128	93	69	21	55	79	122	101	78	38			
10	81	7	12	118	68	109	103	147	24	80	131	75	148	103	25	150	149	113	141	73	2	99	
9	127	89	137	32	44	124	75	92	60	48	91	67	33	16	68	86	118	5	114	72	6	56	
8	101	30	28	142	52	39	83	138	117	8	97	71	94	81	70	90	53	107	129	37	105	19	
7	111	26	110	78	130	90	66	136	10	1	146	45	95	108	120	92	10	50	43	3	116	12	
6	33	13	86	144	97	31	73	37	133	112	111	51	133	84	63	15	13	27	7	49	87	143	
5	134	2	15	72	105	40	29	125	47	108	26	145	121	123	115	58	64	139	134	126	138	110	
4	59	45	62	70	67	42	115	34	76	122	40	59	102	144	61	23	142	130	39	34	52	42	
3	19	46	22	18	69	57	65	4	100	128	9	66	48	20	140	65	32	96	11	22	30	127	
2	79	113	106	123	63	145	38	23	51	41	3	53	149	132	20	83	98	18	137	100	4	117	
1	58	21	27	6	87	99	98	55	11	64	120	102	5	94	91	14	125	36	147	85	76	89	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	

Abb. 11: Teilblockeffekt des TKG` s

### 5.4.2. Nachbaranalyse

#### Prinzip:

Messwerte von Nachbarparzellen werden herangezogen, um für eine bestimmte Parzelle an einer bestimmten Stelle des Feldes den Bodentrend zu schätzen.

Parzellenwerte werden um den an den Nachbarn ermittelten Bodentrend korrigiert.

#### Durchführung:

Zuerst werden so genannte Residuen gebildet, diese erhält man, indem man den arithmetischen Mittelwert des Tausendkorngewichts der Sorte vom jeweiligen Tausendkorngewicht der dazugehörigen Einzelreihe abzieht. Oder: Residue = Abweichung des TKG` s der Einzelreihe vom Sortenmittelwert.

Danach werden so genannte EW2 –Werte gebildet. Es ist das Mittel der Residuen zweier westlicher und östlicher Nachbarn.

Die EW2-Werte sind in Abbildung 12 ersichtlich. Grün eingezeichnet sind die Werte über +10, gelb zwischen kleiner +10 und -10 und violett die Werte über -10.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	11,5	7,0	7,3	-9,0	6,0	4,3	-1,0	3,8	-2,3	3,0	10,3	1,0	-2,8	-6,3
2	5,0	13,0	9,8	8,8	14,5	11,7	7,3	-1,8	-4,7	13,7	14,8	-3,3	-1,8	1,5
3	8,4	13,0	12,6	-0,5	18,8	12,9	3,5	0,3	-6,4	12,3	5,8	2,8	-3,8	4,9
4	9,3	10,5	15,4	0,3	9,1	11,0	6,3	3,6	1,3	6,3	8,4	-0,9	0,9	0,4
5	5,6	8,9	9,4	8,5	15,8	13,1	10,4	-1,8	-2,1	10,1	17,4	-3,3	3,9	-1,5
6	7,0	7,8	7,4	9,5	21,8	14,9	10,1	-0,1	-2,5	11,1	13,1	-0,9	2,1	3,6
7	9,6	8,6	14,0	9,4	11,9	11,6	11,5	0,6	-3,1	6,0	12,1	-5,4	5,3	3,1
8	5,5	8,5	10,4	4,8	19,9	13,1	4,0	-7,8	-9,3	5,3	6,1	0,0	17,0	-4,0
9	9,4	3,1	6,8	4,5	18,9	13,4	4,5	-7,1	-9,3	0,5	8,9	-0,3	15,4	-4,3
10	10,9	4,1	8,5	3,9	5,5	2,5	13,1	-10,5	-10,5	0,5	6,3	-8,6	4,1	1,0
11	8,1	11,9	10,5	2,5	10,5	0,9	7,1	-12,9	-15,5	-1,4	-10,3	-6,1	10,8	-6,1
12	12,8	9,4	10,6	-1,1	8,5	7,3	-5,9	-13,6	-13,8	-9,1	-14,9	-8,1	11,5	-8,4
13	10,3	4,4	8,5	-1,8	-2,1	-2,6	-3,1	-18,1	-10,6	-14,6	-11,5	-16,3	2,4	-3,1
14	10,9	10,6	8,3	1,5	-1,3	-7,4	3,1	-16,3	-13,0	-22,9	-15,3	-16,4	0,6	-10,9
15	8,6	9,8	7,4	-1,8	-2,5	0,9	-7,0	-14,1	-11,9	-22,3	-17,5	-18,6	-1,6	-13,9
16	1,9	0,3	5,6	-3,0	-0,6	-4,1	-12,4	-13,6	-14,9	-20,0	-9,3	-23,3	-5,6	-9,6
17	4,0	-0,1	0,0	-1,4	-2,6	-5,4	-1,4	-13,6	-9,8	-25,5	-13,0	-15,8	1,6	-12,1
18	3,5	-1,6	-1,0	-4,4	-2,4	0,5	2,6	-11,5	-10,9	-24,9	-14,1	-14,6	2,1	-11,8
19	-2,4	-3,9	-0,3	-6,4	1,5	-1,5	-0,9	-12,8	-17,6	-14,4	-2,3	-18,5	-9,5	-10,2
20	1,6	0,3	-1,0	-6,4	-6,6	0,3	-0,3	-14,1	-3,8	-10,3	-8,3	-11,8	-0,5	-15,0
21	8,5	-0,8	-2,2	-10,3	-3,3	4,3	-0,5	-11,5	-5,0	-15,8	0	0	0	0
22	2,5	-4,5	-7,3	-8,8	0,5	0,5	0,0	-15,8	-16,8	-16,5	0	0	0	0

Abb. 12: Nachbaranalyse TKG, EW2 Trendkarte

Anhand dieser Tabelle, wurden mit dem Softwareprogramm „Sigma - Plot“ unterschiedliche Darstellungsweisen des Bodentrends erstellt.

(Als Orientierungshilfen dienen die leeren Teilblöcke der Versuchsanlage).

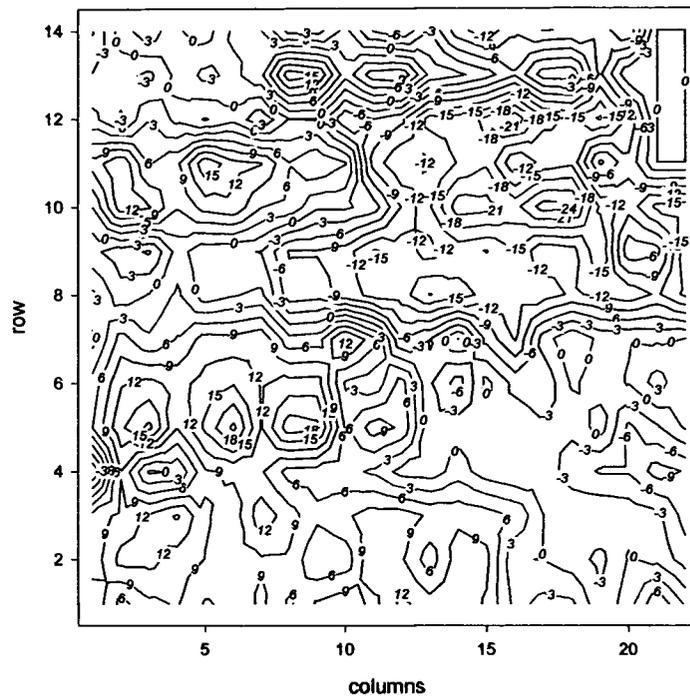


Abb. 13: Bodentrend der Versuchsanlage

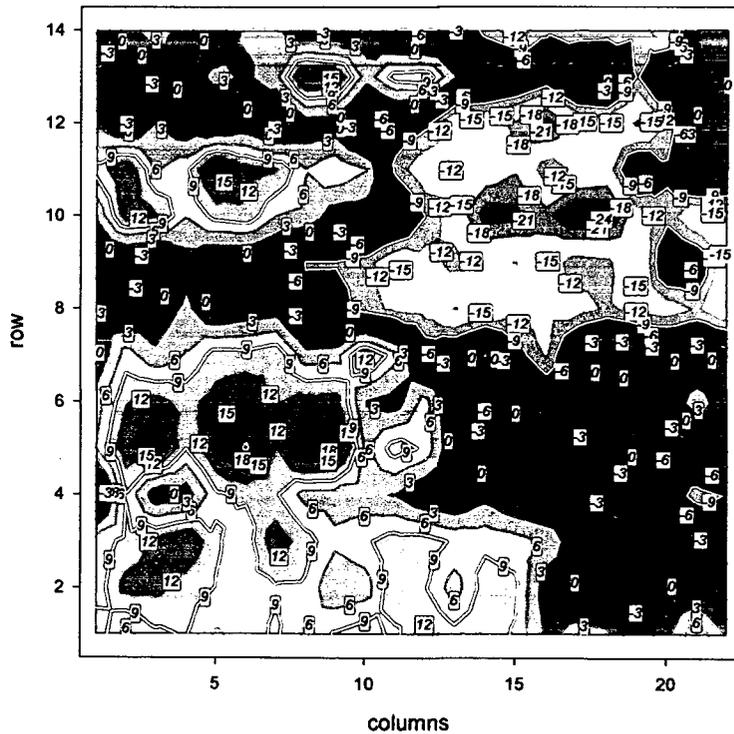


Abb. 14: Bodentrend der Versuchsanlage

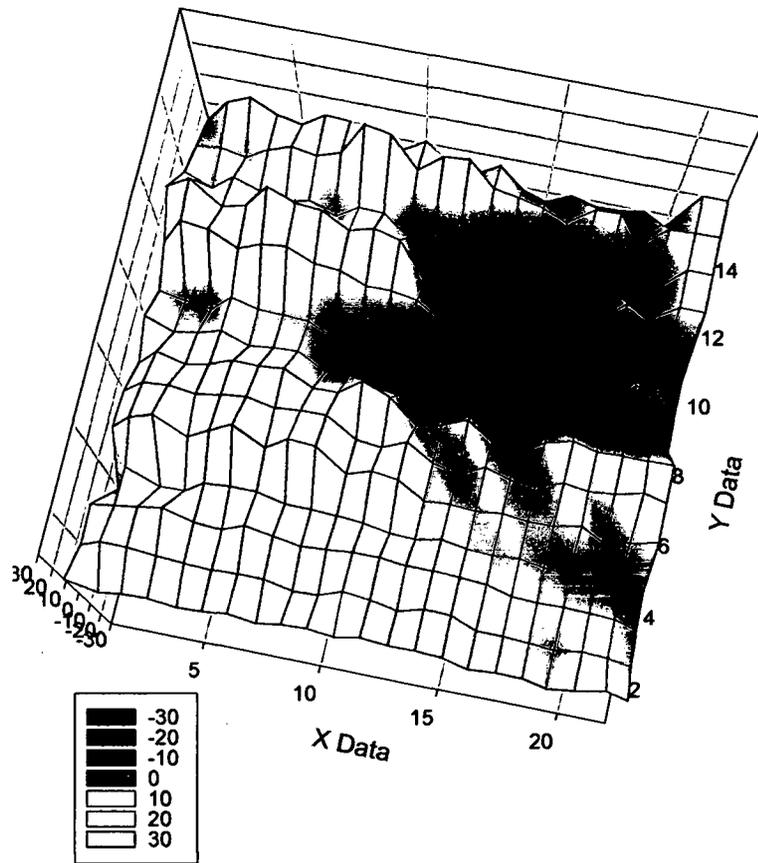


Abb. 15: Bodentrend der Versuchsanlage (Blick von oben)

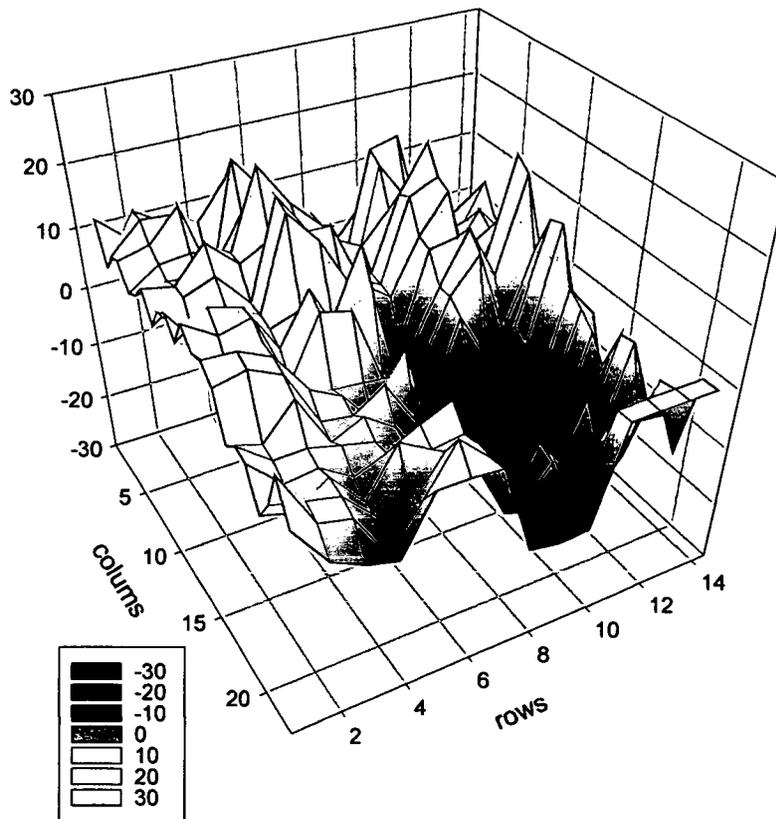


Abb. 16: Bodentrend der Versuchsanlage (3-dimensional)

Anhand dieser Abbildungen ist eindeutig zu erkennen, dass es bodenbedingte Unterschiede beim Tausendkorngewicht gibt. Das Versuchsfeld ist inhomogen, da es auf der westlichen Seite deutlich besser ist, als auf der nord-östlichen Seite.

## 5.5. Heritabilität

Die Heritabilität der einzelnen Merkmale, wurde, wie im Kapitel „Material und Methoden“ erwähnt, mit der Varianzkomponentenmethode durch das Programm PLABSTAT errechnet.

Die Werte sind in Tabelle 12 ersichtlich.

Merkmal	h <sup>2</sup> (%)	Konfidenzbereich
Reifezeit	81	74 - 86
Wuchshöhe	82	76 - 87
Nabelfarbe	93	91 - 95
v.N.ausg. Verfärb.	90	87 - 93
Samenfarbe	100	100 - 100
TKG	91	88 - 93
Proteingehalt	84	79 - 88
Ölgehalt	78	70 - 84
Protein+Ölgehalt	74	64 - 81

Tab. 12: Heritabilitätstabelle

## 5.6. Darstellung der genetischen Distanz

### 5.6.1. Clusteranalyse

Mit Hilfe von Clusteranalysen ist es ganz allgemein möglich, eine Vielzahl von ungeordneten Objekten aufgrund von Ähnlichkeiten und sachlicher Verwandtschaft in kleine, homogene Gruppen zu zerlegen und somit zu klassifizieren. Dabei wird zwischen den zu beurteilenden Objekten, die in ihren Merkmalen mit Hilfe einer Datenmatrix (Z-transformierte Werte) beschrieben werden, zunächst nach bestimmten Algorithmen paarweise die Ähnlichkeit dieser Objekte gemessen, danach werden in einem zweiten Schritt mit Hilfe dieser Ähnlichkeiten Gruppen gebildet, wobei der Abstand zwischen Objekten innerhalb einer Gruppe stets kleiner ist als zwischen den Gruppen. „Ähnliche Objekte“ sind folglich solche, die nach Berücksichtigung aller ihrer Merkmale in der gleichen Gruppe zusammengefasst werden, „unähnliche Objekte“ gehören verschiedenen Gruppen an.

In dieser Arbeit handelt es sich bei der Datenmatrix um Z-transformierte Werte, dazu ist es zunächst notwendig, die in unterschiedlichen Dimensionen vorliegenden Messwerte (= gitteradjustierte Mittelwerte) der verschiedenen Merkmale vergleichbar zu machen, was durch Umrechnung der Messwerte in Standardeinheiten nach der folgenden Formel geschieht:

$$x_{is} = \frac{x_i - \bar{x}_g}{s_x}$$

wobei  $\bar{x}_i$  der standardisierte Wert,  $x_i$  der jeweilige Beobachtungswert,  $\bar{x}_G$  der Mittelwert aus allen Beobachtungen eines Merkmals und  $s_x$  die Standardabweichung aller Beobachtungen ist.

Es wurden zwei Clusteranalysen durchgeführt, einmal mit den Samenmerkmalen und einmal ohne Samenmerkmale. Dies ist notwendig, da es sich bei den Samenmerkmalen nicht um metrische Werte sondern um binäre Werte handelt, welche die Analyse verzerren können.

Weiters wurde mit dem Softwareprogramm NTSYS ein Dendrogramm erstellt, welches die Distanzen übersichtlicher zeigen soll.

Dazu wurden aus den Z-transformierten Werten, quadrierte euclidische Distanzen errechnet. Mit Hilfe dieser Werte erfolgte die Clusteranalyse und daraus das Dendrogramm.

Dieses Baumdiagramm wird später verwendet um, die mit der PCA gezeigten Distanzen im Dendrogramm darstellen zu können.

Dendrogram using Average Linkage (Between Groups) / mit Samenmerkmalen !!!

C A S E	Num	Rescaled Distance Cluster Combine					
		0	5	10	15	20	25
Label		+	+	+	+	+	+
Rumunia Nr. 616	94	--					
Herb 600	145	---+					
Borowska	46	-- I					
SU 612	148	-- I					
Gelbe Riesen	25	---++					
Chabarovskaja 4	120	-- I I					
Bitterhof b	45	---+ I					
Heinemann	108	-- I					
Krusulja	93	---+ I					
Gatersleben 49	123	-- ++					
Juanj-bao-tsinj	54	---+ ++					
Dornburger Stamm 150	95	-- I I					
Bitterhof a	43	-- I I					
Juhomoravska drobnoz	112	---+ I I					
SU 608	140	-- ++ I					
Goldsoy	41	---+ ++					
Giessener Stamm	90	---+ I I					
Rumunia Nr. 606	121	---+ I I					
Herb 616	142	-- ++ I I					
Amurskaja 139-63	144	---+ I I I					
Slovenská Drobnozrun	113	-- ++ I					
Herb 22	125	---+ I ++					
Amurskaja 42	84	-- ++ I I					
Rumunia 91	99	---+ I I I					
Ford	87	---++ I I					
Nagy Szemü Fehér	24	---++ I I					
Riede 525	75	-- I I I					
Halfon 502	62	-- ++ I					
Maksimir S-45	68	---++ I I					
Freitag Stamm 2143	69	-- I I I					
Ko chuan	48	-- ++ I					
v. Mediaches	92	---+ I I					
Hei-He Nr. 3	2	-- ++ I					
Amurskaja Zlutozelen	103	---+ I					
Dse-chua-zo-dse	40	---++ I					
Ruska Zltá	83	---+ I I					
Piava	56	-- ++ I					
Cina 6268	91	-- I I I					
Bezenczucka	102	---++ I I					
Cina 5202	80	-- I I I					
Kou-shou	30	---+ I I I					
Purpurblume Nr. 4	39	-- ++ I I					
Carola	82	---+ +---					
Ta-chin-hu-Houan-Tsa	81	---+ I I					
Comet	86	-- I I I					
Hodoninska Zluta	44	---+ I I					
Kabott	47	-- ++ I I					
Tübingen	96	---+ I I ++					
Grignon 14	33	-- I ++ I I					
Reiner	37	---+ I I I					
Saljut 216	136	---+ I I I					
Pannonia 8	52	---++ I I					
Corona	64	-- I I					
Mlochowska	72	-- I I I					
Précoce de Milly	76	---+ I I					
Heimkraft I	65	-- ++ I I					
Gatersleben 57	138	---+ I I I					
Krusulja 9/3	42	---+ I I I					
Nikogri	128	---+ +---					
Saljut 216	137	-- I I I I I					
Amurskaja 209-63	146	---+ I I I I					
Mazowiecka	74	-- ++ I I I					
Amurskaja 265-63	134	---+ I I I					
Bydgoska 0.57	73	---+ ++ I					
Dippes Frühgelbe	97	-- I +---					
Varainana	133	---+ I I I					
Bydgoska 0.46	53	-- ++ I I I					
Grignon 21	122	-- I I I I I					
Herb 606	117	---+ I I I I					
Delitzsch Nr. 36	58	---+ +---					
Flambeau	67	-- ++ I I					
Heimkraft II	78	---+ I I I					
Kamianetz No. 1	79	---+ I I I					
Capital	124	-- ++ I I					

Allemand	88	--+ I	I	I				
Gatersleben 48	118	--+ I	I	I				
Kouban 0.375	28	--+ I	I	I				
Kirsches Stamm 2027	32	--+ I	I	I				
Rouest 68	27	--+ +--	I	I				
Aprozemu Sárga	100	--+ I	I	I				
Bel'ckaja 636	101	--+ +	I	I				
Mandarská Zltá	115	--+ +	I	I				
Amurskaja 242-63	141	-----+	I					
Rekord Severnyj	23	-----+	I					
Rekord Severa	49	--+ +---	I					
D-747	26	-----+ +---	I					
Gatersleben 36	60	-----+ +--						
Freitag Stamm 70	55	-----+ +---						
Herb Nr. 620	119	---+---	I	I				
Mauthners Gelbe	129	---+ +--	I	I				
Amurskaja 41	85	-----+ +---	I	I				
Frühe Braune	107	-----+--	I	I				
Bezencukskaja	132	-----+	I	I				
Gatersleben 45	109	--+ +	I	I				
Gatersleben 47	111	--+ +--	I	I				
Gatersleben 46	110	--+ +---	I	I				
Kromerizska Zlutá	127	--+ I I	I	I				
Amurskaja 736/84	135	-----+ I	I	I				
Light Green	22	--+ +--	I	I				
SU 605	147	--+ +-- I I	+--					
Brillmeyer Giesenska	66	--+ +---	I	I				
Freitag Stamm 2143	77	-----+ I I	I					
Gatersleben 31	51	-----+ I I	I					
Iregi Korona	70	-----+ I I I	I					
Hudson Manchu	61	--+ + I I I	I					
Dobrudzanka	139	--+ I +-- I	I					
Hardome	31	--+ I I I	I					
Mauthnerová Velkozru	36	--+ +-- I I	I					
Zlotka	59	--+ I I I +---	I					
Kleverhof 527	106	---+ +-- I	I					
Faur	50	--+ + I I	I					
Mandin Kajon	57	--+ +-- I	I					
Hawkeye	35	---+ I	I					
Dneprovskaja 1	143	---+ +-- I	I					
Merit	149	---+ +---	I					
Minsoy	114	---+ +-- I	I					
Iasi 5	126	--+ I I	I					
Len-Sin-pin-din	98	---+ +-- I I	I					
Aesne	116	--+ +-- I	I					
Charbinskaja 111	130	---+ +-- I	I					
B.G. 23-44	131	---+ I	I					
Hudson Manchu	71	---+ +-- I	I					
Domacka-Soja	104	--+ +---	I					
Universal	63	-----+ +--	I					
Iregi Szürkebarát	105	-----+	I					
Gatersleben 18	38	---+ +---	I					
Platska Zlta Obravsk	150	---+ +---	I					
Roudnická Zlta	34	-----+	I					
Dornburger Stamm 106	4	-----+	I					
Zolta Przebedowska	29	-----+	I					
v. Kiszelnicka	9	--+ +---						
Altonagaarden	12	--+ +--	I					
Gatersleben 13	7	--+ +---	I					
Nanking	1	---+ +---	I					
Dieckmannova Cierna	13	-----+ +---	I					
Alurzynka	15	-----+ +---	I					
Char'kovskaja 149	21	-----+	I					
15761-Norddeutsch-Sc	11	---+ +--	I					
Amurskaja 262	16	--+ I	+---					
Roudnicka Cierná	6	--+ +-- +---	I					
Amurskaja	20	--+ I I	I					
Altongaard	17	--+ I I	I					
Dr. Esycok	18	--+ +--	I					
Baburka Przebedowska	14	--+ I +---						
Fruhwrts Schwarze P	19	---+ +--	I					
Szklista	10	--+ I	I					
v. Japonica	8	-----+	I					
Wilenska Brunatna 2	3	-----+ +--						
Chmelarovska brenská	5	-----+						
Chyazi No. 2	89	-----+						

Abb. 17: Dendrogramm mit Samenmerkmalen

Dendrogram using Average Linkage (Between Groups) / ohne Samenmerkmale !!!

C A S E	Num	Rescaled Distance Cluster Combine					
		0	5	10	15	20	25
Bitterhof a	43	-+					
Juhomoravska drobnoz	112	-++					
Juanj-bao-tsinj	54	-+ I					
Ruminia Nr. 616	94	-+ ++					
Herb 600	145	-+ I I					
SU 612	148	-+ I I					
Chabarovskaja 4	120	-++ I					
Bitterhof b	45	-+ +---					
Heinemann	108	-+ I I					
Borowska	46	-+ I I					
Krusulja	93	-+ I I					
Gatersleben 49	123	-++ I I					
Gelbe Riesen	25	-+ ++ I					
Ruminia Nr. 606	121	-+ I ++					
Amurskaja 139-63	144	-++ I I					
Herb 616	142	-+ I I					
Amurskaja	20	-+ I I					
Slovenská Drobnorzun	113	-++ I I					
Roudnicka Cierná	6	-+ ++ I I					
Amurskaja 42	84	-++ I I ++					
Herb 22	125	-+ I +---	I I				
Ruminia 91	99	---+ I I	I I				
Ford	87	-----+ I I					
Rekord Severa	49	-+ I I					
Gatersleben 36	60	-+-----+ I I					
Rekord Severnyj	23	-+ ++ I					
Dornburger Stamm 106	4	-+-----+ I					
D-747	26	-+ I					
Altongaard	17	-+ I					
Dr. Esycok	18	-+ I					
Baburka Przebedowska	14	-++ I					
Fruhwirts Schwarze P	19	-+ +-----+ I					
Szklista	10	---+ I I					
15761-Norddeutsch-Sc	11	-+ I I					
Merit	149	-+---+ I I					
Amurskaja 262	16	-+ I I I					
Gatersleben 31	51	-+---++ I I					
Dobrudzanka	139	-+ I I I I					
Hodoninska Zluta	44	-++ I I I I					
Hudson Manchu	61	-+ I I I I					
Zlotka	59	-+ ++ I I I					
Ta-chin-hu-Houan-Tsa	81	-++ I I I I					
Mauthnerová Velkozru	36	-+ I I I I					
Saljut 216	136	-+ I I I I					
Hardome	31	-+ I I I I					
Kleverhof 527	106	---+ I I I I					
Reiner	37	-+ I I ++					
Giessener Stamm	90	-+---+ I I I I					
Goldsoy	41	-+ I I I I I					
Halfon 502	62	-+ I I I I I					
Nagy Szemü Fehér	24	-+ I I I I I					
Comet	86	-++ I +---+ I I					
Kabott	47	-+ I I I I I I					
Tübinger	96	-+ I I I I I I					
Gatersleben 46	110	-+ ++++ I I I					
Freitag Stamm 2143	69	-+ I I I I I I					
Dornburger Stamm 150	95	-++ I I I I I					
v. Mediaches	92	-+ I I I I I I					
Hei-He Nr. 3	2	-+ I I I I I I					
Maksimir S-45	68	-++ I I I I I					
Ko chuan	48	-+ I I I I I					
Amurskaja Zlutozelen	103	-+ I I I I I					
Ruska Zltá	83	-+ I I I I I					
Allemand	88	-++ I I I I I					
Mandarská Zltá	115	-+ I I I I I I					
Purpurblume Nr. 4	39	-+ I I I I I I					
Gatersleben 48	118	-++ I I I I I					
Kouban 0.375	28	-+ I I I I I I					
Kirsches Stamm 2027	32	-+ ++ I I I I					
Rouest 68	27	-+ I I I I I I					
Grignon 14	33	-+ I I I I I I					
Cina 6268	91	-+ I I I I I I					
Bezenczucka	102	-++ I I I I I					
Piava	56	-+ I I ++ I					



Zwischen Abbildung 17 und 18 ist eindeutig zu erkennen, dass es zu Verzerrungen durch Berücksichtigung der Samenmerkmale gekommen ist. Dies ist besonders stark in den unteren Abschnitten der Dendrogramme ersichtlich.

### 5.6.2. Principal Component Analysis (PCA)

PCA ist eine multivariate Methode zur Darstellung der Ähnlichkeit/Unähnlichkeit von beobachteten Objekten in einem n-dimensionalen, euklidischen Raum (z.B. n=2 oder 3), wobei die Abstände zwischen den Objekten so gut als möglich den beobachteten Abständen in einer Distanzmatrix entsprechen sollen.

#### Durchführung

Zuerst wurden mit dem Statistikprogramm SPSS so genannte PC-Werte gebildet. Diese Werte werden in PC1 (= X Data), PC2 (=Y Data) und PC3 (=Z Data) unterteilt, und präsentieren die Aussagekraft der Komponente. In PCA sind die erste, zweite und dritte Komponente abnehmend nützlich für die Erklärung der Gesamtvariation. Die PC-Werte wurden einmal mit den Samenmerkmalen errechnet und präsentieren zusammen 68% der Gesamtvariation und einmal ohne den Samenmerkmalen, wodurch alle drei PC-Werte 77% der Gesamtvariation repräsentieren. Die Ergebnisse der Principal Component Analyse können aus den Tabellen 13 und 14 entnommen werden.

Tab. 13: Ergebnisse der PCA (mit Samenmerkmalen)

Component	Extraction Sums of Squared Loadings	% of Variance	Cumulative %
	Total		
PC 1	2,995	33,273	33,273
PC 2	1,938	21,529	54,802
PC 3	1,233	13,698	68,500

Tab. 14: Ergebnisse der PCA (ohne Samenmerkmalen)

Component	Extraction Sums of Squared Loadings	% of Variance	Cumulative %
	Total		
PC 1	2,383	39,711	39,711
PC 2	1,224	20,403	60,114
PC 3	1,058	17,634	77,748

Dies geschah, da es sich, wie bei der Clusteranalyse vorhin erwähnt, bei den Samenmerkmalen nur um Boniturwerte handelt und somit die Darstellung der genetischen Distanz verzerrt werden kann.

2D Graph 3

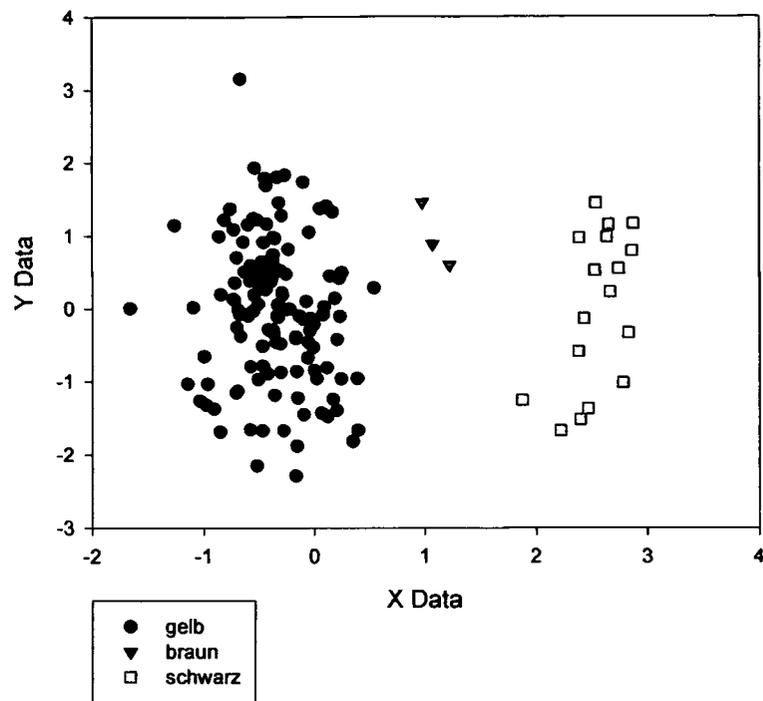


Abb. 19: Genetische Distanz mit Einfärbung nach Samenfarbe (PC-Werte mit Samenmerkmalen)

2D Graph 3

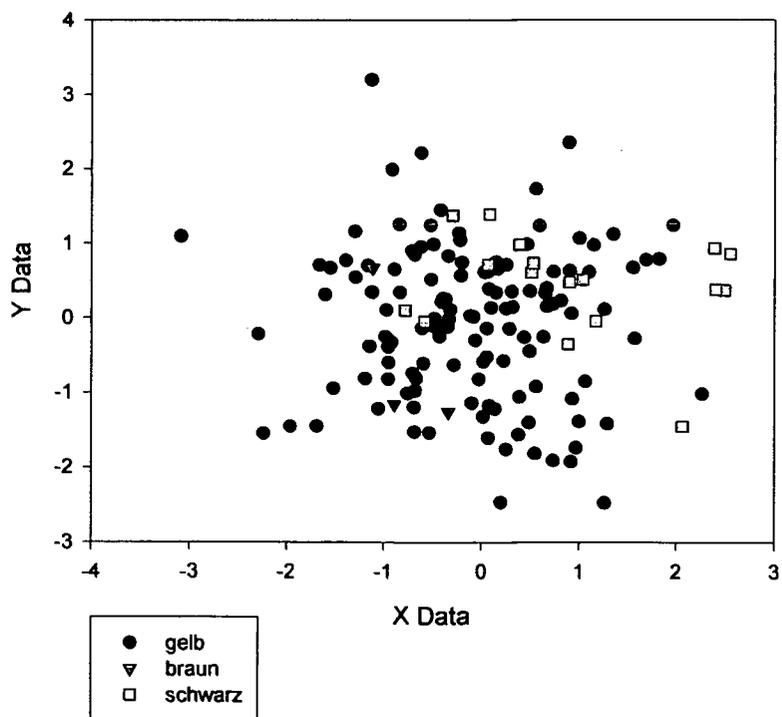


Abb. 20: Genetische Distanz mit Einfärbung nach Samenfarbe (PC-Werte ohne Samenmerkmale)

Zwischen den zwei Abbildungen (19; 20) kommt es eindeutig zu einer Verzerrung der genetischen Distanz, wenn die Samenmerkmale bei den PC-Werten berücksichtigt werden.

Wäre nun die Analyse, nur mit den PC-Werten mit den Samenmerkmalen durchgeführt worden, wären die Genotypen zuerst grob in nur drei Gruppen eingeteilt worden. Die Ähnlichkeit zwischen den Sorten, wäre hauptsächlich aufgrund der Samenfarbe festgestellt worden, was falsch ist.

In Abbildung 20 ist zu erkennen, dass viele der schwarzsamigen Sorten mit den gelbsamigen Sorten ähnlicher sind als untereinander. Dies gilt auch für die Genotypen mit brauner Samenfarbe.

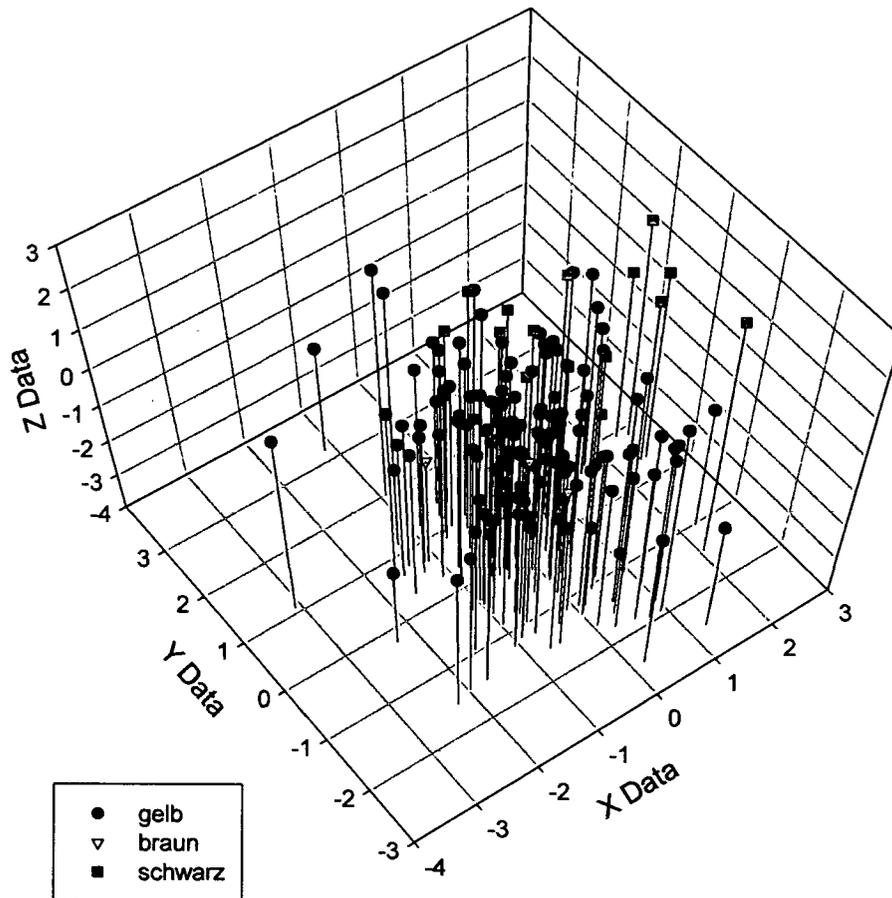


Abb. 21: Genetische Distanz mit Einfärbung nach Samenfarbe, 3-dimensional (PC-Werte ohne Samenmerkmale)

Abbildung 21 zeigt eine 3-dimensionale Darstellung der genetischen Distanz, also Verwendung aller drei PC-Werte. Eine Veränderung der Distanz, ist gegenüber der 2-dimensionalen Abbildungen kaum festzustellen.

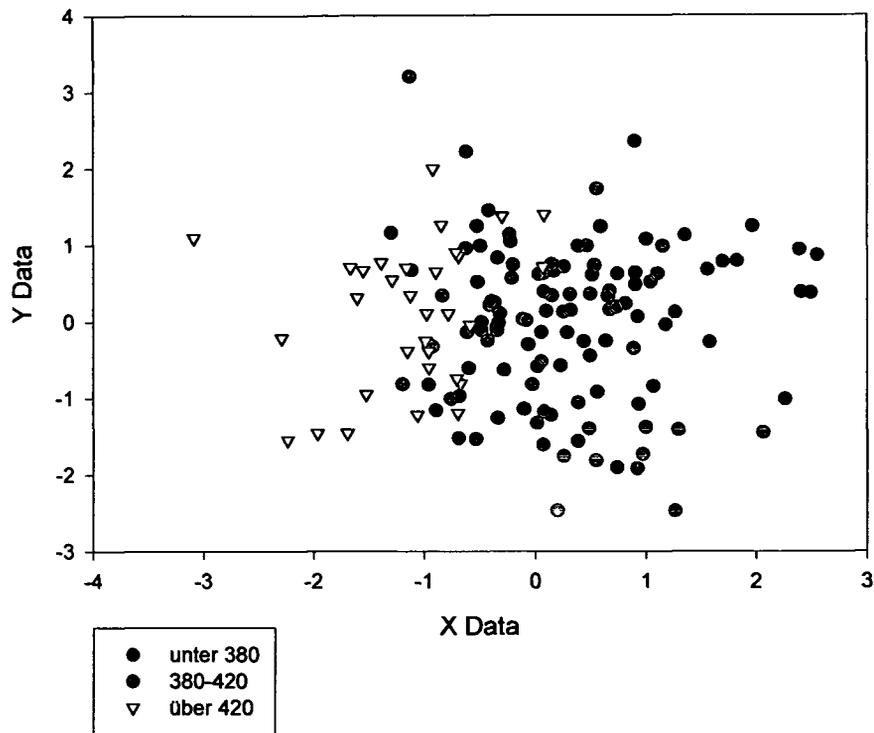


Abb. 22: Genetische Distanz mit Einfärbung nach Proteingehalt (PC-Werte ohne Samenmerkmale)

In dieser Abbildung, können die 150 Genotypen anhand des Proteingehaltes zuerst grob in drei Gruppen eingeteilt werden. Man kann sagen, der Proteingehalt ist ein wichtiges Merkmal zur Darstellung der genetischen Distanz, vor allem beim PC1-Wert (X Data). Es ist zu erkennen, dass die Hälfte der Sorten mit einem niedrigen Proteingehalt sich ähnlich sind, auch die Sorten mit einem Proteingehalt von über 420g/kg TS können grob in zwei Gruppen unterteilt werden.

### 5.6.3. Vergleich zwischen PCA und Dendrogramm

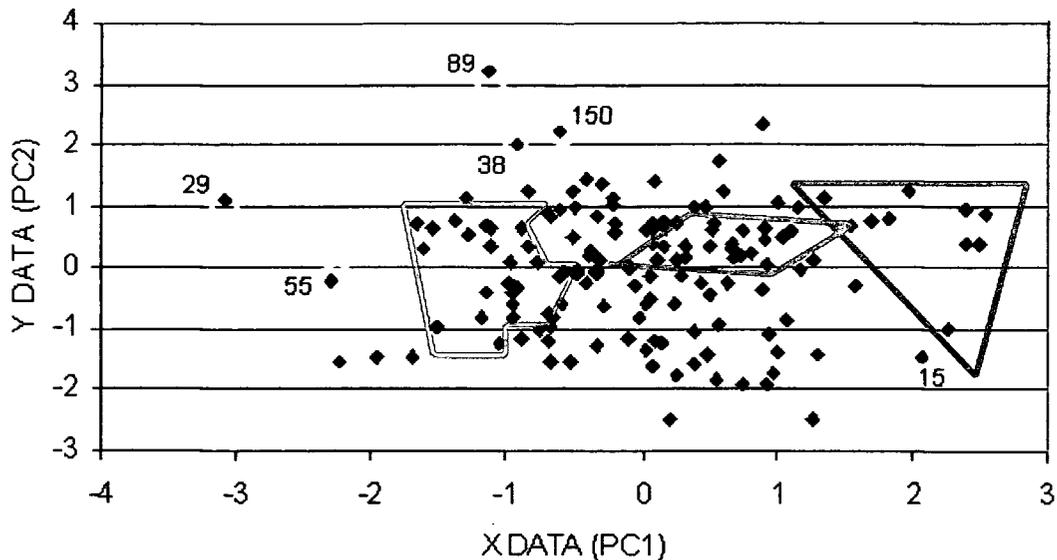


Abb. 23: PCA (ohne SM.), mit Einfärbung anhand ausgewählter Gruppen des Dendrogramms

In Abbildung 23 wurden die im Dendrogramm (Abb. 24) ausgewählten Gruppen eingefärbt. Mit Hilfe der in der Tabelle 16 angeführten PC-Werte können die Sorten lokalisiert werden. Wenn man das rote Dreieck betrachtet, liegt die Sorte Nr. 132 relativ weit abgeschlagen von den anderen Sorten. Dies ist auch im Dendrogramm ersichtlich. Eine Erklärung für diese große Distanz liegt wohl in der kurzen Reifezeit und im geringen TKG dieser Sorte. In den anderen Merkmalen (Proteingehalt, Ölgehalt, sowie Protein- und Ölgehalt) ist diese Sorte den anderen recht ähnlich.

Die braun eingefärbte Gruppe kann im Baumdiagramm in drei kleine Gruppen unterschieden werden (Gr1:52, 63, 71, 104; Gr2: 109, 111, 135, 116, 127; Gr3: 114, 126, 143, 130, 131;). Der Unterschied beruht hier wieder im TKG, Wuchshöhe und leicht in der Reifezeit.

Die grün markierten Genotypen können in vier kleine Gruppen eingeteilt werden, auch hier beruht der Unterschied hauptsächlich auf dem TKG und der Reifezeit. Hervorzuheben sind die Sorten 43 und 112. Diese beiden Sorten sind in allen Merkmalen relativ identisch, was auch in den Abbildungen eindeutig zu erkennen ist.

Die Gruppe der Individualisten wurde gelb eingefärbt. Sie verbinden sich im Dendrogramm erst spät mit den anderen Gruppen, auch im PCA sind sie weit abgeschlagen. Diese großen Distanzen erhält man durch Extremwerte der untersuchten Merkmale, bzw. passt die Kombination aller Merkmale mit denen der anderen Sorten nur schlecht zusammen. Die Sorte Nr. 89 „Chyazi No.2“ weist zum Beispiel ein TKG von 289,1g auf oder die Sorte Nr. 15 „Alurzynka“ hat einen Ölgehalt von 235,3 g/kg TS verbunden mit einem niedrigen TKG. Auch der Proteingehalt von 464,2 g/kg TS der Sorte „Zolta Przebedowska“ bildet einen solchen Extremwert.

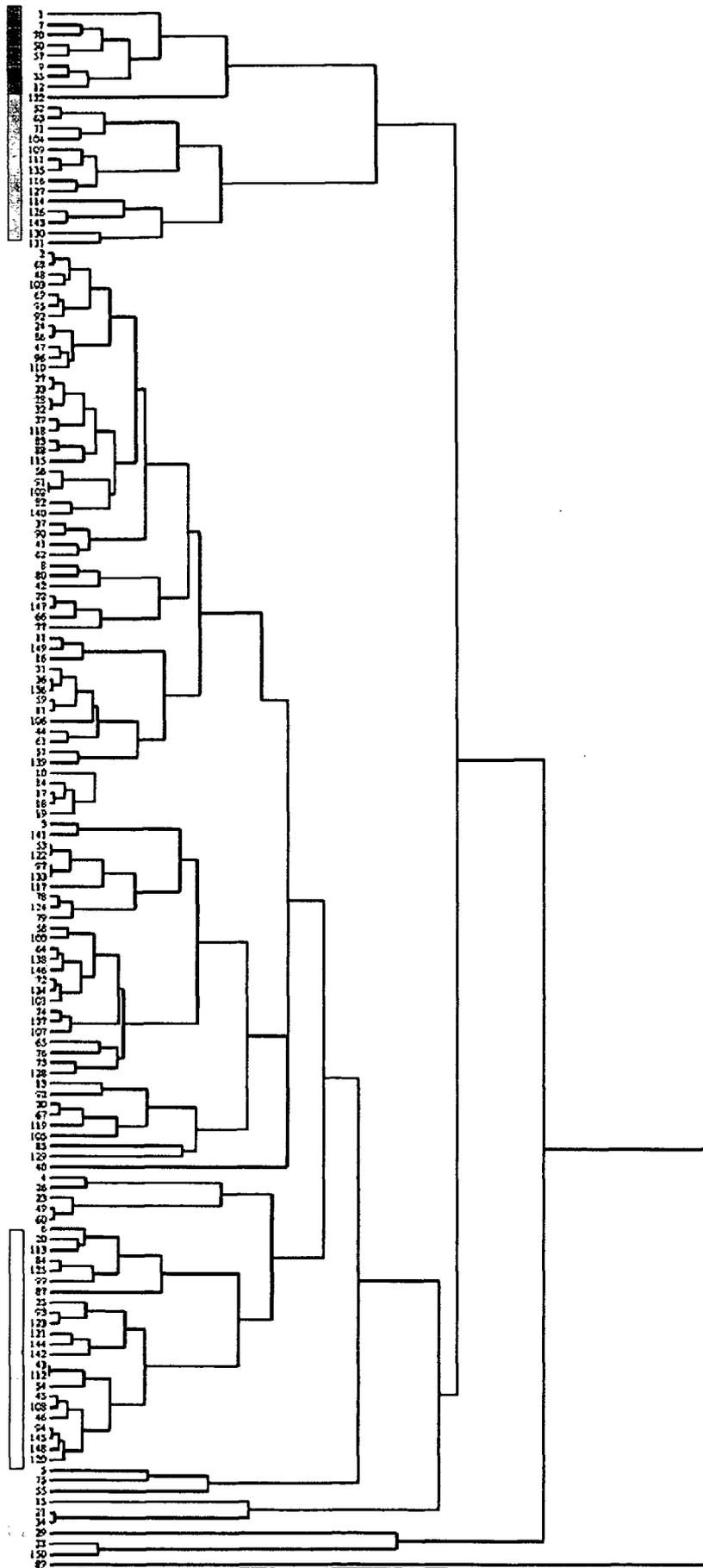


Abb. 24: Dendrogramm, mittels NTSYS (ohne Samenmerkmale)

In der groben Einteilung bilden die rot eingezeichneten Sorten die Gruppe mit hohem Ölgehalt, die braun markierten Sorten die Gruppe mit eher niedrigem Proteingehalt und durchschnittlichem Ölgehalt, die grün eingezeichneten Sorten die Gruppe mit hohem Proteingehalt. Die Individualisten (gelb) bilden hauptsächlich Sorten mit hohem Proteingehalt.

Tab. 15: Durchschnittsgehalte der eingefärbten Sorten

	Ø Proteingehalt	Ø Ölgehalt	Ø Summe Protein- Ölgehalt
Rot markierte Sorten	371,1	229,0	598,0
Braun markierte Sorten	380,5	196,4	575,6
Grün markierte Sorten	426,3	177,7	604,3
Gelb markierte Sorten	420,8	180,9	603,0

Tab. 16: Übersicht über die Sorten der ausgewählten Gruppen, deren Merkmale, sowie deren PC-Werte

Entry	Name	Reife	Wuchs	S.f.	TKG	Protein	Öl	Pr.+Öl	PC1	PC2
1	Nanking	42,7	76,0	5	167,4	379,5	237,0	616,0	2,55	0,86
7	Gatersleben 13	44,1	73,8	5	175,6	369,3	234,6	599,6	2,39	0,93
70	Iregi Korona	50,0	72,5	1	162,4	377,8	226,6	601,5	1,96	1,24
50	Faur	43,2	75,4	1	167,5	373,7	221,2	591,6	1,82	0,79
57	Mandin Kajon	46,3	71,1	1	177,6	372,4	213,8	584,7	1,35	1,13
9	v. Kiszelnicka	40,5	65,7	5	182,4	361,1	236,1	597,3	2,40	0,38
35	Hawkeye	40,2	66,1	1	194,9	374,1	225,0	596,9	1,69	0,78
12	Altonagaarden	43,3	63,7	5	170,9	368,2	240,0	606,0	2,49	0,37
132	Bezencukskaja	32,8	70,7	1	142,0	363,4	226,4	587,9	2,26	-1,02
52	Pannonia 8	41,4	61,3	1	164,7	381,6	194,2	574,5	0,25	0,12
63	Universal	41,4	55,5	1	171,2	379,8	189,0	568,7	-0,11	0,03
71	Hudson Manchu	44,6	63,5	1	167,3	368,0	200,3	566,8	0,67	0,40
104	Domacka-Soja	48,9	65,9	1	153,6	373,5	187,8	562,6	0,17	0,66
109	Gatersleben 45	44,0	80,2	1	143,7	380,0	196,1	580,1	0,90	0,63
111	Gatersleben 47	39,4	79,2	1	148,4	388,6	194,8	579,5	0,65	0,33
135	Amurskaja 736/84	36,3	73,0	1	144,6	389,3	192,0	578,4	0,44	-0,26
116	Aesne	44,1	67,7	1	140,2	378,6	202,0	582,8	0,92	0,06
127	Kromerizska Zlutá	44,4	70,8	1	158,0	389,6	190,8	580,7	0,26	0,71
114	Minsoy	51,5	55,7	1	128,1	382,7	187,9	565,8	-0,08	0,01
126	Iasi 5	50,9	53,9	1	135,0	388,8	193,9	580,4	0,10	0,13
143	Dneprovskaja 1	51,4	54,6	1	133,9	387,5	206,3	589,1	0,67	0,15
130	Charbinskaja 111	52,6	66,7	1	144,3	364,2	216,7	575,6	1,55	0,68
131	B.G. 23-44	50,5	68,0	1	123,3	374,5	197,9	573,9	0,81	0,23
6	Roudnicka Cierná	48,4	56,2	5	117,2	429,4	178,3	610,1	-0,78	0,10
20	Amurskaja	43,5	63,4	5	121,8	423,1	178,3	602,5	-0,58	-0,05
113	Slovenská Drobnozruná	42,5	60,1	1	131,5	436,3	174,8	612,3	-0,98	0,10
84	Amurskaja 42	35,9	56,7	1	131,0	428,7	180,3	608,5	-0,70	-0,74
125	Herb 22	39,3	56,0	1	140,8	426,7	174,9	603,7	-0,99	-0,25
99	Rumínia 91	36,9	54,3	1	118,5	432,0	161,8	598,8	-1,52	-0,95
87	Ford	40,0	42,0	1	115,5	432,4	178,6	611,4	-1,06	-1,22
25	Gelbe Riesen	41,1	51,9	1	179,0	436,4	168,4	607,2	-1,66	0,71
93	Krusulja	41,9	57,2	1	166,6	428,7	178,6	614,5	-0,89	0,65
123	Gatersleben 49	40,6	58,5	1	183,4	426,6	184,9	612,1	-0,71	0,90
121	Rumínia Nr. 606	34,6	52,2	1	158,2	431,3	180,0	611,5	-0,96	-0,39
144	Amurskaja 139-63	34,8	47,0	1	153,4	440,1	184,7	620,5	-0,95	-0,60
142	Herb 616	36,4	44,3	1	167,6	428,9	181,6	605,1	-1,15	-0,39
43	Bitterhof a	34,4	54,3	1	183,8	412,9	189,3	598,9	-0,48	-0,01
112	Juhomoravska drobnoz	35,8	54,9	1	172,2	412,2	190,8	599,8	-0,34	-0,12

54	Juanj-bao-tsinj	31,4	57,8	1	158,0	419,7	182,2	603,4	-0,59	-0,61
45	Bitterhof b	35,5	52,1	1	208,2	422,5	171,6	592,3	-1,55	0,67
108	Heinemann	35,3	50,2	1	193,4	427,0	170,1	596,9	-1,60	0,31
46	Borowska	35,6	58,3	1	190,4	423,9	172,4	595,8	-1,29	0,54
94	Ruminia Nr. 616	37,7	52,1	1	185,1	420,4	177,7	597,9	-1,12	0,34
145	Herb 600	38,4	56,0	1	176,0	419,6	181,3	599,8	-0,84	0,34
148	SU 612	39,9	59,1	1	178,6	422,7	173,3	597,6	-1,16	0,70
120	Chabarovskaja 4	42,2	51,7	1	184,5	424,1	173,2	598,0	-1,39	0,77
100	Freitag Stamm 70	42,3	47,1	1	146,8	422,0	149,4	579,4	-2,29	-0,22
100	Alurzynka	34,9	52,4	5	130,2	392,2	235,3	624,0	2,06	-1,45
80	Zolta Przebedowska	45,1	47,5	1	173,0	464,2	145,0	611,3	-3,09	1,09
80	Gatersleben 18	47,3	56,8	1	204,2	434,9	186,1	621,3	-0,92	1,99
100	Platska Zlta Obravska	51,1	58,8	1	203,8	418,7	188,8	608,3	-0,62	2,22
80	Chyazi No. 2	44,4	59,3	1	289,1	393,0	181,1	573,9	-1,13	3,20

# 6. Diskussion

## 6.1. Bodentrend / Bodenfehler

Da die Fehlervarianz bei der durchgeführten Varianzanalyse sehr hohe Werte aufwies, wurde eine Bodentrendanalyse anhand des Merkmals TKG durchgeführt, welche zur Visualisierung der aus der Varianzanalyse erhaltenen Ergebnisse dient. Das Merkmal TKG wurde verwendet, da Bodentrends keine bzw. nur eine schwache Auswirkung auf Samenmerkmale, Reifezeit oder Ölgehalt haben. Um solche Bodeneffekte darzustellen, eignen sich am besten: Ertrag, Samengröße (und damit verbunden das TKG) oder der Proteingehalt (Vollmann et al., 2000).

Wie aus den erstellten Graphiken ersichtlich ist, sind abnehmende Bodenbedingungen von West nach Ost in der Versuchsanlage aufgetreten. Die Ursachen dafür sind sehr unterschiedlich. Zum Beispiel: sich verändernde Sand- und Tonanteile, unterschiedliche Nährstoffversorgung, Änderung des pH-Werts, oder wie im Falle der Versuchsanlage wahrscheinlich hoch anstehende Schotterterrassen.

Werden solche Bodentrends nicht berücksichtigt, kommt es bei varianzanalytischen Auswertungen zum Ansteigen der Fehlervarianz, im Gefolge damit werden statistische Signifikanztests wie F-Test oder Grenzdifferenzen unscharf. Auch Korrelationen werden damit verändert.

Besonders problematisch aus züchterischer Sicht ist, dass auch Rangreihungen von Genotypen durch Trends verändert werden, was falsche Selektionsentscheidungen zur Folge haben kann (Vollmann et al., 1994).

Diese Effekte wurden durch eine Berechnung mit gitteradjustierten Werten bereits eliminiert, damit es zu keiner Verfälschung der Ergebnisse kommen konnte.

## 6.2. Samenmerkmale bzw. Boniturmerkmale

Von den 150 Genotypen weisen 17 Sorten eine schwarze Samenfarbe auf, drei Sorten eine braune Samenfarbe. Die restlichen 130 Genotypen haben eine gelbe Samenschale.

Die vom Nabel ausgehende Verfärbung, beruht auf einer Einlagerung des Farbstoffes Anthocyan in der Epidermisschicht der Sojabohnen.

Anthocyan wird gebildet, wenn die Tagesdurchschnittstemperatur während der Samenbildungsphase (2-3 Wochen nach der Blüte) unter 15°C fällt. (Kurosaki et al., 2004; Morrison et al., 1998; Takahashi & Asanuma, 1996)

Diese Verfärbungen sind bei Sojabohnen, die für die Lebensmittelindustrie verwendet werden, unerwünscht. Dies gilt vor allem für die Mehlerstellung aus Soja.

Allgemein werden für die Lebensmittelindustrie rein gelbschalige Sojabohnen mit gelbem Nabel (oder Hilum) bevorzugt, da bereits eine schwarze Nabelfarbe zu unerwünschten optischen Merkmalen bei Lebensmitteln führen kann.

### 6.3. Proteingehalt, Ölgehalt, Protein- und Ölgehalt

Der Proteingehalt des Sojabohnensortiments schwankt zwischen 361 und 464 g/kg TS und liegt im Mittel bei 404 g/kg TS. Der Ölgehalt liegt zwischen 145 und 240 g/kg TS und erreicht im Mittel 193 g/kg TS. Hervorzuheben sind die Sojabohnen mit schwarzer Samenfarbe. Ihr Ölgehalt ist im Mittel um rund 20% höher als der der gelbschaligen Sojabohnen.

Bei der Summe aus Protein- und Ölgehalt erhält man eine Variation von 562 und 624 g/kg TS. Der Mittelwert dieses Merkmals liegt bei 597 g/kg TS. Einen beachtlichen Wert von über 620 g/kg TS erreichen vier Sorten: „Amurskaja 139-63“, „Char'kovskaja 149“, „Gatersleben 18“, „Alurzynka“.

Ein Problem ist, dass der Proteingehalt stark von den Klimabedingungen abhängig ist. Hohe Niederschläge, verbunden mit niedrigen Temperaturen während der Kornfüllungsphase, können zu geringeren Proteingehalten führen (**Vollmann et al., 2000**). Dieser Effekt dürfte auf die später reifenden Sorten zutreffend sein, da es im September zu einer Abkühlung gekommen ist und die Niederschläge überdurchschnittlich hoch waren.

Im weltweiten Anbau ist der Ölgehalt der Sojabohne das wichtigste Qualitätskriterium. Wegen des geringen Ölgehaltes der Samen und der im Vergleich zu anderen Pflanzenölen ungünstigen Fetteigenschaften, ist Sojaöl in der europäischen Sojabohnenproduktion bedeutungslos. In Europa gilt das Hauptinteresse dem hohen Proteingehalt.

Für viele Sojaprodukte ist der Proteingehalt des Kornes ein wichtiges Qualitätskriterium, so z.B. für Sojamilch, Tofu, Sojamehle oder Proteinkonzentrate, aber auch für die Tierernährung spielt der Proteingehalt eine entscheidende Rolle und sollte möglichst über 420 g/kg TS liegen (**Vollmann et al., 2005**).

### 6.4. Tausendkorngewicht (TKG)

Das Tausendkorngewicht schwankt zwischen 108 und 289 g, und liegt im Mittel bei 154 g.

Ein hohes Tausendkorngewicht ist ein weiteres, wichtiges Qualitätskriterium vor allem bei der Mehlerzeugung, da der Samenschalenanteil geringer ist als bei kleinkörnigen Formen. Weiters wirkt sich das Tausendkorngewicht positiv auf den Flächenertrag aus (**Soldati, 1999**).

### 6.5. Reifezeit, Wuchshöhe

Die Reifezeit (in Tage nach dem 31. Juli) beträgt im Minimum 28 Tage und im Maximum 52 Tage. Der Mittelwert aller Sorten liegt bei rund 41 Tagen.

Im gemäßigten kühlen Klima Mitteleuropas, sollten Sojasorten vor Ende September erntereif sein. Dies entspricht einer Vegetationsdauer von maximal 150 Tagen (**Soldati, 1999**).

Die von mir untersuchten Sorten des Genbanksortiments erreichten im Anbaujahr 2007 alle dieses Ziel.

Die Wuchshöhe variiert zwischen 34 und 80 cm. Der Mittelwert der Versuchsanlage liegt bei 58 cm. In Abbildung 6 ist der Zusammenhang zwischen Wuchshöhe und Reifezeit dargestellt.

## 6.6. Merkmalskorrelationen

Allgemein treten eine Vielzahl von positiven und negativen Merkmalskorrelationen auf, von denen aber die meisten rein zufällig zu Stande kommen, vor allem jene, die sich auf die Samenmerkmale beziehen. Deshalb wird hier nur auf die gesicherten Zusammenhänge näher eingegangen.

Aus der Korrelationstabelle ist zu entnehmen, dass die Reifezeit mit der Wuchshöhe positiv korreliert ist  $r = 0,482$ .

Der Proteingehalt ist mit zunehmender Wuchshöhe negativ korreliert mit  $r = -0,345$ .

Da in Europa der Proteingehalt das wichtigste Qualitätskriterium bildet, sollte man für die Züchtung kurzwüchsige Sorten wählen, die auch den Vorteil der früheren Reife besitzen.

Weiters kann festgestellt werden, dass eine dunkle Samenfarbe mit dem Ölgehalt positiv korreliert ist  $r = 0,308$ . Der Nachteil dieser Sorten ist, wie vorhin schon erwähnt, dass diese Genotypen für die industrielle Weiterverarbeitung nicht verwendet werden können. Sollte die Bedeutung des Ölgehaltes in Europa jedoch interessant werden, dann könnten diese Sorten für die Züchtung wieder an Bedeutung gewinnen. Allenfalls kann der Presskuchen als Tierfutter eingesetzt werden.

Klar ersichtlich ist, dass der Proteingehalt mit dem Ölgehalt stark negativ korreliert ist mit  $r = -0,784$ . Eine Anhebung beider Inhaltsstoffe durch Züchtung gestaltet sich daher schwierig.

Der Proteingehalt ist mit Protein- und Ölgehalt positiv korreliert  $r = 0,537$ .

## 6.7. Genetische Diversität

Die genetische Diversität des Genbanksortiments wurde mit Hilfe der Clusteranalyse / Dendrogramm und mit Hilfe der Principal Component Analysis kurz PCA dargestellt. Hierbei stellten die Samenmerkmale, wobei es sich um Boniturmerkmale handelt, ein Problem dar. Boniturmerkmale sind keine metrischen sondern binäre Werte und führten bei den beiden Darstellungsmethoden zu eindeutigen Verzerrungen der genetischen Distanz.

Diese Verzerrung ist am besten bei der PCA erkennbar, bei der das Sortiment unter Berücksichtigung der Samenmerkmale eindeutig in drei Gruppen aufgeteilt wird (siehe Abbildung 19). Hierbei hatte die Samenfarbe eine sehr starke Gewichtung. Bei den Dendrogrammen (Abbildung 17 und 18) ist diese Verzerrung vor allem in den unteren Abschnitten eindeutig erkennbar.

Mit Hilfe des Dendrogramms kann schnell und überblicksmäßig zwischen ähnlichen und unähnlichen Sorten unterschieden werden. Dies ist für die Züchtung von großer Bedeutung, vor allem wenn es darum geht, möglichst unterschiedliche Kreuzungseltern zu finden, um eine starke Aufspaltung in deren Nachkommenschaften zu erreichen.

Die PCA entspricht zwar in den Distanzen den des Dendrogramms, ist aber aufgrund der hohen Sortenanzahl und der nicht möglichen Benennung der Punkte

unübersichtlich. Bei welchem Punkt es sich um welche Sorte handelt, muss mit Hilfe der errechneten PC-Werte festgestellt werden. Die PCA hat aber den Vorteil, dass man die Genotypen nach unterschiedlichen wichtigen agronomischen Merkmalen einfärben und unterteilen kann und somit Sorten mit z.B. hohem Proteingehalt schnell auffindig gemacht werden können (siehe Abbildung 22). Für die horizontale Verteilung der Punkte sind vor allem die Inhaltsstoffe verantwortlich. Für die vertikale Verteilung das Tausendkorngewicht, die Reifezeit und Wuchshöhe.

Eine weitere Möglichkeit zur Bestimmung der genetischen Distanz, erfolgt mit Hilfe von molekularen genetischen Markern. Molekulare Marker (RAPD, SSR, AFLP) haben gegenüber phänotypischen Merkmalen den Vorteil, dass sie unabhängig von Umwelteinflüssen sind. Weiters beschreiben molekulare Marker die tatsächlichen Verhältnisse auf bestimmten Genloci. Wenn molekulare Marker in genügender Dichte vorhanden sind, ist ein Großteil des Genoms darstellbar, womit die Schätzung der Distanzen zwischen Genotypen sehr genau wird.

Als Beispiel dafür, analysierten **Doldi et al. (1997)**, die genetische Diversität von 18 Sojabohnensorten mit Hilfe von RAPD und SSR Markern. Dabei wurde festgestellt, dass sich vier Sorten mit späterer Reifezeit und hohem Proteingehalt im Dendrogramm, von den anderen Genotypen eindeutig abheben.

Auch bei den von mir erstellten Dendrogrammen, hat der Proteingehalt einen entscheidenden Einfluss auf die genetische Distanz.

## 7. Zusammenfassung

Die vorliegende Diplomarbeit wurde am Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung der Universität für Bodenkultur in Wien durchgeführt. Ziel dieser Arbeit war es, 150 Genotypen eines Sojabohnen – Genbanksortiments der Reifegruppe 000 – III, anhand der ausgewählten Merkmale: Reifezeit, Wuchshöhe, Samenfarbe, Nabelfarbe, vom Nabel ausgehende Verfärbung, Tausendkorngewicht, Proteingehalt, Ölgehalt sowie Protein- und Ölgehalt; zu klassifizieren und mit Hilfe unterschiedlicher Methoden (Clusteranalyse / Dendrogramm; PCA), deren genetische Distanz bzw. Ähnlichkeit / Unähnlichkeit, darzustellen. Somit können für die Züchtung interessante Gruppen gebildet werden und als neue Kreuzungseltern, die Diversität in diesem Reifegruppenbereich erhöhen.

Der Versuchsstandort im Vegetationsjahr 2007 war Groß Enzersdorf. Der Versuch wurde als generalisierte Gitteranlage in Form eines 30 x 5 Gitters, in zwei Wiederholungen angelegt.

Folgende Ergebnisse konnten aus den Untersuchungen gewonnen werden:

Im Merkmal Proteingehalt, welcher im europäischen Raum das entscheidende Qualitätskriterium bildet, erreichen 31 Genotypen einen Gehalt von über 420 g/kg TS. Der Protein- und Ölgehalt liegt bei vier Sorten über 620 g/kg TS.

Zu erwähnen ist, dass bei schwarzsamigen Sojabohnen der Ölgehalt im Durchschnitt etwa um 20 g/kg TS höher lag, als bei gelbsamigen Sorten.

Das Tausendkorngewicht des Sortiments schwankt zwischen 108 und 289 g und liegt im Mittel bei 154 g. Die Wuchshöhe liegt im Durchschnitt bei 58 cm, die Reifezeit (in Tage nach dem 31. Juli) im Mittel bei 41 Tagen.

Da Bodentrends in der Versuchsanlage aufgetreten sind, wurde auch eine Bodentrendanalyse anhand des Merkmals TKG durchgeführt. Die Darstellung erfolgte mit Hilfe von Teilblockeffekten und der Nachbaranalyse. Dabei konnten abnehmende Bodenverhältnisse von West nach Ost, festgestellt werden.

Mit Hilfe der erstellten Dendrogramme, können die einzelnen Sorten in eine Vielzahl von ähnlichen / unähnlichen Gruppen eingeteilt werden. Auch Individualisten, mit äußerst interessanten Merkmalen sind klar ersichtlich. Die PCA weist dieselben Distanzen aus, mit dem Vorteil, dass Sorten mit bedeutsamen Inhaltsstoffen schnell lokalisiert werden können.

Es kommt durchaus eine große Anzahl von äußerst interessanten Genotypen vor, vor allem betreffend der Merkmale Proteingehalt und Tausendkorngewicht.

Der nächste Schritt wäre, die Sorten bezüglich deren Ertragsfähigkeit zu prüfen. Dieses wichtige Merkmal wurde aufgrund der hohen Prüfgliederzahl und der Anlageform als Einzelreihe nicht erhoben.

Sollte die Ertragsfähigkeit der Sorten bekannt sein, kann damit begonnen werden, mit züchterisch interessanten Gruppen bzw. einzelnen Genotypen, Versuchskreuzungen durchzuführen.

## 8. Abstract

The existing dissertation was conducted at the institute of agronomy and plant breeding of the University of natural resources and applied life sciences (BOKU) in Vienna.

The goal of this work, 150 genotypes of a soybean – gene bank assortment of the maturity group 000 – III, based on the selected features: maturity time, plant height, seed color, hilum color, of the hilum outgoing discoloration, thousand grain weight, protein content, oil content as well as protein- and oil content; to classify and by means of different methods (cluster analysis / Dendrogram; PCA), whose genetic distance and / or resemblance to represent / dissimilarity. Therefore interesting groups can be formed for the breeding and increase the diversity in this maturity group area as new parents.

The trial location was Groß Enzersdorf. The experiment was designed as a generalized lattice design in form of a 30 x 5 lattice within 2 replications.

Following are the results of the survey:

In the feature protein content, which is the decisive quality criterion in Europe, 31 genotypes reach a content of more than 420 g/kg dry matter.

The protein- and oil content is over 620 g/kg dry matter in 4 genotypes.

In black seed coat soybean, the oil content is around 20 g/kg dry matter higher than in yellow seed coat sorts.

The thousand grain weight of the assortment sways between 108 and 289 g and is in the means about 154 g. The plant height is in the average about 58 cm, the maturity time (into days after the 31 July) in the means in 41 days.

Due to spatial field trends appearing in the trial, a soil trend analysis was also accomplished based on the thousand grain weight. The representation resulted from the help of incomplete block effects and the neighbour analysis. At the same time decreasing soil conditions from west to east were detected.

By means of the generated dendrograms, genotypes can be divided into a multitude of similar / unlike groups. Individualists with extremely interesting features are also clearly evident. The PCA expels the same distances, with the advantage that sorts with significant ingredients are able to be localized.

A large number of extremely interesting genotypes occurs thoroughly, above all concerning the features protein content and thousand grain weight.

The next step includes, testing the sorts regarding its yield capacity. This important feature was not investigated in the present experiment.

High yielding genotypes with favourable seed quality could be used for crossing.

## 9. Literaturverzeichnis

- Carter, T.E. Jr., R.L. Nelson, C.H. Sneller & Z. Cui, 2004**, Genetic diversity in soybean, In: H.R. Boerma & J.E. Specht (eds.), Soybeans: Improvement, production, and uses. Third edition, Series Agronomy, No. 16, American Society of Agronomy, Madison, WI, USA, pp. 303-416.
- Cui, Z., T.E. Carter, Jr. & J.W. Burton, 2000**, Genetic base of 651 Chinese soybean cultivars released during 1923 to 1995, *Crop Sci.* 40:1470-1481.
- Cui, Z., T.E. Carter, Jr., J.W. Burton & R. Wells, 2001**, Phenotypic diversity of modern Chinese and North American soybean cultivars, *Crop Sci.* 41:1954-1967.
- Doldi, M.L., J. Vollmann & T. Lelley, 1997**, Genetic diversity in soybean as determined by RAPD and microsatellite analysis, *Plant Breeding* 116:331-335.
- Dong, Y.S., L.M. Zhao, B. Liu, Z.W. Wang, Z.Q. Jin & H. Sun, 2004**, The genetic diversity of cultivated soybean grown in China, *Theor. Appl. Genet.* 108:931-936.
- Fehr, W. R. & C. E. Caviness, 1980**, Stages of soybean development, Iowa State Univ. Cooperative Extension Service, Special Rep. 80, 12pp.
- Gizlice, Z., T.E. Carter, Jr. & J.W. Burton, 1994**, Genetic base for North American public soybean cultivars released between 1947 and 1988, *Crop Sci.* 34:1143-1151.
- Kurosaki, H., S. Yumoto & I. Matsukawa, 2004**, Correlation of Cold-weather Tolerance with Pubescence Color Flowering Time in Yellow Hilum Soybeans in Hokkaido; *Breeding Science* 54: 303-311.
- Lorenzen, L. L. & R. C. Shoemaker, 1996**, Genetic relationship within old U.S. soybean cultivar groups, *Crop Sci.* 36:743-752.
- Morrison, M. J., L. N. Pietrzak & H.D. Voldeng, 1998**, Soybean Seed Coat Discoloration in Cool-Season Climates; *Agronomy Journal*, Vol. 90: 474-477.
- Soldati, A., 1999**, Die Sojabohne, In: (Hrsg.) Keller Ernst, Hanus Herbert, Heyland Klaus-Ulrich: Handbuch des Pflanzenbaues 3 / Knollen- und Wurzelfrüchte, Körner- und Futterleguminosen; Band 3; Stuttgart (Hohenheim): Ulmer, Seite 660-685.
- Takahashi, R., & S. Asanuma, 1996**, Association of T Gene with Chilling Tolerance in Soybean; *Crop Sci.* 36: 559-562.
- Utz, H.F., 2005**, PLABSTAT: Ein Computerprogramm zur statistischen Analyse von pflanzenzüchterischen Experimenten, Version 3A.  
[https://www.uni-hohenheim.de/plantbreeding/software/plabstat/plabstat\\_manual\\_ger.pdf](https://www.uni-hohenheim.de/plantbreeding/software/plabstat/plabstat_manual_ger.pdf)

**Vollmann, J., H. Bürstmayr & P. Ruckenbauer, 1994**, Verringerung des Versuchsfehlers durch Korrektur von Bodenfertilitätstrends mittels verschiedener Nachbarparzellen-Analysemethoden; 45. Arbeitstagung der Arbeitsgemeinschaft der Saatzuchtleiter, S. 187-194.

**Vollmann, J., C. N. Fritz, H. Wagentristl & P. Ruckenbauer, 2000**, Environmental and genetic variation of soybean seed protein content under Central European growing conditions; *Journal of the Science of Food and Agriculture* 80: 1300-1306.

**Vollmann, J. & H. Grausgruber, 2000**, Spezielle Pflanzenzüchtung – Übungen.  
<http://ipp.boku.ac.at/pz/uebungen/i2.html>

**Vollmann, J., H. Wagentristl, A. Pokeprasert, H. Schally & H. Grausgruber, 2005**, Anpassung der Sojabohne an besondere Qualitätsanforderungen; 56. Tagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter Saatgutkaufleute Österreichs, S. 47-51.

**Vollmann, J., J. Winkler, C.N. Fritz, H. Grausgruber & P. Ruckenbauer, 2000**, Spatial field variations in soybean (*Glycine max* L. Merr.) performance trials affect agronomic characters and seed composition; *European Journal of Agronomy* 12: 13-22.

**Wang, L., R. Guan, L. Zhangxiong, R. Chang & L. Qiu, 2006**, Genetic diversity of Chinese cultivated soybean revealed by SSR markers, *Crop Sci.* 46:1032-1038.