

Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz

Professur für Speziellen Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung

Prof. Dr. J. Léon

Biometrische Auswertung von Rückkreuzungsreihen in genetisch weiten
Kreuzungen bei Sommergerste

Inaugural-Dissertation

zur

Erlangung des Grades

Doktor der Agrarwissenschaften

(Dr. agr.)

der

Hohen Landwirtschaftlichen Fakultät

der

Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität

zu Bonn

vorgelegt am

29.06.2006

von

Dipl.-Ing. agr. Stefanie Budewig

aus

Bonn

(D98)

Referent: Prof. D. J. Léon
Koreferent: Prof. D. H. Goldbach
Tag der mündlichen Prüfung: 17.11.2006

Diese Dissertation ist auf dem Hochschulschriftenserver der ULB Bonn http://hss.ulb.uni-bonn.de/diss_online elektronisch publiziert.

Erscheinungsjahr 2007

Abstrakt

Wildformen können zur Verbreiterung der genetischen Basis und zur Verbesserung qualitativer und vermutlich auch quantitativer Merkmale beitragen. Unerwünschte Eigenschaften der Wildformen zwingen den Züchter zu aufwendigen Rückkreuzungen. Zielsetzung der vorliegenden Arbeit ist eine Untersuchung der Vererbung quantitativer Merkmale in genetisch weiten Rückkreuzungsserien, die Anwendung der gewonnenen Erkenntnisse zur optimalen Ressourcenallokation, sowie eine Evaluierung des Potentials der Wildformen zur Verbesserung quantitativer Merkmale.

Hierzu wurden beispielhaft quantitative Merkmale in Rückkreuzungsserien (BC₁-BC₄) in dreißig Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Kreuzungsfaktoriells aus *H. vulgare* ssp. *vulgare* x *H. vulgare* ssp. *spontaneum* untersucht. Anhand der in zweijährigen Feldversuchen gewonnenen Daten, wurden die allgemeine und spezifische Kombinationseignung, die Eigenleistung der Eltern und der Kreuzungsnachkommen, die Entwicklung der Mittelwerte und Varianzen in den Rückkreuzungsserien im Vergleich zu theoretischen Modellen und die positive Transgression der Nachkommen im Merkmal Karyopsenertrag untersucht

Kombinationseignungen und Elterneigenleistungen können bedingt zur Auswahl der Kultur-, nicht aber der Wildeltern oder einzelner Kreuzungskombinationen genutzt werden. Die Mittelwerte der Nachkommen entwickelten sich meist von der BC₁ zur BC₄ in Richtung der rekurrenten Eltern. Korrelationen zwischen den Generationen ergaben vor allem für Merkmale hoher Heritabilität straffe sehr hoch signifikante Beziehungen. Die Variabilität konnte durch die Kreuzung mit den Wildgersten erhöht werden, die Beziehungen der Varianzen zwischen den Rückkreuzungsgenerationen waren schwach, z.T. negativ und selten signifikant. Die Übereinstimmung der theoretischen Modelle mit den Mittelwerten und Varianzen war unzureichend, um Prognosen später Rückkreuzungsgenerationen zu empfehlen. Zur Erklärung der Abweichungen der empirischen Werte von den Modellen mussten epistatische Effekte herangezogen werden.

In den Nachkommenschaften aller verwendeten Wildformen konnten für den Karyopsenertrag positiv transgressive Linien, d.h. Linien deren Ertrag zwei Standardabweichungen größer als der der Kultureltern war, gefunden werden. Der Anteil war in der BC₃/BC₄ am höchsten.

Wildformen sind zur Verbesserung auch züchterisch intensiv bearbeiteter quantitativer Merkmale und zur Erhöhung der Variabilität geeignet. Um die notwendige Erhöhung der genetischen Diversität zu sichern, sollten künftig Prebreedingstrategien und der Kombination klassischer und markergestützter Verfahren bei der Nutzung von Wildformen mehr Aufmerksamkeit gewidmet werden.

Abstract

Wild genotypes can be used to broaden the genetic basis and improve qualitative and probably quantitative traits. The plant breeder is forced to perform tedious backcrosses to eliminate undesirable traits originating from the wild genotypes. The aim of the current study is to investigate the inheritance of quantitative traits in genetically wide crosses, make use of the results for an optimal allocation of resources and to evaluate the potential of the wild genotypes to improve quantitative traits.

Quantitative traits were analysed in four backcross generations (BC₁ - BC₄) developed from thirty crosses between *H. vulgare* ssp. *vulgare* x *H. vulgare* ssp. *spontaneum* in an incomplete factorial mating design. Based on the data collected in two years of field trials the general and specific combining ability, the performance of the parents and progeny, the development of the means and variances compared to theoretical models and the positive transgression of the trait grain yield were investigated.

Results show that the combining abilities and the performance of the parents may be used to choose suitable parents from the cultivated genotypes but not to select promising wild genotypes or specific crosses.

The means of the progeny grow closer to the means of the cultivated parents from the BC₁ to the BC₄. The results of correlations between the generations show highly significant relationships especially if traits with a high heritability are concerned. The variability increased by crossing with wild genotypes. The relationship between variances in backcross generations was weak, sometimes negative and hardly ever significant.

The theoretical models did not correspond well to the means and variances. A prognosis based on the theoretical models can not be recommended. Epistatic effects were necessary to explain the deviations of the empirical values from the theoretical models.

It was possible to find positive transgressive progeny for the trait grain yield in the offspring of every wild genotype. Positive transgression was defined as a grain yield at least two standard deviations higher than that of the cultivated parent. The percentage of transgressive lines was highest in the BC₃/BC₄.

The results of this study show that wild genotypes have the potential to improve quantitative traits that have been subjected to intensive breeding as well as to increase the variability of the progeny. To safeguard genetic diversity prebreeding strategies and strategies comprising classical as well as marker based methods should be taken into consideration when utilizing wild genotypes in plant breeding.

I. Inhaltsverzeichnis

Abstrakt	I
Abstract.....	II
I. Inhaltsverzeichnis.....	III
II. Abbildungsverzeichnis	V
III. Tabellenverzeichnis.....	VIII
IV. Abkürzungsverzeichnis	XVII
1 Einleitung	1
2 Literaturübersicht	3
2.1 Bedeutung und Herkunft der Gerste	3
2.2 Systematik und Morphologie der <i>Hordeum</i> Arten.....	4
2.3 Gerstenzüchtung und genetische Diversität.....	5
2.4 Diversität	6
2.5 Verwendung genetischer Ressourcen	8
2.6 Nutzung exotischen Materials in der Gerstenzüchtung	11
2.7 Züchtung und quantitative Merkmale	12
2.8 Einsatz von DNA - Markern zur Züchtung mit exotischem Material	13
2.9 Strategien der klassischen Züchtung bei der Verwendung exotischen Materials.....	18
2.10 Ziele der Arbeit	22

3	Material und Methoden.....	24
3.1	Material	24
3.1.1	Standort.....	24
3.1.2	Witterung	24
3.1.3	Pflanzenmaterial.....	25
3.2	Methoden.....	30
3.2.1	Versuchsanlage	30
3.2.2	Pflanzenbauliche Maßnahmen.....	31
3.2.3	Probenahmen und Bonituren.....	32
3.2.4	Statistische Auswertung.....	34
4	Ergebnisse	44
4.1	Eltern per se.....	44
4.2	Kreuzungsnachkommen.....	53
4.2.1	Nachkommenschaftsmittelwerte und theoretische Erwartungen.....	53
4.2.2	Varianzen der Nachkommen und theoretische Erwartung	67
4.2.3	Allgemeine und spezifische Kombinationseignung	77
4.2.4	Transgressives Potential	90
5	Diskussion	96
6	Zusammenfassung.....	127
7	Literaturverzeichnis.....	130
8	Anhang	141

II. Abbildungsverzeichnis

Abb. 1:	Integrierte Anwendung aktueller Methoden der Züchtungsforschung zur Erschließung genetischer Diversität (nach WEHLING, 2002).....	18
Abb. 2:	Witterungsverlauf auf dem Versuchsbetrieb Dikopshof in den Jahren 1999 und 2000.....	24
Abb. 3:	Schema der Materialentwicklung für alle Kreuzungskombinationen im Rahmen der Rückkreuzungsserie für das unvollständige Faktoriell.....	28
Abb. 4:	Darstellung der erhobenen Merkmale für <i>H. spontaneum</i> (Mittelwert der geprüften Wildformen) als Relativwert bezogen auf das Mittel der Kultursorten (Mittelwert der Kultursorten = 100 %) für die Versuchsjahre 1999 und 2000.....	45
Abb. 5:	Entwicklungsgeschwindigkeit der Kultursorten (<i>H. vulgare</i>) anhand der täglichen Temperatursummen (GDD) im Durchschnitt der Versuchsjahre 1999 und 2000.....	49
Abb. 6:	Entwicklungsgeschwindigkeit der Wildformen (<i>H. spontaneum</i>) anhand der täglichen Temperatursummen (GDD) im Durchschnitt der Versuchsjahre 1999 und 2000.....	50
Abb. 7:	Populationsmittel von vier Rückkreuzungsgenerationen (BC ₁ bis BC ₄) für verschiedene Merkmale über die Nachkommenschaften von dreißig Kreuzungskombinationen aus einem unvollständigen Faktoriell von <i>H. vulgare</i> * <i>H. spontaneum</i> in Relation zur Differenz zwischen den Elternleistungen <i>per se</i> und der daraus resultierenden theoretischen Erwartung nach COX (1984a), basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.....	55
Abb. 8:	Populationsmittel von drei Rückkreuzungsgenerationen (BC ₂ bis BC ₄) für verschiedene Merkmale über die Nachkommenschaften von dreißig Kreuzungskombinationen aus einem unvollständigen Faktoriell von <i>H. vulgare</i> * <i>H. spontaneum</i> in Relation zur Differenz zwischen den Elternleistungen <i>per se</i> und der daraus resultierenden theoretischen Erwartung, bezogen auf die BC ₁ , basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.....	57
Abb. 9:	Populationsmittel von vier Rückkreuzungsgenerationen (BC ₁ bis BC ₄) im Merkmal Karyopsenertrag für die Nachkommenschaften von jeweils zehn Kulturgersten (oben) und zehn Wildgersten (unten) aus einem unvollständigen Faktoriell von <i>H. vulgare</i> * <i>H. spontaneum</i> in Relation zur Differenz zwischen den Elternleistungen <i>per se</i> und der daraus resultierenden theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.....	59
Abb. 10:	Populationsmittel von vier Rückkreuzungsgenerationen (BC ₁ bis BC ₄) im Merkmal Karyopsen je Pflanze für die Nachkommenschaften von jeweils zehn Kulturgersten (oben) und zehn Wildgersten (unten) aus einem unvollständigen Faktoriell von <i>H. vulgare</i> * <i>H. spontaneum</i> in Relation zur Differenz zwischen den Elternleistungen <i>per se</i> und der daraus resultierenden theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.....	60

Abb. 11:	Populationsmittel von vier Rückkreuzungsgenerationen (BC ₁ bis BC ₄) im Merkmal Höhe für die Nachkommenschaften von jeweils zehn Kulturgersten (oben) und zehn Wildgersten (unten) aus einem unvollständigen Faktoriell von <i>H. vulgare</i> * <i>H. spontaneum</i> in Relation zur Differenz zwischen den Elternleistungen <i>per se</i> und der daraus resultierenden theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.	61
Abb. 12:	Variationskoeffizienten der untersuchten Merkmale für die Rückkreuzungsnachkommen des gesamten Faktoriells und ihrer Kultureltern.	68
Abb. 13:	Genetische Varianzen innerhalb von vier Rückkreuzungsgenerationen (BC ₁ – BC ₄) für verschiedene Merkmale über die Nachkommenschaften von dreißig Kreuzungskombinationen aus einem unvollständigen Faktoriell von <i>H. vulgare</i> * <i>H. spontaneum</i> relativ zur genetischen Varianz in der BC ₁ und zur theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.	69
Abb. 14:	Phänotypische Varianzen für das Merkmal Karyopsenertrag innerhalb der Nachkommenschaften einzelner Kultur – (oben) und Wildeltern (unten) in vier Rückkreuzungsgenerationen (BC ₁ – BC ₄) aus einem unvollständigen Faktoriell von <i>H. vulgare</i> * <i>H. spontaneum</i> relativ zur phänotypischen Varianz in der BC ₁ und zur theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.	71
Abb. 15:	Phänotypische Varianzen für das Merkmal Karyopsen je Pflanze innerhalb der Nachkommenschaften einzelner Kultur – (oben) und Wildeltern (unten) in vier Rückkreuzungsgenerationen (BC ₁ – BC ₄) aus einem unvollständigen Faktoriell von <i>H. vulgare</i> * <i>H. spontaneum</i> relativ zur phänotypischen Varianz in der BC ₁ und zur theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.	72
Abb. 16:	Phänotypische Varianzen für das Merkmal Pflanzenhöhe innerhalb der Nachkommenschaften einzelner Kultur – (oben) und Wildeltern (unten) in vier Rückkreuzungsgenerationen (BC ₁ – BC ₄) aus einem unvollständigen Faktoriell von <i>H. vulgare</i> * <i>H. spontaneum</i> relativ zur phänotypischen Varianz in der BC ₁ und zur theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.	74
Abb. 17:	Genotypische Varianzen für das Merkmal Pflanzenhöhe innerhalb der Nachkommenschaften einzelner Kultur – (oben) und Wildeltern (unten) in vier Rückkreuzungsgenerationen (BC ₁ – BC ₄) aus einem unvollständigen Faktoriell von <i>H. vulgare</i> * <i>H. spontaneum</i> relativ zur genetischen Varianz in der BC ₁ und zur theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.	75
Abb. 18:	GCA _{BC1-4} - Effekte der Kultureltern in vier Rückkreuzungsgenerationen für das Merkmal Karyopsenertrag, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.	81
Abb. 19:	GCA _{BC1-4} - Effekte der Kultureltern in vier Rückkreuzungsgenerationen für das Merkmal Tausendkornmasse, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.	82
Abb. 20:	GCA _{BC1-4} - Effekte der Wildeltern in vier Rückkreuzungsgenerationen für das Merkmal Karyopsenertrag, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.	85

Abb. 21:	GCA _{BC1-4} - Effekte der Wildeltern in vier Rückkreuzungsgenerationen für das Merkmal Tausendkornmasse, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	85
Abb. 22:	Darstellung der erhobenen Merkmale für das Merkmal Karyopsenertrag transgressiven Linien (mehr als zwei Standardabweichungen über den rekurrenten Kultureltern), als Relativwert bezogen auf das Mittel der Kultursorten (Mittelwert der Kultursorte = 100 %) für die Versuchsjahre 1999 und 2000.	94

III. Tabellenverzeichnis

Tab. 1:	Beispiele für die züchterische Übertragung von Eigenschaften aus pflanzengenetischen Ressourcen zur Verbesserung der Sorten von Acker -, Grünland - und Gemüsepflanzen (aus BML, 1996).....	10
Tab. 2:	Übersicht, der als Kulturelter verwendeten zweizeiligen Sommergerstensorten (<i>H. vulgare</i>) (Quelle: Beschreibenden Sortenliste des Bundessortenamtes, ANONYMUS, 1985).....	25
Tab. 3:	Übersicht der als Wildelter verwendeten Wildgerstenlinien (<i>H. spontaneum</i>).....	26
Tab. 4:	Übersicht über das unvollständige Kreuzungsfaktoriell und die im Kreuzungsprogramm durchgeführten Kultur * Wildgerstenkreuzungen (gekennzeichnet durch das Symbol x).	27
Tab. 5:	Geprüfte Filialgenerationen (F _j) in den Rückkreuzungsgenerationen BC ₁ – BC ₄ in den Versuchsjahren 1999 und 2000.....	29
Tab. 6:	Übersicht über die im vorliegenden Versuch erhobenen Merkmale.....	33
Tab. 7:	Mittelwerte der Gruppen Kultur - bzw. Wildelter für die untersuchten Merkmale, sowie signifikante Unterschiede zwischen den Gruppen.	46
Tab. 8:	Mittelwerte und Ergebnisse der multiplen Mittelwertsvergleiche bezogen auf die einzelnen Kultureltern in beiden Versuchsjahren für die Merkmale Karyopsenertrag, TKM, Ähren je Pflanze, Karyopsen je Pflanze, Karyopsen je Ähre, Stroh, und Ernteindex.	47
Tab. 9:	Mittelwerte und Ergebnisse der multiplen Mittelwertsvergleiche bezogen auf die einzelnen Kultureltern in beiden Versuchsjahren für die Merkmale Höhe, Grannenlänge, vegetativer Wachstumsdauer, gesamte Wachstumsdauer, generative Wachstumsdauer, Wachstumsrate bis zur Ernte.....	47
Tab. 10:	Mittelwerte und Ergebnisse der multiplen Mittelwertsvergleiche bezogen auf die einzelnen Wildeltern in beiden Versuchsjahren für die Merkmale Karyopsenertrag, TKM, Ähren je Pflanze, Karyopsen je Pflanze, Karyopsen je Ähre, Stroh, und Ernteindex.	48
Tab. 11:	Mittelwerte und Ergebnisse der multiplen Mittelwertsvergleiche bezogen auf die einzelnen Wildeltern in beiden Versuchsjahren für die Merkmale Höhe, Grannenlänge, vegetativer Wachstumsdauer, Gesamte Wachstumsdauer, Generative Wachstumsdauer, Wachstumsrate bis zur Ernte.	48
Tab. 12:	Korrelationskoeffizienten zwischen ausgewählten Merkmalen innerhalb der Gerstensortimente <i>H. vulgare</i> (<i>H. vu.</i>) und <i>H. spontaneum</i> (<i>H. sp.</i>).....	51
Tab. 13:	Heritabilitäten der untersuchten Merkmale über zwei Versuchsjahre bezogen auf die Kultursorten.	52
Tab. 14:	Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen für das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen <i>per se</i> und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC ₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	54
Tab. 15:	Anzahl der signifikanten Abweichungen der empirischen Nachkommenschaftsmittelwerte der zehn Kultur - bzw. zehn Wildeltern für die Rückkreuzungsgenerationen BC ₁ – BC ₄ von den jeweiligen theoretischen Erwartungen nach Cox (t) bzw. der modifizierten theoretischen Erwartung (m) für verschiedene Merkmale (s. Tab. A17 - Tab. A29).	63

Tab. 16:	Anzahl der signifikanten Abweichungen der empirischen Nachkommenschaftsmittelwerte der 30 Kreuzungskombinationen aus einem unvollständigen Faktoriell mit <i>H. vulgare</i> x <i>H. spontaneum</i> für die Rückkreuzungsgenerationen BC ₁ – BC ₄ von den jeweiligen theoretischen Erwartungen nach Cox (t) bzw. der modifizierten theoretischen Erwartung (m) für verschiedene Merkmale (s. Tab. A17 - Tab. A29).	65
Tab. 17:	Korrelationskoeffizienten (Pearson) zwischen vier Rückkreuzungsgenerationen für verschiedene Merkmale aus den Mittelwerten von 30 Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Faktoriells mit <i>H. vulgare</i> x <i>H. spontaneum</i> , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.	67
Tab. 18:	Korrelationskoeffizienten (Spearman) zwischen vier Rückkreuzungsgenerationen für verschiedene Merkmale aus den genetischen Varianzen von 30 Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Faktoriells mit <i>H. vulgare</i> x <i>H. spontaneum</i> , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.	76
Tab. 19:	Korrelationskoeffizienten (Spearman) zwischen vier Rückkreuzungsgenerationen für verschiedene Merkmale aus den phänotypischen Varianzen von 30 Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Faktoriells mit <i>H. vulgare</i> x <i>H. spontaneum</i> , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.	76
Tab. 20:	Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzungen für die allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen (GCA _{BC1-4} , SCA _{BC1-4}) in verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - * Wildgerste für die Merkmale Höhe und Grannenlänge , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.	78
Tab. 21:	Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzungen für die allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen (GCA _{BC1-4} , SCA _{BC1-4}) in verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - * Wildgerste für die Merkmale Karyopsenertrag und Stroh , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.	78
Tab. 22:	Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzungen für die allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen (GCA _{BC1-4} , SCA _{BC1-4}) in verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - * Wildgerste für die Merkmale Tausendkornmasse und Ähren je Pflanze , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.	79
Tab. 23:	Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzungen für die allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen (GCA _{BC1-4} , SCA _{BC1-4}) in verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - * Wildgerste für die Merkmale Karyopsen je Ähre und Karyopsen je Pflanze , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.	79
Tab. 24:	Rangkorrelationen nach Spearman zwischen den GCA _{BC1-4} - Effekten der Kultureltern in den vier Rückkreuzungsgenerationen BC ₁ – BC ₄ aus einem unvollständigen Faktoriell von Kultur - x Wildgerste für verschiedene Merkmale, basierend auf zweijährigen Ergebnissen.	83
Tab. 25:	Rangkorrelationen nach Spearman zwischen den GCA _{BC1-4} - Effekte der Wildeltern in den vier Rückkreuzungsgenerationen BC ₁ – BC ₄ aus	

	einem unvollständigen Faktoriell von Kultur - x Wildgerste für verschiedene Merkmale, basierend auf zweijährigen Ergebnissen.	87
Tab. 26:	Rangkorrelationen nach Spearman zwischen den $SCA_{BC_{1-4}}$ - Effekten der dreißig untersuchten Kreuzungskombinationen in den vier Rückkreuzungsgenerationen $BC_1 - BC_4$ aus einem unvollständigen Faktoriell von Kultur - x Wildgerste für verschiedene Merkmale, basierend auf zweijährigen Ergebnissen.	89
Tab. 27:	Prozentualer Anteil der im Merkmal Karyopsenertrag positiv transgressiven Linien innerhalb verschiedener Rückkreuzungsgenerationen für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern, das gesamte unvollständige Faktoriell und einer Kontrollpopulation (Kultureltern), berechnet anhand der Selektionskriterien 1 und 2.	91
Tab. 28:	Rangkorrelationen zwischen der Eigenleistung der Kultur- bzw. Wildeltern und dem prozentualen Anteil transgressiver Linien je Kreuzungskombination (trans) bzw. den Mittelwerten der Kreuzungskombinationen (emp) für 30 Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Kreuzungsfaktoriells von Kultur - * Wildgerste in vier Rückkreuzungsgenerationen.	93
Tab. 29:	Mittelwerte und Variationskoeffizienten der erhobenen Merkmale für die Kultursorten und die im Merkmal Karyopsenertrag transgressiven Linien (mehr als zwei Standardabweichungen über den rekurrenten Kultureltern) für die Versuchsjahre 1999 und 2000.	95
Tab. A1:	Prüfumfang (Anzahl geprüfter Linien) innerhalb verschiedener Rückkreuzungsgenerationen für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell in den Versuchsjahren 1999 und 2000.	141
Tab. A2:	Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen $BC_1 - BC_4$, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal Höhe (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).	142
Tab. A3:	Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen $BC_1 - BC_4$, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal Grannenlänge (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).	142
Tab. A4:	Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen $BC_1 - BC_4$, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal Stroh (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).	143
Tab. A5:	Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen $BC_1 - BC_4$, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal Karyopsenertrag (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).	143
Tab. A6:	Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen $BC_1 - BC_4$, sowie für die entsprechenden Eltern-	

	gruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal TKM (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).	144
Tab. A7:	Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC ₁ – BC ₄ , sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal Ähren je Pflanze (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).....	144
Tab. A8:	Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC ₁ – BC ₄ , sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal Ernteindex (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).	145
Tab. A9:	Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC ₁ – BC ₄ , sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal Karyopsen je Pflanze (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).....	145
Tab. A10:	Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC ₁ – BC ₄ , sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal Karyopsen je Ähre (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).....	146
Tab. A11:	Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC ₁ – BC ₄ , sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal vegetative Wachstumsdauer (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).....	146
Tab. A12:	Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC ₁ – BC ₄ , sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal generative Wachstumsdauer (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).....	147
Tab. A13:	Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC ₁ – BC ₄ , sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal gesamte Wachstumsdauer (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).....	147
Tab. A14:	Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC ₁ – BC ₄ , sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal Wachstumsrate bis zur Ernte (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).....	148

Tab. A15:	Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC ₁ – BC ₄ , sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal Wachstumsrate bis zur Blüte (Ergebnisse einer einjährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).....	148
Tab. A16:	Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC ₁ – BC ₄ , sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal Biomasse zur Blüte (Ergebnisse einer einjährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).	149
Tab. A17:	Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Karyopsenertrag für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen <i>per se</i> und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC ₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	150
Tab. A18:	Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Tausendkornmasse für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen <i>per se</i> und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC ₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	151
Tab. A19:	Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Ähren je Pflanze für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen <i>per se</i> und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC ₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	152
Tab. A20:	Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Karyopsen je Pflanze für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen <i>per se</i> und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC ₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	153
Tab. A21:	Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Karyopsen je Ähre für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen <i>per se</i> und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC ₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	154
Tab. A22:	Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Stroh für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen <i>per se</i> und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC ₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	155

Tab. A23:	Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Ernteindex für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen <i>per se</i> und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC ₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	156
Tab. A24:	Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Höhe für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen <i>per se</i> und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC ₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	157
Tab. A25:	Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Grannlänge für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen <i>per se</i> und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC ₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	158
Tab. A26:	Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal vegetative Wachstumsdauer für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen <i>per se</i> und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC ₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	159
Tab. A27:	Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal generative Wachstumsdauer für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen <i>per se</i> und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC ₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	160
Tab. A28:	Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal gesamte Wachstumsdauer für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen <i>per se</i> und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC ₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	161
Tab. A29:	Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Wachstumsrate bis zur Ernte für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen <i>per se</i> und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC ₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	162
Tab. A30:	Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Karyopsenertrag innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC ₁ , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	163

Tab. A31:	Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Tausendkornmasse innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC ₁ , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	164
Tab. A32:	Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Ähren je Pflanze innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC ₁ , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	165
Tab. A33:	Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Karyopsen je Pflanze innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC ₁ , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	166
Tab. A34:	Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Karyopsen je Ähre innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC ₁ , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	167
Tab. A35:	Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Stroh innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC ₁ , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	168
Tab. A36:	Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Ernteindex innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC ₁ , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	169
Tab. A37:	Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Höhe innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC ₁ , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	170
Tab. A38:	Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Grannenlänge innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC ₁ , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	171

Tab. A39:	Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal vegetative Wachstumsdauer innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC ₁ , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	172
Tab. A40:	Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal generative Wachstumsdauer innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC ₁ , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	173
Tab. A41:	Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal gesamte Wachstumsdauer innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC ₁ , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	174
Tab. A42:	Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal Wachstumsrate bis zur Ernte innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC ₁ , basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	175
Tab. A43:	Korrelationen (Spearman) zwischen den empirischen und theoretischen Werten für die genotypischen bzw. phänotypischen Varianzen der einzelnen Rückkreuzungsgenerationen auf der Ebene der Kreuzungskombinationen und der Nachkommenschaften der Kultur- bzw. Wildeltern für verschiedene Merkmale, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	176
Tab. A44:	Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzungen für die allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen (GCA _{BC1-4} , SCA _{BC1-4}) in verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - * Wildgerste für das Merkmal Ernteindex basierend auf zweijährigen Feldversuchen.	177
Tab. A45:	Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzungen für die allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen (GCA _{BC1-4} , SCA _{BC1-4}) in verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - * Wildgerste für die Merkmale vegetative Wachstumsdauer und generative Wachstumsdauer basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	177
Tab. A46:	Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzungen für die allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen (GCA _{BC1-4} , SCA _{BC1-4}) in verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - * Wildgerste für die Merkmale gesamte Wachstumsdauer und Wachstumsrate bis zur Ernte basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	178

Tab. A47:	GCA _{BC1-4} - Effekte für die Kultureltern eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - *Wildgersten in vier Rückkreuzungsgenerationen für verschiedene Merkmale (Karyopsenertrag, TKM, Ähren je Pflanze, Karyopsen je Ähre, Karyopsen je Pflanze, Stroh, Ernteindex), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	179
Tab. A48:	GCA _{BC1-4} - Effekte für die Kultureltern eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - *Wildgersten in vier Rückkreuzungsgenerationen für verschiedene Merkmale (Höhe, Grannenlänge, veg. Wachstumsdauer, gen. Wachstumsdauer, gesamte Wachstumsdauer, Wachstumsrate bis zur Ernte), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	180
Tab. A49:	GCA _{BC1-4} - Effekte für die Wildeltern eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - *Wildgersten in vier Rückkreuzungsgenerationen für verschiedene Merkmale (Karyopsenertrag, TKM, Ähren je Pflanze, Karyopsen je Ähre, Karyopsen je Pflanze, Stroh, Ernteindex), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	181
Tab. A50:	GCA _{BC1-4} - Effekte für die Wildeltern eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - *Wildgersten in vier Rückkreuzungsgenerationen für verschiedene Merkmale (Höhe, Grannenlänge, veg. Wachstumsdauer, gen. Wachstumsdauer, gesamte Wachstumsdauer, Wachstumsrate bis zur Ernte), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.....	182
Tab. A51:	SCA _{BC1-4} - Effekte in den Merkmalen Karyopsenertrag, Tausendkornmasse, Ähren je Pflanze, Karyopsen je Ähre und Karyopsen je Pflanze für dreißig Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - *Wildgerste in vier Rückkreuzungsgenerationen.....	183
Tab. A52:	SCA _{BC1-4} - Effekte in den Merkmalen Stroh, Ernteindex, Höhe und Grannenlänge für dreißig Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - *Wildgerste in vier Rückkreuzungsgenerationen.....	184
Tab. A53:	SCA _{BC1-4} - Effekte in den Merkmalen vegetative, generative, gesamte Wachstumsdauer und Wachstumsrate bis zur Ernte für dreißig Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - *Wildgerste in vier Rückkreuzungsgenerationen.....	185
Tab. A54:	Rangkorrelationen zwischen den Rückkreuzungsgenerationen (BC ₁ - BC ₄) für die relativen Anteile der im Hinblick auf den Karyopsenertrag nach Selektionskriterium 1 bzw. 2 transgressiven Linien innerhalb verschiedener Teilpopulationen eines unvollständigen Kreuzungsfaktoriells von Kultur - * Wildgerste.....	186

IV. Abkürzungsverzeichnis

BAZ = Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen

BC_g = **B**ack **C**ross bzw. Rückkreuzungsgeneration g, mit g = 0, 1, 2, 3 usw.

DH = Doppelhaploide

F_j = **F**ilial - bzw. Selbstungsgeneration j, mit j = 1, 2, 3 usw.

GDD = **G**rowing **D**egree **D**ay bzw. tägliche Temperatursummen

GCA = **g**eneral **c**ombining **a**bility bzw. allgemeine Kombinationseignung

GCA_{BC1-4} = allgemeine Kombinationseignung in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ - 4

h² = Heritabilität

H. vulgare = *H. vulgare* ssp. *vulgare*

H. spontaneum = *H. vulgare* ssp. *spontaneum*

HI = Ernteindex

MAS = **m**arker - **a**ssisted **s**elektion

n. b. = nicht bestimmbar

n.s. = nicht signifikant

SCA = **s**pecific **c**ombining **a**bility bzw. spezifische Kombinationseignung

SCA_{BC1-4} = spezifische Kombinationseignung in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ - 4

REML = **R**estricted **M**aximum **L**ikelihood

SSD = **S**ingle **S**eed **D**escent,

SSR = **s**imple **s**equences **r**epeat

TKM = Tausendkornmasse

WR = Wachstumsrate

1 Einleitung

Durch die züchterische Bearbeitung haben unsere heutigen Kulturarten ein hohes Ertragsniveau erreicht. Dazu beigetragen hat die Verbesserung vieler agronomisch wichtiger Merkmale, dazu zählen Krankheitsresistenzen, Synchronisation der Abreife und morphologische Veränderungen, wie kurzstrohige Getreidesorten und eine Maximierung einzelner Ertragsstrukturmerkmale.

Die Verbesserung dieser zahlreichen Merkmale wurde durch eine intensive züchterische Bearbeitung erreicht. Hierbei wurden aus der Vielfalt der zur Verfügung stehenden Genotypen, durch strenge Selektion, optimale Eigenschaften in einzelnen Sorten kombiniert. Gerade durch diese intensive Selektion steht heutigen Züchtern nur ein geringer Anteil der ursprünglichen Variabilität in den Kultursorten zur Verfügung. Die Züchtung neuer Sorten ist häufig auf die Kreuzung weniger leistungsstarker Sorten beschränkt, die zum Teil eng miteinander verwandt sind.

Eine weitere Erhöhung der Leistungsfähigkeit moderner Kultursorten wird zunehmend schwieriger. Um bei intensiv bearbeiteten Merkmalen, aber auch um in bisher weniger beachteten Bereichen, wie beispielsweise der Adaptionfähigkeit, züchterische Erfolge zu erzielen, wäre eine Verbreiterung der genetischen Basis und dadurch eine Erhöhung der Variabilität wünschenswert.

Die genetische Diversität kann durch den Einsatz pflanzengenetischer Ressourcen, die beispielsweise in Genbanken zur Verfügung stehen, erhöht werden. Diese Möglichkeit wird heute bei qualitativ vererbten Merkmalen zum Teil genutzt; bei quantitativ vererbten Merkmalen erscheint die Nutzung von exotischem Material, beispielsweise Wildformen, trotz moderner markergestützter Verfahren aufgrund des hohen Arbeitsaufwands weiterhin problematisch.

Um den Einsatz genetisch wenig adaptierten Materials zu ermöglichen, müssen Strategien entwickelt werden, die eine sinnvolle Auswahl geeigneter Kreuzungseltern mit möglichst geringem Aufwand für den Züchter ermöglichen. Ebenfalls notwendig sind Hinweise auf die Generation, in der ein Maximum vielversprechender Genotypen durch Selektion erfasst wird, die optimale Dimensionierung eines Zuchtprogramms und ein geeignetes Kreuzungsschema.

In der vorliegenden Arbeit soll exemplarisch an der Modellpflanze Sommergerste (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*, in der vorliegenden Arbeit als *H. vulgare* bezeichnet) die Vererbung quantitativer Merkmale in genetisch weiten Kreuzungen mit der Wildform *Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum* (in der vorliegenden Arbeit als *H. spontaneum* bezeichnet) untersucht werden. Nach einer Darstellung der Bedeutung, Herkunft, Systematik und Morphologie der

Gerste soll ein Überblick über die Entwicklung der genetischen Diversität, bzw. Variabilität und dem Einsatz pflanzengenetischer Ressourcen in der heutigen Züchtung gegeben und die Fragestellungen, die sich hieraus für die vorliegende Arbeit ergeben, erläutert werden.

Die Vererbung der quantitativen Merkmale und Möglichkeiten zur Optimierung der Verbesserung quantitativer Merkmale durch genetisch weite Kreuzungen werden anhand eines zweijährigen Feldversuchs, in dem dreißig Kreuzungskombinationen in vier Rückkreuzungsgenerationen aus *H. vulgare* x *H. spontaneum* evaluiert wurden, untersucht.

Zielsetzung der vorliegenden Arbeit ist es, Aussagen über die Leistungsfähigkeit der Kultur- und Wildeltern sowie ihrer Nachkommen in Bezug auf verschiedene quantitative Merkmale und über die Möglichkeiten der Auswahl geeigneter Kreuzungseltern zu machen. Außerdem soll festgestellt werden, ob Prognosen über die Leistung später Rückkreuzungsgenerationen anhand der Elternleistung bzw. der Leistung früher Rückkreuzungsgenerationen möglich sind und bei der Entwicklung optimaler Zuchtstrategien berücksichtigt werden können.

2 Literaturübersicht

Im folgenden Kapitel soll zunächst ein Überblick über die Bedeutung der Gerste als landwirtschaftliche Kulturpflanze und ihre Herkunft, sowie die Systematik und Morphologie der *Hordeum* Arten, gegeben werden. Im Anschluss an eine Darstellung über den Stand der Gerstenzüchtung werden allgemeine Probleme im Bereich der genetischen Diversität bei unseren heutigen Kulturarten und Ansätze zu ihrer Lösung besprochen. Der Einsatz pflanzen-genetischer Ressourcen wird grundsätzlich und dann für den speziellen Fall der Gerstenzüchtung beschrieben. Im Anschluss werden Strategien zur verbesserten Nutzung pflanzen-genetischer Ressourcen für quantitative Merkmale, sowohl unter Berücksichtigung moderner markergestützter Methoden, als auch Methoden der klassischen Züchtung, erörtert. Zum Abschluss des Kapitels werden die hieraus resultierenden Fragestellungen für die vorliegende Studie zusammengefasst.

2.1 Bedeutung und Herkunft der Gerste

Weltweit ist Kulturgerste, nach Weizen, Reis und Mais, die viertwichtigste Getreideart. Im Jahr 2003 wurden rund 142 Millionen Tonnen geerntet, die Anbaufläche lag bei etwa 47 Millionen Hektar (FAO, 2003). In Deutschland wurde im Jahr 2003 auf etwa einem Drittel der landwirtschaftlich genutzten Fläche, d.h. auf einer Anbaufläche von zwei Millionen Hektar Gerste angebaut und etwa elf Millionen Tonnen geerntet. Gerste stellt in Deutschland die zweitwichtigste landwirtschaftliche Nutzpflanze dar.

Gerste wird vorwiegend in der tierischen Ernährung und als Genussmittel genutzt. In Entwicklungsländern spielt Gerste als Brotgetreide oder zu Graupen oder Grütze verarbeitet in Brei oder Suppen eine Rolle in der menschlichen Ernährung (FRANKE, 1997). Es wird geschätzt, dass etwa 85 % der heutigen weltweiten Gerstenproduktion als Futtergerste eingesetzt wird, vor allem in der Schweine- und Geflügelmast. Etwa 10 % der Weltgerstenernte wird als Braugerste in der Malzindustrie verwendet.

Der fruchtbare Halbmond im vorderen Orient gilt als Entstehungsgebiet der Kulturgerste (NEVO, 1992). Die Wildform *H. vulgare* ssp. *spontaneum* gilt als direkter Vorfahr der Kulturgerste (HARLAN UND ZOHARY, 1966, ZOHARY UND HOPF, 1988). Gerstenfunde aus Syrien, Israel, dem Iran und der Türkei belegen, dass die Domestikation der Gerste vor etwa 9.000 Jahren erfolgte (HARLAN, 1976b). Die Entdeckung sekundärer Genzentren in Marokko (MOLINA - CANO et al., 1999) oder dem äthiopischen Hochland (BEKELE, 1983) haben die These unterstützt, dass die Domestikation der Gerste an verschiedenen Orten unabhängig voneinander stattfand. Diese These wurde mittlerweile durch umfassende

genetische Studien an Wild - und Kulturgersten widerlegt, die phylogenetische Analyse der molekularen Daten unterstützen die These eines einzigen Domestikationszentrums in der südlichen Region des fruchtbaren Halbmonds (BADR et al., 2000).

Auch archäologische Funde belegen die Herkunft der Kulturgerste aus dem fruchtbaren Halbmond. Im Norden von Jericho, im Netiv Hagdud, wurde Gerste aus dem Jahr 7750 v. Chr. gefunden, die sich durch einen festen Spindelsitz auszeichnet, also durch züchterische Bearbeitung bereits die für Wildgetreide typische Spindelbrüchigkeit verloren hatte (KISLEV et al., 1992). Im Norden Syriens wurde mehrzeilige Gerste, die auf 7500 v. Chr. datiert wurde, gefunden (HILLMAN, 1975).

In Europa war lange Zeit nur die mehrzeilige Gerste bekannt. Zweizeilige Gerste erreichte Europa vermutlich erst mit den Kreuzrittern, die im zwölften und dreizehnten Jahrhundert versuchten Jerusalem zu erobern (FISCHBECK, 2002).

2.2 Systematik und Morphologie der *Hordeum* Arten

Gerste gehört taxonomisch zur Familie der *Poaceae*. Die Gattung *Hordeum* umfasst etwa 30 Arten, die in vier Hauptgruppen unterteilt werden können, nämlich die in Eurasien beheimatete Gruppe *Hordeum*, die in Amerika beheimateten Gruppen *Anisolepsis* und *Critesion* und die in Eurasien, Amerika und Südafrika beheimatete Gruppe *Stenostachys* (BOTHMER et al., 1995). Die Gruppe *Hordeum* umfasst die Arten *H. vulgare*, *H. bulbosum* und *H. murinum*.

Die Arten der Gattung *Hordeum* werden entsprechend ihrer Kreuzbarkeit in drei Genpools eingeteilt (BOTHMER et al., 1986). Im primären Genpool befinden sich Kultur - und Wildgersten, die frei miteinander kreuzbar sind und deren Kreuzungsprodukte fertil sind. Diese werden als Subspezies von *H. vulgare* eingestuft und umfassen *H. vulgare* ssp. *vulgare* L. und *H. vulgare* ssp. *spontaneum* (BOTHMER & JACOBSEN, 1985), im folgenden *H. vulgare* bzw. *H. spontaneum* genannt. Im sekundären Genpool befindet sich ausschließlich die Art *H. bulbosum*. Kreuzungen zwischen *H. vulgare* und *H. bulbosum* können nur mit Schwierigkeiten durchgeführt werden. KASCHA und KAO (1970) beobachteten das Auftreten haploider Gerstenpflanzen in solchen Kreuzungen. Die daraus entwickelte Bulbosum - Methode wird heute neben der Antherenkultur in der Gerstenzüchtung eingesetzt, um homozygote doppelhaploide Gerste zu erzeugen (CHEN & HAYES, 1989). Alle weiteren Arten der Gattung *Hordeum* gehören zum tertiären Genpool und sind mit *H. vulgare* nicht frei kreuzbar (BOTHMER et al., 1986).

Wild - und Kulturgersten unterscheiden sich nach SALAMINI et al. (2002) vorwiegend darin, dass die Kulturgersten keine Spindelbrüchigkeit aufweisen, ihre Tausendkornmasse höher ist

und unter den Kulturgersten mehrzeilige Formen und Nacktgerste auftreten. Die Spindelbrüchigkeit wird durch nur zwei Gene beeinflusst (BOTHMER et al., 2003a), vermutlich erfolgte schon in einer frühen Phase der Domestikation eine intensive Selektion auf Mutanten, die dieses Merkmal nicht aufweisen.

Die Entwicklung der Wildgerstenpflanzen verläuft zudem sehr ungleichmäßig, weder Keimruhe, noch Blütezeitpunkt oder Abreife zeigen eine Synchronisation.

Beide Subspezies von *H. vulgare* sind vorwiegend autogam, obwohl einige *H. spontaneum* Linien durch größere Antheren und eine eher offene Blüte, eine erhöhte Auskreuzungsrate aufweisen. Bei Kulturgerstensorten wird mit einer Auskreuzungsrate von etwa 1 % in jeder Generation gerechnet (ALLARD, 1988).

2.3 Gerstenzüchtung und genetische Diversität

Gerste ist die Getreideart mit der größten ökologischen Anpassungsfähigkeit. Sie wird von den Trockengebieten der Subtropen bis an die Grenze des Ackerbaus in Nordeuropa angebaut (BECKER, 1993). Die Vorfahren unsere Kulturgerste, *H. spontaneum*, verfügen über eine große genetische Diversität (GRANER et al., 2003, BAUM et al., 1997). Entsprechend kann in der frühen Phase der Domestikation ebenfalls von einer hohen genetischen Diversität ausgegangen werden. Hauptursache für die große Diversität scheint die natürliche Selektion in den unterschiedlichen Umwelten zu sein (NEVO et al., 1998). Die anthropogene Verbreitung der Kulturart Gerste führte dazu, dass Gerste unter vielfältigen Umweltbedingungen angebaut wurde. Durch die ursprüngliche breite genetische Basis der Kultivare, ergänzt durch Mutationen, kam es in einem allmählichen Prozess zur Anpassung an unterschiedlichste Umweltbedingungen und Anbauverfahren, die Basis für eine Vielzahl regional angepasster Landsorten war (BOTHMER et al., 2003a).

Parallel zur Anpassung an regionale Umwelt- und Anbaubedingungen wurde von den Bauern und in neuerer Zeit von den Züchtern eine zum Teil intensive Selektion durchgeführt. Selektiert wurde zunächst auf agronomisch wichtige Merkmale, z.B. Verlust der Spindelbrüchigkeit, Synchronisation des Feldaufgangs, der Umsteuerung in die generative Phase und der Abreife sowie auf Ertragserhöhung, durch Selektion auf einzelne Ertragsstrukturmerkmale, Standfestigkeit, verbesserten Ernteindex und Krankheitsresistenzen.

Außerdem wurde auf ein breites Spektrum an Qualitätsmerkmalen in Abhängigkeit von den verschiedenen Nutzungsrichtungen selektiert. Nach BOTHMER et al. (2003a) sind hier folgende Nutzungsrichtungen von Bedeutung:

Menschliche Ernährung – hier wird vor allem Nacktgerste verwendet,

Futtergerste – vorwiegend mehrzeilige Gerste mit hohem Proteingehalt,

Braugerste - vorwiegend zweizeilige Sommergerste mit niedrigem Proteingehalt, Gesundheitssektor – z.B. Gerste zur Teeproduktion in Japan.

Obwohl bei der Kulturgerste weltweit durch die verschiedenen Umwelt- und Anbaubedingungen und die unterschiedlichen Nutzungsrichtungen, im Vergleich zu anderen intensiv bearbeiteten Kulturarten, eine vergleichsweise breite genetische Basis vorhanden sein dürfte, muss berücksichtigt werden, dass die Diversität innerhalb der Nutzungsrichtungen geringer ist und eine Entwicklung zum Anbau einiger weniger Hochleistungssorten auch auf globaler Ebene stattgefunden hat bzw. zu erwarten ist (COLLINS & LAPPÉ, 1980). Die leistungsstarken europäischen Sorten beispielsweise basieren auf einer Auswahl der früher in Europa vorhandenen Landrassen. Die heutigen Sorten bestehen vorwiegend aus den Nachkommen dieser Auswahl, d.h. aus Kreuzungen basierend auf einer begrenzten Anzahl Linien. Die Konsequenz ist eine genetische Verarmung und eine schmale genetische Basis dieser Sorten (BOTHMER et al., 2003a). Hinzu kommt, dass die Züchtung neuer Sorten heute häufig auf die Kreuzung von wenigen zum Teil eng miteinander verwandten modernen Sorten beschränkt ist (HARLAN, 1976a). Gerade die erfolgreiche moderne Züchtung hat somit zur Verringerung der genetischen Diversität beigetragen.

2.4 Diversität

Die im vorangegangenen Kapitel geschilderten Entwicklungen treffen nicht nur auf die Gerstenzüchtung und deren Diversität zu. Bei allen Kulturarten wird der Zuchtfortschritt durch Selektion aus genetischer Variabilität erreicht. Genetische Diversität, die Grundlage für die notwendige Variabilität, ist für eine Verbesserung von Sorten unabdingbar, wird aber durch die Selektion verringert.

In vielen Kulturarten ist die vorhandene Variabilität eingeschränkt. Die genetische Basis vieler landwirtschaftlicher Nutzpflanzen ist durch sogenannte „bottle necks“, also Ereignisse, bei denen nur ein geringer Anteil der vorhandenen Genotypen zur weiteren Züchtung verwendet wurden, sehr schmal (COOPER et al., 2001). Ein solcher Verlust an genetischem Material kann beispielsweise im Verlauf der Domestikation oder durch Migration erfolgen. Eine schmale genetische Basis wird auch durch eine entsprechende Vorgehensweise bei der Züchtung begünstigt, d.h. durch die bereits erwähnte Praxis, Kreuzungsprogramme nur mit einigen wenigen modernen Sorten durchzuführen. Aufgrund wirtschaftlicher Zwänge müssen Züchter dem Markt neue leistungsfähige Sorten in möglichst kurzen Zeitabständen zur Verfügung stellen. Hierdurch wird der Erstellung neuer genetischer Variabilität weniger Aufmerksamkeit geschenkt (SIMMONDS, 1962).

Fehlende genetische Variabilität kann zu Problemen führen, wenn die vorhandene Variabilität nicht mehr ausreicht, um einen weiteren Zuchtfortschritt in bereits intensiv bearbeiteten Merkmalen zu erzielen oder wenn neue Zuchtziele Bedeutung erlangen (PRESTERL et al., 1997). Zur langfristigen Sicherung des Züchtungsfortschritts ist eine grundlegende Verbreiterung der genetischen Basis unserer Kulturpflanzen notwendig (SPOOR & SIMMONDS, 2001). Aber auch außerhalb des eigentlichen Zuchtprozesses führt eine zu schmale genetische Basis bei Kulturpflanzen zu einer hohen Verwundbarkeit, beispielsweise durch Krankheiten, bei uniformen Sorten (WALTHER et al., 1997).

Durch die Verwendung genetischen Materials, das derzeit nicht im Sortiment aktueller Sorten vorhanden ist, ist die Erhöhung der Variabilität bzw. Diversität möglich. Hier kommen pflanzengenetische Ressourcen in Frage. Zu den pflanzengenetischen Ressourcen zählt zunächst das Material, das in der heutigen Züchtung in der Regel auch eingesetzt wird: aktuelle Sorten, alte Sorten und spezielles genetisches Material, das auch Zuchtlinien und Mutanten mit einschließt. Ausgangsmaterial für neue Kreuzungsprogramme wird im Allgemeinen aus bewährten Zuchtsorten oder Linien aus der gleichen oder benachbarten Anbauregionen ausgewählt (FISCHBECK, 1985). Landsorten, Wildformen und Unkrautarten, die mit den Kulturarten verwandt sind, zählen ebenfalls zu den genetischen Ressourcen. Sie sind häufig dem primären Genpool zuzurechnen, d.h. frei mit der jeweiligen Kulturart kreuzbar. In diesen Genotypen finden sich Allele, die die genetische Diversität unserer aktuellen Kultursorten erhöhen können. Um dieses Potential nutzen zu können, ist die Erhaltung der gesamten genetischen Ressourcen einer Art von großer Bedeutung (BECKER, 1993, NEVO, 1998).

VAVILOV (1940) wies schon früh auf das Potential verwandter Arten, als Ressource zur Verbesserung landwirtschaftlicher Nutzpflanzen hin. Seit dieser Zeit wurde damit begonnen, pflanzengenetische Ressourcen in Genbanken zu sammeln. In den letzten Jahrzehnten hat das Bewusstsein über deren Bedeutung zugenommen und große Mengen genetischen Materials wurden gesammelt (ENGELS, 2002). Weltweit sind heute mehr als sechs Millionen Akzessionen in Genbanken (ex situ) gelagert. Trotz hoher Investitionen in den Bereichen Charakterisierung, Evaluierung und Dokumentation wird das gelagerte Material vieler Genbanken kaum genutzt (FAO, 1998).

Es gibt zahlreiche Ursachen für die geringe Nutzung der umfangreichen Ressourcen in den Genbanken. Lange Zeit stand die Sammlung einer möglichst großen Anzahl von Akzessionen im Zentrum des Interesses, häufig wurde kein durchgängiges Dokumentationssystem benutzt und die einzelnen „Sammler“ dokumentierten nur die Angaben, die ihnen wichtig erschienen (VAN HINTUM, 1997). Häufig fehlen also Angaben, die eine Einordnung der Akzessionen,

beispielsweise anhand der geographischen Herkunft, ermöglichen (SPAGNOLETTI ZEULI & QUALSET, 1987). Der Grad der Diversität der eingelagerten Genotypen ist häufig nicht ausreichend bekannt, wodurch der Züchter nur selten gezielt möglichst unterschiedliche Akzessionen für die Suche nach interessanten Merkmalen auswählen kann.

Die genetische Diversität bzw. Verwandtschaftsbeziehungen können mittlerweile mit Hilfe von Markern beschrieben werden (FIGLIUOLO & SPAGNOLETTI ZEULI, 2000), diese Verfahren sind aber aufwendig und teuer.

Ein weiteres Problem stellt die Evaluierung agronomisch wichtiger Merkmale dar. Bei der Vielzahl der vorhandenen Akzessionen ist es kaum möglich, den Ertrag oder die Krankheitsresistenzen der einzelnen Genotypen zu überprüfen. Auch unter diesem Aspekt kann der Züchter häufig keine gezielte Auswahl treffen.

Mittlerweile wurden diese Probleme erkannt und es werden Strategien angewandt, um sie zu lösen. Einen Lösungsansatz stellen die sogenannten Core Collections da. Eine solche Core Collection besteht aus einer Auswahl von Genotypen aus dem gesamten Material der Genbank. Diese Auswahl soll repräsentativ sein und die Diversität des gesamten Materials möglichst gut erfassen (FRANKEL & BROWN, 1984). Die Auswahl kann theoretisch anhand morphologischer Merkmale oder geographischer Herkunft erfolgen, wird aber durch die Fortschritte bei der Feststellung von Verwandtschaftsbeziehungen mit Markern vermehrt unmittelbar anhand genetischer Daten vorgenommen. Die Auswahl einer Core Collection bietet den Vorteil, dass eine vergleichsweise umfassende Charakterisierung der geringen Zahl an Akzessionen stattfinden und beim Einsatz der genetischen Ressourcen für bestimmte Zwecke eine fundierte Auswahl erfolgen kann.

Zusammenfassend kann festgehalten werden, dass in Genbanken heute zahlreiche Akzessionen lagern, die zur Erhöhung der genetischen Diversität beitragen könnten. Diese Genotypen werden in der Regel kaum verwendet, da sie häufig unzureichend dokumentiert und evaluiert sind. Es müssen einerseits Prozesse wie z.B. die Dokumentation in den Genbanken optimiert werden, andererseits muss die Zusammenarbeit mit Züchtern und Forschern verstärkt werden (ENGELS, 2002). Es kann davon ausgegangen werden, dass trotz aller positiven Entwicklungen in den Genbanken, der Züchter noch lange Zeit „blind“ Akzessionen auswählen muss, wenn er nach neuen Allelen sucht.

2.5 Verwendung genetischer Ressourcen

Wie im vorangegangenen Kapitel erläutert, bergen eine zu schmale genetische Basis und mangelnde genetische Diversität Risiken. Zur Erhöhung der genetischen Diversität können Gene eingebracht werden, die im heutigen Kultursortenspektrum nicht enthalten sind. Solche

Gene finden sich in pflanzengenetischen Ressourcen, nicht nur in Landsorten, sondern auch in Wild- und Unkrautarten, sogenanntem „exotischem“ Material.

Der Begriff „exotisches“ Material wird definiert als all jenes Material, welches keinen direkten agronomischen Nutzen, ohne vorherige Selektion und Adaption an die gegebenen Produktionsflächen, hat (HALLAUER & MIRANDA, 1981). Genotypen, die keinen direkten agronomischen Nutzen ohne vorherige Selektion und Adaption aufweisen, zeigen Eigenschaften, die im Verlauf der Domestikation bewusst eliminiert wurden, z.B. Spindelbrüchigkeit. Die Kreuzung mit solchem exotischen Material erhöht zwar die Variabilität, wird in der Regel aber dazu führen, dass zunächst eine Vielzahl unerwünschter Eigenschaften in die Kulturpflanze eingebracht wird. Dieser ungünstige genetische Hintergrund kann auch die Effekte positiver Allele überdecken, so dass sie nicht erkannt werden. Der Einsatz von Wild- und Unkrautarten wirft somit für den Züchter Probleme auf.

Hinzu kommen die Schwierigkeiten bei der gezielten Auswahl geeigneter Kreuzungseltern aus den Wildformen. Wie im vorangegangenen Kapitel erläutert, ist die Datengrundlage der Genbanken häufig schwer zugänglich und die Informationen sind nicht ausreichend, um eine fundierte Auswahl zu treffen.

Bei der Betrachtung dieser Probleme und dem hohen Aufwand, den die Verwendung exotischen Materials mit sich bringt, stellt sich die Frage, welches Potential beispielsweise Wildformen zur Verbesserung unserer heutigen Hochleistungssorten haben und ob es Beispiele für eine erfolgreiche Verwendung gibt.

Exotische Genotypen werden bereits seit vielen Jahren zur Verbesserung verschiedener Eigenschaften, vor allem im Bereich der Krankheitsresistenzen, der Adaptionsfähigkeit und zur Erzeugung von CMS (Cytoplasmatische Männliche Sterilität) genutzt. Einige Beispiele für eine erfolgreiche Integration von Eigenschaften aus exotischen Formen in Kulturpflanzenarten sind in der nachstehenden Tabelle dargestellt.

Die meisten der in Tabelle 1 aufgeführten Merkmale zeigen eine qualitative Merkmalsvariation und werden monogen vererbt. Solche Merkmale bieten dem Züchter einige Vorteile. Sie sind gut zu erkennen, da eine bestimmte Merkmalsausprägung entweder vorhanden ist oder nicht und sie sind auch in einem ungünstigen genetischen Hintergrund, z.B. einer Wildform mit negativen agronomischen Eigenschaften sichtbar. Die Introgression der Eigenschaft wird dadurch erleichtert, dass erfolgreiche Kreuzungen vergleichsweise einfach erkannt werden, aber auch, da nur einzelne Gene in die Kulturpflanze eingebracht werden müssen. Bei Merkmalen, deren Ausprägung auf vielen verschiedenen Genen beruht, kann es bei Kreuzungen dazu kommen, dass nur ein Teil der relevanten Gene in einer bestimmten

Kreuzung eingebracht wird, bzw. bei Rückkreuzungen neben unerwünschten Allelen auch einzelne für das Merkmal relevante Gene zunächst unerkannt verloren gehen.

Tab. 1: Beispiele für die züchterische Übertragung von Eigenschaften aus pflanzengenetischen Ressourcen zur Verbesserung der Sorten von Acker - , Grünland - und Gemüsepflanzen (aus BML, 1996).

Kulturart	Züchterisch eingebrachte Eigenschaft	Quelle der Eigenschaft
Weizen	Mehltauresistenz	<i>Triticum dicoccoides</i> , <i>Aegilops</i> - Arten
	Resistenzen gegen <i>Fusarium</i> und <i>Septoria</i>	Südamerikanische und ostasiatische Landsorten
	Resistenz gegen Halmbruch	<i>Aegilops ventricosa</i>
	Resistenz gegen Gelbrost	<i>Triticum dicoccoides</i>
	Resistenz gegen Braunrost	<i>Triticum</i> ssp., <i>Secale cereale</i>
Gerste	Resistenz gegen Mehltau und Zwergrost	<i>Hordeum spontaneum</i> , Gersten aus Ostafrika und Vorderasien
	Resistenz gegen Gelbmosaikvirus	ostasiatische Landsorten
	Resistenz gegen <i>Rhynchosporium</i> und <i>Helminthosporium teres</i>	Genbank - Material
Beta - Rüben	Resistenz gegen <i>Heterodera schachtii</i>	Arten der Sektion <i>Procumbentes</i>
	Resistenz gegen <i>Rizomania</i> Virus	<i>Beta vulgaris</i> ssp.
	CMS (Cytoplasmatische Männliche Sterilität)	<i>Beta vulgaris</i> ssp.
Kartoffeln	Resistenz gegen <i>Globodera pallida</i> und <i>Globodera rostochiensis</i>	<i>Solanum vernei</i>
Raps	Glukosinolatarmut	Polnische Sommerraps - Landsorte
	Resistenz gegen Kohlhernie	Wildformen und Linien von Wildkohl und Rüben
	Polima CMS	Asiatische oder osteuropäische <i>Brassica</i> Herkünfte
Sonnenblume	Resistenz gegen <i>Phomopsis</i> und <i>Plasmopara heli.</i>	<i>Helianthus</i> - Wildarten aus Osteuropa u./o. Amerika
Grünland	Verbesserung der Wüchsigkeit, Erweiterung der phänologischen Spannweite, Kältetoleranz, Strapazierfähigkeit	Autochtones Material aus Gebieten mit entsprechendem Selektionsdruck
Gemüse	CMS bei Kohl, Möhre, Porree etc.	Aus unkreuzbaren Wildarten

Gerade im Bereich der Krankheitsresistenzen wird häufig auf die Introgression monogen vererbter Merkmale zurückgegriffen. Die am weitesten verbreiteten und untersuchten Resistenzen sind rassenspezifische Resistenzen, die auf einer hypersensitiven Reaktion der Pflanze beruhen. Dutzende rassenspezifischer Resistenzgene konnten bereits isoliert werden (DANGL & JONES, 2001). Gerade dieser Resistenzmechanismus wird aber schnell durchbrochen (LINDHOUT, 2002). Der geringere Aufwand bei der Züchtung wird entsprechend durch den Zwang, häufiger neue Resistenzen zur Verfügung stellen zu müssen, kompensiert. Um stabile Resistenzen zu erhalten, wird u.a. eine Pyramidisierung einzelner Resistenzgene in einzelnen Genotypen in Betracht gezogen (BECKER, 1993).

Eine weitere Option stabile Resistenzen zu erhalten, bieten horizontale Resistenzen, die eine quantitative Merkmalsausprägung und eine polygene Vererbung aufweisen.

Sogenannte quantitative Merkmale sind aber nicht nur bei Krankheitsresistenzen von Bedeutung; eine Vielzahl agronomisch bedeutender Merkmale werden ebenfalls polygen vererbt. Das bekannteste, aber nicht das einzige Beispiel für quantitative Vererbung ist der Ertrag, der zugleich meist das wichtigste Zuchtziel darstellt.

2.6 Nutzung exotischen Materials in der Gerstenzüchtung

Nach Schätzungen von VAN HINTUM und MENTING (2003) werden weltweit 371.000 *Hordeum* Akzessionen in Genbanken gelagert. In der kanadischen Genbank (Plant Gene Resources of Canada, Saskatoon Research Centre) befinden sich über 40.000 Akzessionen, weitere umfangreiche Sammlungen befinden sich in den Genbanken der USA (USDA National Small Grain Collection, Aberdeen), Syriens (International Centre of Agricultural Research in Dry Areas, Aleppo) und in Großbritannien (John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich). In Deutschland befindet sich die größte Kollektion im Institut für Pflanzen-genetik und Kulturpflanzenforschung in Gatersleben.

Nach VAN HINTUM und MENTING (2000) gehören weltweit 88 % der konservierten Gerstenakzessionen zu den Kulturgersten, die übrigen Akzessionen gehören dem Formenkreis *Hordeum spontaneum* (32.977 Akzessionen), der Wildart *Hordeum bulbosum* (1.367 Akzessionen) und den Wildarten des tertiären Genpools (4.672 Akzessionen) an.

Mit Hilfe dieser umfangreichen genetischen Ressourcen konnte in etlichen Fällen die Verbesserung qualitativer Merkmale, die in der Wildform zu erkennen sind und eine Selektion am Phänotyp ermöglichen, erfolgreich durchgeführt werden.

Bei der Gerste werden, wie bei den übrigen Kulturarten, zahlreiche agronomisch wichtige Merkmale nicht nur monogen, sondern polygen beeinflusst. Wichtige Zuchtziele in der heutigen Gerstenzüchtung sind, neben Krankheitsresistenzen, Qualitätsmerkmale wie Proteingehalte und -zusammensetzung oder Merkmale, die einen Einfluss auf die Malzqualität haben (VAN HINTUM, 1994). Auch bei diesen Merkmalen zeigt exotisches Material Potential zur Merkmalsverbesserung.

ZELLER (1998) gibt eine Übersicht über zahlreiche Resistenz- und Toleranzgene gegen biotische und abiotische Stressfaktoren, die sich in *Hordeum* - Wildarten finden. Seit der Entdeckung von Resistenzen gegen echten Mehltau (MOSEMAN et al., 1965) in *Hordeum spontaneum* in den 60er Jahren, wurden weitere Resistenzen gegen Mehltau (FISCHBECK et al., 1976, FISCHBECK & JAHOR, 1991, SCHÖNFELD et al. 1996), Zwergrost (ANIKSTER et al., 1975, FEUERSTEIN et al., 1990, MOSEMAN et al., 1990, JANA & NEVO, 1991), *Rynchosporium* - Blattflecken (BROWN et al., 1996, GARVIN et al., 1997),

Drechslera - Netzflecken (SATO & TEKEDA, 1997) und gegen das Gerstengelbmosaikvirus (ORDON, 1998) entdeckt und erfolgreich in Kulturgerstensorten eingekreuzt.

Toleranzen gegen abiotische Stressfaktoren wurden ebenfalls in *Hordeum spontaneum* entdeckt, hierzu gehören Toleranzen gegen Trockenheit (GRANDO & CERCARELLI, 1995, HADJICHRISTODOULOU, 1996, FORSTER et al., 2000), hohe Salzgehalte in Böden (FORSTER et al., 1997, ELLIS et al., 2000) und Frost (CROSATTI et al., 1996). MCGREGOR und FINCHER (1993) weisen auch auf die Bedeutung von *H. spontaneum* zur Verbesserung von Inhaltsstoffen, wie z.B. der Erhöhung des (1 - 3) (1 - 4) - β - D - Glukangehalts, hin. Auch der Proteingehalt von *H. spontaneum* Linien kann deutlich über dem kultivierter Gerste liegen (BHATTY, 1993).

2.7 Züchtung und quantitative Merkmale

Die Kreuzungsexperimente, die Mendel an Erbsen durchführte, stellen die Basis unseres heutigen Wissens über Genetik dar. Seine Theorien setzten sich zunächst nicht durch, unter anderem, weil seine Vererbungslehre auf zahlreiche wichtige Merkmale, die wir heute als quantitative, polygen vererbte Merkmale kennen, nicht anwendbar war.

Diese Merkmale, zu denen zahlreiche agronomisch bedeutende Merkmale gehören, zeigen eine kontinuierliche Variation, die scheinbar nicht mit den Ergebnissen Mendels übereinstimmte. NILSON - EHLE (1909) führte Anfang des letzten Jahrhunderts die komplexe Vererbung eines quantitativen Merkmals auf die gemeinsame Wirkung mehrerer voneinander unabhängiger Gene zurück. Zeitgleich zeigte JOHANSEN (1903, 1909), dass eine kontinuierliche Variation sowohl genetisch als auch durch Umwelteinflüsse bedingt sein kann. Durch diese Arbeiten wurden vermeintliche Widersprüche zwischen Mendels Theorien und der quantitativen Vererbung aufgelöst und wichtige Grundlagen für das Verständnis der quantitativen Genetik wurden geschaffen.

Bei der züchterischen Bearbeitung qualitativer Merkmale ist an der Merkmalsausprägung im Allgemeinen leicht erkennbar, ob der gewünschte Genotyp vorliegt. Bei quantitativen Merkmalen liegt eine kontinuierliche Variation einer Merkmalsausprägung vor. Sie kann sowohl genetisch bedingt als auch auf Umweltwirkungen oder sogar auf Wechselwirkungen zwischen Genotyp und Umwelt zurückzuführen sein. Ein Schwerpunkt der quantitativen Genetik liegt in der Entwicklung von Methoden, die eine Trennung dieser Effekte ermöglichen.

Gleichzeitig kann die Beteiligung, die Wirkung und der Einfluss einzelner Gene bzw. Allele bei polygenen Erbgängen kaum nachvollzogen oder quantifiziert werden. In der Praxis bedeutet dies, dass der Züchter weder weiß, wie viele Gene bzw. Allele er berücksichtigen

muss, noch ob einige davon einen größeren Einfluss als andere haben. Dementsprechend ist für den Züchter kaum festzustellen, ob er Gene, die zu einer positiven Merkmalsausprägung beitragen, „verloren“ hat, wie bedeutend sie tatsächlich sind und ob andere Allele möglicherweise günstiger sind. Dem Züchter Methoden zur Verfügung zu stellen, um diese Fragen zu beantworten, ist Aufgabe der quantitativen Genetik.

2.8 Einsatz von DNA - Markern zur Züchtung mit exotischem Material

Gerste dient seit langem in der Züchtungsforschung als Modellpflanze. Gründe hierfür liegen in ihrer diploiden autogamen Vererbung, den relativ großen, leicht unterscheidbaren Chromosomen (6 - 8 μm), einem hohen Grad an natürlicher oder künstlich erzeugter Variation, der leichten Kreuzbarkeit, der einfachen Erzeugung von Doppelhaploiden, der weltweiten Adaptierbarkeit und dem relativ begrenzten Platzanspruch (KLEINHOFFS, 2000). Ebenfalls zu nennen sind die kurze Vegetationszeit, die Verfügbarkeit exotischen Materials, das dem primären Genpool zugerechnet werden kann und eine hohe Syntenie zu Weizen.

Neben diesen Vorzügen sind für Gerste zahlreiche molekularbiologische Methoden etabliert, die in der heutigen Forschung bei der Entdeckung und Introgression günstiger Allele in Kulturformen eine zentrale Rolle spielen.

Die Erzeugung transgener Gerste ist mittels Mikroprojektilbeschuss (JÄHNE et al. 1994, WAN & LEMEAUX, 1994), Protoplastentransformation (ZHANG et al., 1995) und mit Hilfe von *Agrobacterium tumefaciens* - Infektionen (TINGAY et al., 1997, PATEL et al., 2000) erfolgreich durchgeführt worden. PILLEN (2001) gibt einen Überblick über weitere Methoden der modernen Genomforschung, hierzu zählt ein Transposon - Tagging - System (KOPREK et al., 2000). Mit der systematischen Erzeugung von Transposon - induzierten Insertionsmutanten können durch das Ausschalten (WISMAN et al., 1998) oder die Überexpression eines Gens (WEIGEL et al., 2000) Erkenntnisse über die Funktionen bestimmter Gene gewonnen werden.

DNA - Marker, ein mittlerweile unentbehrliches Werkzeug in der Züchtungsforschung, werden ebenfalls erfolgreich bei Gerste angewandt. Mit Hilfe von DNA - Markern, vor allem den PCR - basierten Markersystemen, können beispielsweise Verwandtschaftsbeziehungen zwischen Gerstensorten oder Akzessionen charakterisiert werden (PILLEN, 2000), eine Anwendung, die unter anderem für Genbanken von großer Bedeutung ist.

Eine weitere wertvolle Anwendung der DNA - Marker ist die markergestützte Selektion („marker - assisted selection“) (DEKKERS & HOSPITAL, 2002). Sie wird in der Pflanzenzüchtung als indirekte Methode zur Selektion gewünschter Eigenschaften mit Hilfe von genetisch gekoppelten DNA - Markern eingesetzt (MELCHINGER, 1990).

Hierbei werden die DNA - Marker wie ein Etikett für wirtschaftlich interessante Gene verwendet, mit denen sie gekoppelt sind. Diese Gene können grundsätzlich sowohl monogen vererbte Merkmale (PILLEN et al., 1994, PILLEN et al., 1996, GRANER et al. 1999, WEHLING, 1997) als auch polygen vererbte Merkmale (PILLEN et al., 1998, MELCHINGER et al., 1998) beeinflussen.

Die markergestützte Selektion (MAS) bietet für qualitativ vererbte Merkmale vor allem die Möglichkeit frühzeitig und mit geringem Aufwand geeignete Kreuzungen anhand der genetischen Information zu erkennen.

Um Erfolge bei der MAS für polygen vererbte Merkmale zu erzielen, wurde die sogenannte QTL - Analyse etabliert. Der Begriff QTL, bzw. „quantitative trait locus“, geht auf GELDERMANN (1975) zurück. Der Autor beschreibt damit einen Genort, der mit einem spaltenden Marker assoziiert ist, wobei dieser Locus an der Ausprägung eines quantitativ vererbten Merkmals beteiligt ist. Bei der QTL - Analyse werden Merkmalseffekte, die phänotypisch nicht voneinander zu unterscheiden sind, durch eine Charakterisierung auf DNA - Ebene beschrieben und mit geeigneten statistischen Methoden wird der individuelle Beitrag jedes einzelnen Genes aufgedeckt (BINDER, 2001).

Speziell zur Detektion agronomisch vorteilhafter QTL - Allele in exotischem Material, wie Wildformen, wurde die Methode der AB - QTL - Analyse entwickelt. Die AB - QTL - Analyse oder „advanced backcross QTL analysis“ wurde von TANKSLEY und NELSON (1996) vorgestellt. Der Unterschied gegenüber der QTL - Analyse liegt darin, dass die AB - QTL - Analyse erst in späteren Rückkreuzungsgenerationen durchgeführt wird. Der Anteil des Wildgenoms ist in solchen Generationen entsprechend geringer, wodurch mögliche Interaktionen zwischen nicht gekoppelten Wildallelen tendenziell reduziert werden und die Größe der einzelnen zusammenhängenden Wildart - Chromosomensegmente geringer ist. Hierdurch reduziert sich der „linkage drag“, die introgressierten DNA - Segmente sind in der Regel kleiner und tragen weniger unerwünschte Gene (PILLEN, 2001).

Mittlerweile liegen auch für die selbstbefruchtende Art Gerste Erfahrungen mit der AB - QTL - Analyse vor. Die erste AB - QTL - Analyse bei Sommergerste wurde an zwei Rückkreuzungspopulationen (BC₂) mit dem gleichen Wildelter (ISR 101 - 23) und zwei unterschiedlichen rekurrenten Kultureltern (Harry, Apex) durchgeführt (ZACHARIAS, 2001). Untersucht wurden agronomisch wichtige quantitative Merkmale, z.B. Pflanzenhöhe, Ertragsstrukturmerkmale, Ertragshöhe.

Für das Merkmal Flächenertrag konnte von ZACHARIAS (2001) in beiden Rückkreuzungspopulationen insgesamt drei Markerregionen detektiert werden, die durch die Allelsub-

stitution mit der Wildform zu einem Anstieg des Ertrages über das Leistungsniveau des homozygoten Kulturformallels in der Rückkreuzungspopulation führten. Obwohl in beiden Rückkreuzungspopulationen der Wildelter ISR 101 - 23 als Donor verwendet wurde, konnte nur bei einer dieser gefundenen Markerregionen für beide Populationen ein signifikantes Ergebnis nachgewiesen werden. Bei dieser Markeregion zeigte sich allerdings für eine Rückkreuzungspopulation eine ertragssteigernde und für die andere eine ertragssenkende Wirkung. Weitere günstige *H. spontaneum* Allele konnten für andere Merkmale nachgewiesen werden. PILLEN et al. (2003) untersuchten 13 Merkmale, bei sieben konnten insgesamt 29 günstige *H. spontaneum* Allele in 86 detektierten QTL gefunden werden. Ertragszuwächse zwischen 2,7 und 10,9 % in sechs Umwelten, im Mittel über alle Umwelten 7,7 %, konnten auf *H. spontaneum* Allele am Locus GMS89_[4H] zurückgeführt werden.

AB - QTL - Analysen in Gerste wurden bisher meist mit segregierenden Populationen durchgeführt. Die Genotypisierung wurde in der BC₂F₂ und die Phänotypisierung in BC₂F₂ abgeleiteten Populationen durchgeführt, d.h. die im Feldversuch erhobenen Daten wurden an unterschiedlichen Genotypen erhoben. Durch Verwendung von Doppelhaploiden (DH) kann gewährleistet werden, dass identische Genotypen zur Phänotypisierung zur Verfügung stehen. MOHAMMED (2004) hat die AB - QTL - Analyse zur Untersuchung von Toleranz gegenüber Hitze - und Trockenstress angewandt. Untersucht wurden DH - Linien aus der BC₂ einer Rückkreuzungspopulation mit einem rekurrenten Kulturelter (Scarlett) und einem Wildelter (ISR - 42 - 8, *Hordeum spontaneum*). Für die Merkmale Toleranz gegenüber Trockenstress bzw. Hitzestress wurden 20 bzw. 34 putative QTL gefunden. Es wurden insgesamt 30 vorteilhafte QTL - Effekte der *H. spontaneum* Allele entdeckt, davon 14 für das Merkmal Trockentoleranz.

In einer weiteren Studie wurde die AB - QTL - Analyse, ebenfalls unter Verwendung von BC₂DH - Linien, eingesetzt um QTL zur Verbesserung agronomischer Merkmale und Krankheitsresistenzen zu finden (VON KORFF, 2005). Hier wurden zwei rekurrente Kultureltern (Scarlett, Thuringia) mit einem Wildelter (ISR 42 - 8) gekreuzt. Eine positive Wirkung des exotischen Materials konnte bei 33 der 93 detektierten QTL für agronomische Merkmale und bei elf der 18 gefundenen QTL für Krankheitsresistenzen nachgewiesen werden. Auch hier konnten, obwohl der gleiche Wildelter als Donor eingesetzt wurde, die gleichen QTL mit positiver Wirkung nur zum Teil in beiden Populationen nachgewiesen werden.

Diese Arbeiten bestätigen, dass auch in züchterisch intensiv bearbeiteten Hochleistungssorten eine Verbesserung verschiedenster Merkmale durch wenig angepasstes exotisches Material

möglich ist. Auch bei selbstbefruchtenden Arten, bei denen Heterosis - Effekte nicht nutzbar sind, liegen günstige Allele in Wildformen vor.

Durch die Verwendung von Methoden der MAS, insbesondere der AB - QTL - Analyse können solche Allele in exotischem Material identifiziert und genutzt werden. Es besteht die Möglichkeit zu überprüfen, ob das gewünschte Allel in einem bestimmten Genotyp vorhanden ist und zwar auch bei Merkmalen wie Karyopsenertrag anhand des Blattmaterials. Es kann somit darauf verzichtet werden, einen vollständigen Vegetationszyklus zu durchlaufen. Damit kann der Zuchtgang erheblich verkürzt werden.

Die MAS hat gegenüber der klassischen Züchtung allerdings nicht nur Vorteile, sondern auch etliche Nachteile. Die Laboranalyse der Marker ist in der Regel deutlich aufwendiger und teurer als die Bestimmung der phänotypischen Merkmale. Die Methoden in diesem Bereich werden ständig verbessert. Microarrays, um Genotypen mit geringem Aufwand auf interessante neue Allele für verschiedene agronomisch wichtige Gene zu überprüfen, liegen vor, kosten aber ca. 400 US\$ (CYRANOSKI, 2003).

Um QTL zu detektieren und eine Aussage über ihre Wirkung treffen zu können, müssen zunächst phäno - und genotypische Daten gesammelt werden, die dann mit Hilfe geeigneter statistischer Methoden ausgewertet werden. Hier zeigt sich, dass gerade in Rückkreuzungspopulationen, in denen der Anteil des exotischen Genoms gering ist, eine ausreichende Populationsgröße zur Detektion von QTL von großer Bedeutung ist. In der Arbeit von VON KORFF (2005), in der zwei Rückkreuzungspopulationen mit einer unterschiedlichen Anzahl an DH - Linien (301/84) untersucht wurden, wurde gezeigt, dass die Anzahl der detektierten QTL in der kleineren Population erheblich geringer war und QTL mit kleineren Effekten selten gefunden wurden.

Wenn QTL anhand einer Population detektiert wurden und diese Informationen bei anderen Populationen angewendet werden sollen, kommt es zum Teil zu erheblichen Problemen bei der Übertragbarkeit. Die aufwändigen Vorarbeiten müssen also unter Umständen für neue Populationen mit anderen Kreuzungseltern erneut durchgeführt werden. Bei ZACHARIAS (2001) zeigte sich beispielsweise für den Marker GMS001 für die zwei untersuchten Populationen mit unterschiedlichen rekurrenten Kultureltern einmal eine ertragssteigernde und einmal eine ertragssenkende Wirkung, obwohl der gleiche Wildelter als Donor diente. Probleme mit der Übertragbarkeit von QTL treten aber auch in Kreuzungen auf, in denen ausschließlich adaptiertes Material verwendet wird. BACKES et al. (2001) untersuchten in DH - Linien aus Kreuzungen zwischen den Braugersten Alexis und Regatta bzw. Alexis und Golf mit Hilfe von QTL - Analysen Parameter, die Einfluss auf die Mälzung haben. Sie

konnten nur eine geringe Anzahl gemeinsamer QTL in den untersuchten Populationen finden und stellten sogar fest, dass die Beeinflussung der QTL in der Population Regatta x Alexis durch Umwelteffekte so groß war, dass es nicht möglich war, alle QTL in mehr als einer der drei Umwelten nachzuweisen.

Ein weiterer Nachteil der MAS liegt darin, dass die Marker der detektierten QTL sich im Verlauf des Zuchtgangs von den interessierenden Genen entkoppeln können, vor allem bei quantitativ vererbten Merkmalen, die von zahlreichen Genen beeinflusst werden (CYRANOSKI, 2003).

Es wäre zu vermuten, dass ein Teil dieser Probleme lösbar wäre, wenn ausreichend Informationen zu den relevanten Loci zur Verfügung stehen würden, wodurch es zu einer Zunahme der Vorteile gegenüber der klassischen Züchtung käme. BERNADO (2001) hat mit Hilfe von Simulationen die Selektionseffizienz bei einem unterschiedlich hohen Prozentsatz bekannter Loci, jeweils mit und ohne Einbeziehung genotypischer Informationen, für ein Merkmal überprüft. Anhand seiner Berechnungen zeigte sich, dass für F_2 -abgeleitete Inzuchtlinien, bei denen keine Heterosis auftritt und die, wie Selbstbefruchter, weitgehend homozygot sind, die Selektionseffizienz bei der Berücksichtigung genotypischer Daten um maximal 14 % zunahm, wenn dreißig von hundert Loci bekannt waren. Sobald alle 100 Loci bekannt waren, kam es zu einer Verringerung der Selektionseffizienz bei Berücksichtigung genotypischer Daten um 71 %, verglichen mit einer Selektion, die nur auf phänotypischen Daten beruht.

Eine Ursache für die verringerte Präzision bei der Schätzung der Geneffekte liegt in der Populationsgröße, die bei einer größeren Anzahl bekannter Loci hinreichend groß sein muss. Eine Vergrößerung der Population verbessert aber auch die Selektion, wenn nur phänotypische Daten verwendet werden.

Insgesamt zeigt sich, dass der Einsatz von DNA Markern in vielen Bereichen dazu beitragen kann, wichtige Allele in exotischem Material aufzuspüren und die Introgression in die adaptierte Form zu beschleunigen (KNIGHT, 2003), dabei wird aber auch deutlich, dass eine Ergänzung der MAS mit klassischen Selektionsmethoden unentbehrlich ist. Gerade beim Umgang mit exotischem Material ist der Einsatz aller verfügbaren Methoden von Bedeutung und wird bei Nutzung genetischer Ressourcen zunehmend berücksichtigt, wie beispielsweise die Vorgehensweise an der BAZ zeigt.

Genetische Ressourcen werden an der BAZ zur Erstellung von Basismaterial unter den Aspekten „Gesunde Pflanze“, „Produktqualität“ und „Nachwachsende Rohstoffe“ im Hinblick auf eine Reihe von landwirtschaftlichen Kulturarten züchterisch erschlossen. Dazu

muss das gegenwärtig verfügbare Spektrum an Züchtungsmethoden genutzt werden (Abb. 1). Die verschiedenen biotechnologischen und molekularen Verfahren stellen in der Regel flankierende Maßnahmen dar, die Hand in Hand gehen müssen mit klassischen Züchtungsmethoden, welche unter Berücksichtigung der Befruchtungsbiologie der zu bearbeitenden Kulturart auszugestaltet sind, wie z.B. Rückkreuzungsprogramme oder rekurrente Selektionsprogramme (WEHLING, 2002).

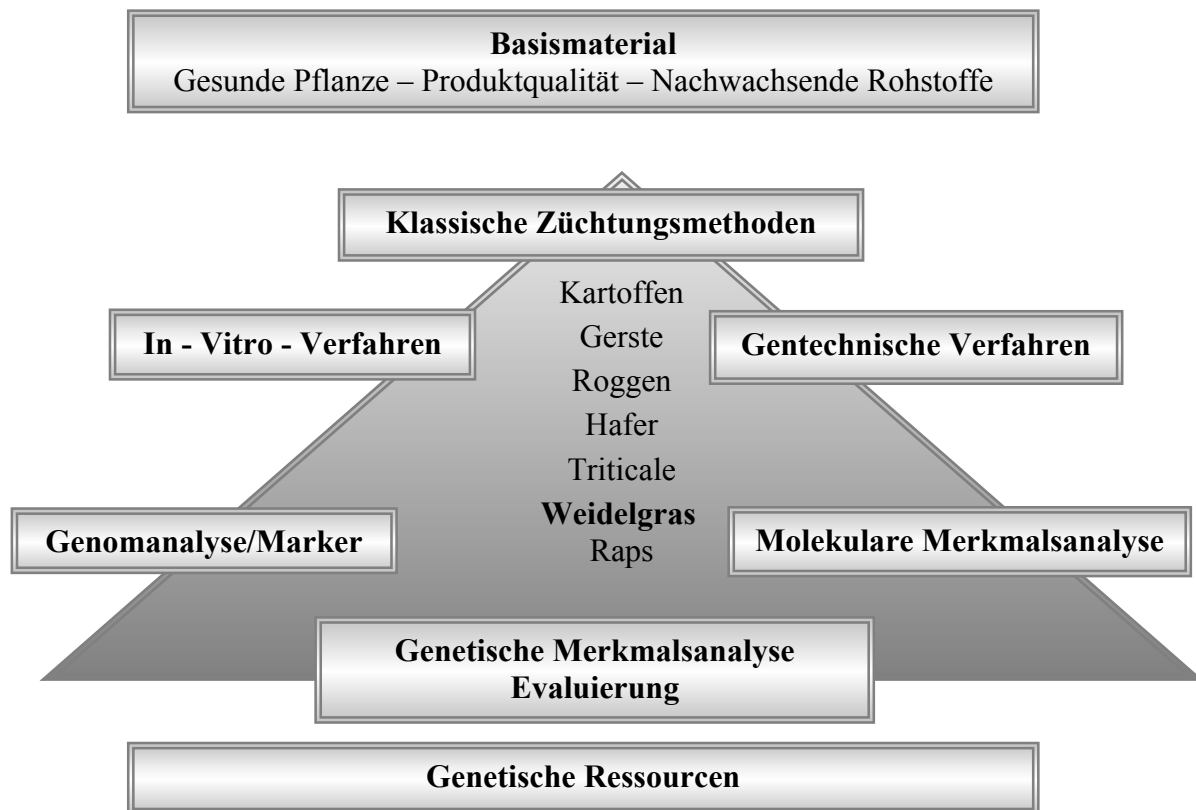


Abb. 1: Integrierte Anwendung aktueller Methoden der Züchtungsforschung zur Erschließung genetischer Diversität (nach WEHLING, 2002)

2.9 Strategien der klassischen Züchtung bei der Verwendung exotischen Materials

Exotisches Material beinhaltet zahlreiche vorteilhafte Allele und ist zur Verbreiterung der genetischen Basis von Bedeutung. In der Vergangenheit wurde es erfolgreich zur Verbesserung unserer modernen Hochleistungssorten genutzt. Exotisches Material ist genetisch weit von heutigen Sorten entfernt und beinhaltet zahlreiche unerwünschte Gene. Gemessen an Kultursorten, ist bei einer Kreuzung, beispielsweise mit Wildformen, mit einem starken Leistungsabfall zu rechnen. Aus diesem Grund ist die Nutzung von Wildmaterial in der Gerstenzüchtung wenig verbreitet. Im Bereich der klassischen Züchtung gibt es bisher wenig

Untersuchungen zur Vererbung quantitativer Merkmale in genetisch weiten Kreuzungen zwischen *H. vulgare* und *H. spontaneum*.

RODGERS (1982) untersuchte Möglichkeiten der Verbesserung von Kulturgerste durch die Introgression genetischen Materials aus *H. spontaneum*. Er kreuzte neun zufällig ausgewählte *H. spontaneum* Linien aus dem mittleren Osten mit drei nordamerikanischen Kulturgerstensorten. Insgesamt wurden 21 Kreuzungskombinationen in einem unvollständigen Faktoriell bis zur BC₄ zurückgekreuzt. Die Vererbung verschiedener quantitativer Merkmale (z.B. Höhe, Stroh, Karyopsenertrag) wurde in Feldversuchen untersucht. Es zeigte sich, dass alle Wildgerstenlinien positive Allele für den Karyopsenertrag beitragen konnten. Für dieses Merkmal konnten positiv transgressive Nachkommen gefunden werden, d.h. Nachkommen deren Karyopsenertrag dem beider Eltern überlegen war. Der Anteil im Merkmal Karyopsenertrag transgressiver Linien stieg mit zunehmender Rückkreuzungsgeneration und erreichte in der BC₄ 9 % (Elternkontrolle: 3,5 %). In der BC₁, in der ein hoher Genomanteil der Wildeltern vorhanden ist, betrug der Anteil transgressiver Linien nur 1,2 %. Es zeigte sich, dass die Eigenleistung der Wildeltern zur Vorhersage der Leistung der Kreuzungsnachkommen geeignet war. Es ist anzumerken, dass in dem in der vorliegenden Arbeit vorgestellten Versuch die Ähren der Wildeltern nach der Blüte eingetütet wurden, um einen vorzeitigen Verlust der Karyopsen aufgrund von Spindelbrüchigkeit zu vermeiden. Die Leistungsvorhersage anhand früher Rückkreuzungsgenerationen erwies sich als wenig zuverlässig, auch bei schlechter Eigenleistung trat in späteren Rückkreuzungsgenerationen Transgression auf.

RODGERS (1982) konnte für die Merkmale Karyopsenertrag, Biomasse und Stroh eine vorwiegend additive Vererbung feststellen, bei anderen Merkmalen wie Pflanzenhöhe, Blühtermin oder Ährenschieben zeigten sich aber auch deutliche epistatische Wirkungen.

Durch die genetisch weite Kreuzung kam es zum Aufbrechen coadaptierter Genkomplexe, hiervon wurde beispielsweise der Blühtermin beeinflusst. Die Kreuzungsnachkommen blühten deutlich vor beiden Elterngruppen.

RASMUSSEN (2001), der in einer Arbeit zur Introgression von Genen aus einer zweizeiligen Gerste in eine sechszeilige ein Rückkreuzungsschema anwendete, stellte fest, dass in der BC₀ und BC₁ die erwartete deutliche Ertragsminderung auftrat. Bereits in der BC₂ wurde das Niveau der Kontrollparzellen, das zuvor nicht erreicht wurde, deutlich überschritten. RASMUSSEN (2001) weist daraufhin, dass Zuchtstrategien, die günstige Genkombinationen erhalten und gleichzeitig kleine Mengen des genetischen Materials des Donors einbringen, zu erheblichen Ertragssteigerungen führen können.

Um dieses Ziel zu erreichen, müssen in der Regel langwierige Rückkreuzungsprogramme zur Elimination der unerwünschten Eigenschaften durchgeführt werden. Im Vergleich zu Kreuzungen zwischen adaptierten Hochleistungsmaterial sind umfangreiche Vorarbeiten, die als pre - breeding bezeichnet werden, notwendig bis Material vorliegt, das zur Etablierung einer neuen Sorte geeignet ist.

In den oben genannten Untersuchungen lag die Zielsetzung darin, kleine Mengen genetischen Materials aus exotischem Material in adaptierte Kultursorten einzubringen und hierdurch einzelne vorteilhafte Allele oder Allelkombinationen, die vorher nicht im Kultursortiment enthalten waren, in einen leistungsfähigen genetischen Hintergrund einzubringen, um durch Selektion geeignete transgressive Nachkommenschaftslinien auszuwählen. Dieser Ansatz wird als Introgression bezeichnet und beinhaltet nach SIMMONDS (1993) durch Rückkreuzung einige wenige Gene, die eine gewünschte Merkmalsausprägung kontrollieren, in adaptiertes Material einzubringen, wobei eine angemessene Selektion im Lauf der Generationen durchgeführt wird. Die Strategie der Introgression kann durch die marker-gestützte Selektion unterstützt und gefördert werden.

Neben diesem Ansatz bietet die sogenannte Inkorporation eine weitere pre - breeding Strategie.

Ein Inkorporationsprogramm zeichnet sich dadurch aus, dass lokal adaptierte Populationen in großem Umfang entwickelt werden, die hinreichend leistungsfähig sind, um in adaptiertes Zuchtmaterial eingebracht zu werden. Die Zielsetzung liegt nicht in der Integration weniger vorteilhafter Allele und der Selektion der Genotypen, die diese vorteilhaften Allele tragen, sondern in einer Verbreiterung der genetischen Basis unter Einbeziehung einer Vielzahl von Eltern (SIMMONDS, 1993).

Ein solches Inkorporationsprogramm, dessen Zielsetzung nicht die Selektion einer oder mehrerer leistungsfähiger Sorten, sondern der Aufbau dynamischer Genpools war, wurde in Schweden durchgeführt (VETELÄINEN, 1994a). Hierbei stand der Aufbau kontinuierlich fortgeführter Populationen, in die vielversprechendes Material laufend eingekreuzt wird, im Vordergrund. Die Selektion geeigneter Genotypen erfolgte parallel und ebenfalls kontinuierlich. Innerhalb der Populationen selbst wurde nicht selektiert.

Im Rahmen der Erstellung dieser dynamischer Genpools untersuchte VETELÄINEN (1997) die agronomische Leistung von Nachkommen aus Kreuzungsprogrammen, die exotisches Material als Eltern enthielten. Es wurden Acht - Wegehybriden aus interspezifischen Kreuzungen zwischen *H. vulgare* und *H. spontaneum* mit einem Anteil von 26 - 50 % Wildgerstenallelen in Gewächshaus - und Feldversuchen evaluiert (VETELÄINEN, 1996). Die

Bewertung der Leistungsfähigkeit erfolgte über einen Index, in dem relevante agronomische Merkmale zusammengefasst wurden. Die *H. spontaneum* Linien hatten wie bei RODGERS (1982) eine ungünstige Merkmalsausprägung bei wichtigen agronomischen Eigenschaften. VETELÄINEN et al. (1997) konnte ebenfalls nachweisen, dass in den Nachkommenschaften mit *H. spontaneum* Linien Transgression bei einzelnen Nachkommen auftrat. Es konnte keine Beziehung der Elterneigenleistung zur Leistung der Nachkommen gefunden werden.

In Bezug auf den Blütetermin zeigte sich hier ebenfalls, dass die Kultureltern vor den Wildeltern, die Kreuzungsnachkommen allerdings vor beiden Elterngruppen blühten.

VETELÄINEN (1994b) kommt zu dem Ergebnis, dass *H. spontaneum* Linien Potential zur Verbesserung heutiger Kulturgersten und zur Verbreiterung der genetischen Basis zeigen, dieses aber nur im Rahmen langfristig angelegter Zuchtprogramme genutzt werden kann. In kurzfristigen Zuchtprogrammen sollte exotisches Material aufgrund zahlreicher unerwünschter Gene nicht eingesetzt werden.

Sofern Wildformen von Pflanzenzüchtern verwendet werden, müssen Möglichkeiten zur Optimierung der Zuchtstrategien gefunden werden. Hierzu gehört eine gezielte Auswahl der Eltern, vor allem der Donoren, verlässliche Informationen in welchen Generationen eine Selektion stattfinden kann und wie die Dimensionierung solcher Zuchtprogramme durchzuführen ist. Dies gilt gerade bei polygen vererbten Merkmalen.

Zu diesem Zweck wurden von COX (1984a, 1984b) theoretische Modelle zur Entwicklung der Mittelwerte und Varianzen in Rückkreuzungspopulationen entwickelt (s. Kap. 3.2.4). Die Übertragbarkeit dieser theoretischen Modelle in die Praxis und ihre Anwendung zur Vorhersage der Leistungen späterer Kreuzungsgenerationen anhand der Leistungen früher Generationen bzw. der Eltern, wurde von SCHACHT (1998) in interspezifischen Kreuzungen zwischen *H. vulgare* und *H. spontaneum* untersucht. Im Feldversuch wurden quantitative Merkmale untersucht und im Anschluss die genetischen Varianzen und Mittelwerte berechnet. Die empirisch ermittelten Werte wurden mit den theoretischen Erwartungen verglichen. Hierbei zeigte sich, dass für einige Merkmale die Abweichungen moderat waren, vor allem in späteren Rückkreuzungsgenerationen; aber für die Merkmale Tausendkornmasse, Biomasse, Trockenmasse zur Blüte, Pflanzenhöhe und Blühzeitpunkt waren erhebliche Abweichungen festzustellen. Die Berechnung der Korrelationen zwischen den Rückkreuzungsgenerationen für die Mittelwerte und Varianzen der einzelnen Merkmale zeigte, dass Prognosen aufgrund der BC₀ und BC₁ wenig zuverlässig waren.

Dennoch konnte von SCHACHT (1998) wertvolles Basismaterial durch die Einkreuzung der Wildgersten erzeugt werden, das transgressive Potential für das züchterisch sehr intensiv

bearbeitete Merkmal Karyopsenertrag wurde als vielversprechend eingestuft. Im Ergebnis rät der Autor von einer Auswahl der Wildeltern anhand der Eigenleistung für qualitativ vererbte Merkmale ab und schlägt eine Auswahl von Wildformen aufgrund ihrer Resistenz- und Qualitätseigenschaften vor. In dieser Arbeit wurden allerdings nur frühe Rückkreuzungsgenerationen untersucht, BC_0 bis BC_2 , möglicherweise wirken in diesen Generationen vermehrt epistatische Effekte im Zusammenhang mit Kopplungsphänomenen, die in späteren Generationen durch den erheblich verringerten Anteil an Wildformallelen nur noch eine unbedeutende Rolle spielen, so dass Prognosen für späte Rückkreuzungsgenerationen möglich sind.

Obwohl durch Kreuzungen mit exotischem Material auch quantitative Merkmale verbessert werden können, fehlt es nach wie vor an einer geeigneten Zuchtmethodik, um Zeit- und Arbeitsaufwand in vertretbaren Grenzen zu halten.

2.10 Ziele der Arbeit

In den vorangegangenen Kapiteln wurde die Bedeutung exotischen Materials in der heutigen Pflanzenzüchtung allgemein und am Beispiel der Gerste dargestellt. Durch Wildformen können auch unsere modernen Hochleistungssorten verbessert werden. Hierfür gibt es zahlreiche Beispiele, wobei in der Vergangenheit vor allem qualitativ vererbte Merkmale verbessert werden konnten. Aber auch für quantitative Merkmale, an deren Vererbung zahlreiche Gene beteiligt sind, zeigen Wildarten, auch im konkreten Beispiel Gerste, Potential zur Verbesserung züchterisch intensiv bearbeiteter Merkmale. Die genetische Diversität unserer modernen Hochleistungssorten ist stark eingeschränkt und mit den Wildformen kann eine Verbreiterung der schmalen genetischen Basis erreicht werden.

Die Verwendung exotischen Materials ist gerade bei der züchterischen Bearbeitung quantitativ vererbter Merkmale in der Praxis selten. Dies hängt einerseits mit Problemen seitens der Genbanken zusammen, schlechte Zugänglichkeit des Materials durch eine unzureichende Evaluierung und Dokumentation, aber andererseits sind Wildformen schlecht adaptiert und zeigen für viele agronomisch wichtige Merkmale eine ungünstige Merkmalsausprägung. Günstige Allele werden häufig vom ungünstigen genetischen Hintergrund der Wildformen überdeckt und dieser genetische Hintergrund führt bei Kreuzungen mit Kultursorten in der Regel zu einem starken Leistungsabfall, wodurch langwierige Zuchtprogramme durchgeführt werden müssen, bevor vielversprechende Genotypen erkannt werden können. Auch moderne Methoden wie die markergestützte Selektion bieten hier keine ausreichende Lösung, da sie teuer und arbeitsaufwendig sind.

Der Züchter benötigt Informationen zur Auswahl geeigneter Eltern, zur Planung und Dimensionierung geeigneter Kreuzungsprogramme und zur Auswahl des optimalen Zeitpunkts für die Evaluierung bzw. Selektion vielversprechender Genotypen.

In dieser Arbeit soll, mit Untersuchungen am Beispiel Gerste, dazu beigetragen werden, diese Fragen zu beantworten. Gerste ist als selbstbefruchtende und diploide Art und aufgrund der freien Kreuzbarkeit zwischen Kultur - und Wildgerste für zuchtmethodische Fragestellungen zur Introgression von Wildformallelen besonders geeignet. Anhand der Untersuchung von Rückkreuzungspopulationen aus *H. vulgare* x *H. spontaneum* sollen die folgenden Fragestellungen bearbeitet werden:

Wie ist die Eigenleistung der Wildformen bei agronomisch wichtigen Merkmalen unter Feldbedingungen im Vergleich zu den Kultursorten zu charakterisieren?

Wie sind die Mittelwerte und Varianzen der Nachkommen aus *H. vulgare* x *H. spontaneum* Kreuzungen im Vergleich zu den Elternsortimenten zu bewerten?

Ist eine empirische Verifizierung der theoretischen Erwartungen nach Cox für Mittelwerte und Varianzen als Basis für eine Prognose der Nachkommenschaftsleistung und so zur Auswahl geeigneter Eltern bzw. Kreuzungskombinationen möglich?

Ergibt die Berechnung allgemeiner und spezifische Kombinationseignungen Hinweise auf ein geeignetes Zuchtschema?

Können moderne Kulturgersten durch Allele aus *H. spontaneum* im Merkmal Karyopsenertrag verbessert werden und wie unterscheiden sich transgressive Linien von den jeweiligen Kultureltern?

Bietet die Eigenleistung der Wildformen oder die Leistung der Kreuzungsnachkommenschaften Anhaltspunkte zur Auswahl geeigneter Eltern?

In welcher Rückkreuzungsgeneration soll eine Evaluierung und Selektion der Kreuzungsnachkommen stattfinden?

3 Material und Methoden

Im folgenden Kapitel werden das verwendete Material und im Anschluss die eingesetzten Methoden vorgestellt.

3.1 Material

Im vorliegenden Kapitel erfolgt neben der Beschreibung des Standortes und der Witterung, eine

3.1.1 Standort

Die Feldversuche wurden in den Jahren 1999 und 2000 auf der Lehr- und Forschungsstation der Rheinischen - Friedrich - Wilhelms Universität, dem Dikopshof, angelegt. Der Dikopshof liegt im südlichen Teil der Köln - Aachener Bucht auf der Mittelterrasse des Rheins in einer Höhe von 62 m über NN. Als Bodentyp findet sich eine Parabraunerde aus umgelagertem Löß. Bei der Bodenart handelt es sich um humose, feinsandige Lehme. Die Bodenzahlen für das Ackerland liegen zwischen 77/84 und 83/94. Fast alle Schläge auf dem Dikopshof zeichnen sich durch ausgesprochen homogene Flächen aus, so dass auch flächenmäßig große Versuche durchgeführt werden können.

3.1.2 Witterung

Der Dikopshof unterliegt maritimen Klimaeinflüssen mit milden Wintern und Sommern. Die Jahresdurchschnittswerte liegen bei einer Temperatur von 9,7 °C , einem Jahresniederschlag von 630 mm und einer Sonnenscheindauer von 1245 h. In der folgenden Abbildung sind die Witterungsdaten der Versuchsjahre 1999 und 2000 dargestellt.

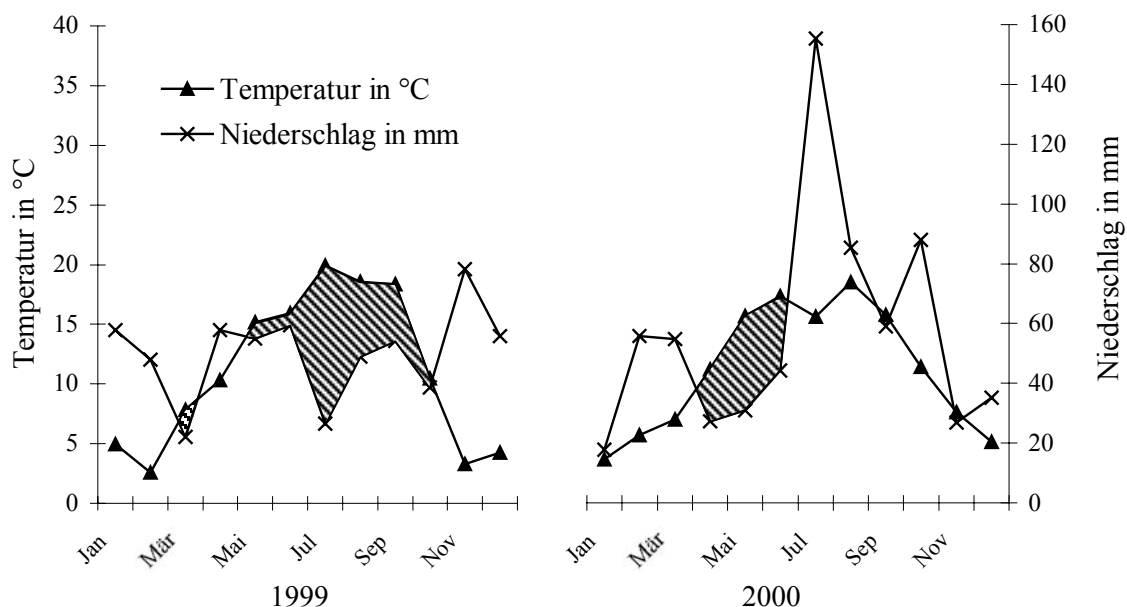


Abb. 2: Witterungsverlauf auf dem Versuchsbetrieb Dikopshof in den Jahren 1999 und 2000.

Die Durchschnittstemperatur lag in beiden Jahren (1999: 11,0°C, 2000: 11,2°C) über dem langjährigen Mittel von 9,7 °C. Die Niederschläge lagen im Jahr 1999 mit 604 mm etwas unter dem langjährigen Mittel, im Jahr 2000 dagegen mit 680 mm darüber. Zur Darstellung der Witterungsdaten wurde ein Klimadiagramm nach HEYLAND (1991) verwendet. Hierbei wird in Anlehnung an WALTHER (1970, zitiert in HEYLAND, 1991) ein Klimadiagramm mit dem Verhältnis 10 °C zu 40 mm Niederschlag angefertigt. Sobald die Temperaturkurve die Niederschlagskurve berührt oder übersteigt, besteht die Gefahr einer zu geringen Wasserversorgung der Pflanzen, in Abb. 2 sind die entsprechenden Flächen schraffiert dargestellt.

Im ersten Versuchsjahr sinkt die Niederschlagskurve Ende März eine kurze Zeit unter die Temperaturkurve. Ab Mai bis zur Ernte des Versuchs sind die Niederschläge grundsätzlich sehr niedrig, so dass man hier von einer suboptimalen Wasserversorgung, die Stress für die Pflanzen bedeutet, ausgehen kann. Im zweiten Versuchsjahr ist die Höhe und Verteilung der Niederschläge deutlich anders. Obwohl auch in diesem Jahr ein längerer Zeitraum ohne ausreichende Niederschläge (April bis Ende Juni) vorliegt, ist diese Phase insgesamt kürzer, wodurch der Wasserstress für die Pflanzen vermutlich nur eine geringe Rolle spielt.

3.1.3 Pflanzenmaterial

In der vorliegenden Arbeit soll exemplarisch die Vererbung quantitativer Merkmale in Kreuzungen aus modernen Kultursorten mit exotischem Material untersucht werden. Hierzu wurden Kreuzungen zwischen modernen Sommergerstensorten (*H. vulgare*) und Wildgerstenlinien (*H. spontaneum*) durchgeführt. Um die Übertragbarkeit der Ergebnisse zu gewährleisten, wurde sowohl bei der Auswahl der Kultur-, als auch der Wildeltern darauf geachtet, dass eine zufällige Stichprobe genommen wurde. Es wurden zehn zweizeilige Gerstensorten aus dem Zulassungszeitraum 1975 - 1985 anhand der „Beschreibenden Sortenliste 1985“ des Bundessortenamtes (ANONYMUS, 1985) zufällig ausgewählt (s. Tab. 2).

Tab. 2: Übersicht, der als Kulturelter verwendeten zweizeiligen Sommergerstensorten (*H. vulgare*) (Quelle: Beschreibenden Sortenliste des Bundessortenamtes, ANONYMUS, 1985)

Sortenbezeichnung	Züchter	Sorteneintrag seit:
Apex	Cebeco - Handelsraad	1983
Arena	Schweiger	1983
Aura	K. und J. Breun	1975
Beate	Saaten Ring Pfeuffer - von Rümker	1984
Berolina	H. - U. Hege	1984
Dorett	Schweiger	1985
Golf	Nickerson	1984
Harry	Weibull	1978
Klaxon	Nickerson	1985
Lerche	von Lochow - Petkus	1985

Die Auswahl der zehn Wildgerstenlinien erfolgte ebenfalls zufällig. Obwohl sämtliche Wildformen aus Israel stammen, kann aufgrund der Herkunft (soweit bekannt, s. Tab. 3) aus unterschiedlichen Gebieten mit einer hohen genetischen Diversität gerechnet werden.

Tab. 3: Übersicht der als Wildelter verwendeten Wildgerstenlinien (*H. spontaneum*).

Wildgersten - linien	Herkunft innerhalb von Israel	Bezugsquelle
2 - B - 20	Zipori, Lower Galilee	Prof. Fischbeck, TU - München
42 - 6	Givat HaMore, Eastern Lower Galilee	Prof. Fischbeck, TU - München
42 - 8	Givat HaMore, Eastern Lower Galilee	Prof. Fischbeck, TU - München
101 - 23	Kisalon, Judean Foothills	Prof. Fischbeck, TU - München
1 - B - 86	Ashqelon, Southern Costal Plain	Prof. Fischbeck, TU - München
1 - B - 30	Ashqelon, Southern Costal Plain	Prof. Fischbeck, TU - München
BGRC 41936	Ohne Angabe	Prof. Dambroth, FAL – Braunschweig
BGRC 41929	Ohne Angabe	Prof. Dambroth, FAL – Braunschweig
BGRC 41925	Ohne Angabe	Prof. Dambroth, FAL – Braunschweig
BGRC 41923	Ohne Angabe	Prof. Dambroth, FAL – Braunschweig

Als Kreuzungsdesign wurde ein sogenanntes unvollständiges Faktoriell verwendet. Das unvollständige Faktoriell kann als Modifikation des vollständigen Faktoriells, in der Literatur auch als Design II (COMSTOCK & ROBINSOM, 1952) oder Diallel Type I (HINKELMANN & STERN, 1960) bekannt, betrachtet werden. Das vollständige Kreuzungsfaktoriell ermöglicht sowohl die Berechnung der allgemeinen (**general combining ability – GCA**), als auch der spezifischen Kombinationseignung (**specific combining ability – SCA**). Darüber hinaus ermöglicht dieses Kreuzungsdesign die Abschätzung der Varianzen für die GCA und SCA, wodurch Aussagen über die relative Bedeutung der Kombinationseignungen mit entsprechenden Konsequenzen für die Auswahl potentieller Kreuzungseltern möglich sind (BECKER, 1993).

Ein entscheidender Nachteil des vollständigen Kreuzungsfaktoriells liegt im vergleichsweise hohen Arbeitsaufwand, um die notwendigen Kreuzungen durchzuführen. Für dieses Kreuzungsschema wird eine Anzahl (t) männlicher Linien mit einer Anzahl (b) weiblicher Linien in allen möglichen $t \cdot b$ Kreuzungskombinationen miteinander gekreuzt (COCKERHAM, 1963). Die Anzahl durchzuführender Kreuzungen nimmt also bei einer zunehmenden Anzahl von Elternlinien sehr stark zu, in dieser Arbeit wären $10 \cdot 10 = 100$ Kreuzungen durchzuführen.

Aus diesem Grund wurde von HINKELMANN und STERN (1960) vorgeschlagen nur einen Teil der Kreuzungen zu berücksichtigen und somit ein unvollständiges Faktoriell zu bilden. Diese Modifizierung ist allerdings nur zulässig, wenn die Kreuzungseltern eine zufällige Stichprobe aus der Grundgesamtheit darstellen. HINKELMANN (1966) gab detaillierte

Anweisungen zur Konstruktion eines solchen unvollständigen Faktoriells, wobei er sich an unvollständigen Blockanlagen orientierte. Nach HINKELMANN (1966) wird zur Erstellung eines unvollständigen Faktoriells jede männliche Linie (t) mit einer Anzahl (r) weiblicher Linien und jede weibliche (b) mit einer Anzahl (k) männlicher Linien gekreuzt. Die Gesamtzahl der durchzuführenden Kreuzungen ist demnach $n = t \cdot r = b \cdot k$. Für die vorliegende Arbeit wären somit 30 Kreuzungskombinationen zu erstellen ($t = b = 10$ und $r = k = 3$). Aussagen zur allgemeinen und spezifischen Kombinationseignung sowie deren Varianzen sind trotz der stark eingeschränkten Zahl von Kreuzungen weiterhin möglich. Die für diese Arbeit durchgeführten Kreuzungskombinationen sind in Tabelle 4 dargestellt.

Tab. 4: Übersicht über das unvollständige Kreuzungsfaktoriell und die im Kreuzungsprogramm durchgeführten Kultur * Wildgerstenkreuzungen (gekennzeichnet durch das Symbol **x**).

Kulturform	Wildform									
	42-8	41923	41925	42-6	41936	101-23	1-B-30	2-B-20	41929	1-B-86
Arena	x	x	x							
Berolina		x	x	x						
Lerche			x	x	x					
Harry				x	x	x				
Apex					x	x	x			
Dorett						x	x	x		
Aura							x	x	x	
Beate								x	x	x
Klaxon	x								x	x
Golf	x	x								x

Für alle Kreuzungen, die für das unvollständige Faktoriell erstellt wurden, erfolgten dann jeweils mehrere Rückkreuzungsschritte mit den entsprechenden Kultureltern (s. Abb. 3). Bei der Durchführung der Kreuzungen diente jeweils die Kulturform in der Ausgangskreuzung als Mutterpflanze.

Im folgenden werden die Kreuzungspopulationen mit diesen Abkürzungen bezeichnet:

BC_g = **B**ack **C**ross bzw. Rückkreuzungsgeneration g, mit $g = 0, 1, 2, 3$ usw.

F_j = **F**ilial - bzw. Selbstungsgeneration j, mit $j = 1, 2, 3$ usw.

Um in dieser Arbeit eine einheitliche Bezeichnung für die verschiedenen Generationen zur Verfügung zu haben, wird die Ausgangsgeneration als BC_0 bezeichnet, obwohl formal betrachtet in dieser Generation keine Rückkreuzung stattgefunden hat.

Die entstandenen F_1 – Pflanzen aller durchgeführten Kreuzungskombinationen in der Ausgangskreuzung (BC_0F_1) dienen sowohl zur Erstellung der jeweils nächsten Rückkreuzung, als auch als Grundlage zur Produktion der Selbstungsnachkommenschaften. Zur Erstellung der Rückkreuzungen wurde die BC_0F_1 jeweils mit dem entsprechenden Kulturelter zurück-

gekreuzt, wobei mindestens vier BC_1F_1 – Pflanzen erzeugt wurden. Die entstandenen BC_1F_1 – Pflanzen wurden wiederum mit den entsprechenden Kultureltern zurückgekreuzt, hierbei wurden mindestens zwei BC_2F_1 – Pflanzen je BC_1F_1 – Pflanze erzeugt. Die Zahl der zu kreuzenden BC_gF_1 – Pflanzen wurde in jeder Generation weiter verdoppelt, d.h. je Kreuzungskombination wurden vier BC_1F_1 –, acht BC_2F_1 –, und sechzehn BC_3F_1 – Pflanzen zur Erzeugung der jeweils nächsten Rückkreuzungsgeneration verwendet. Die Verdopplung der eingesetzten BC_gF_1 – Pflanzen in jeder weiteren Generation wurde durchgeführt, um Drifteffekte zu minimieren. Das Rückkreuzungsprogramm wurde für alle Kreuzungen bis zur BC_4 durchgeführt.

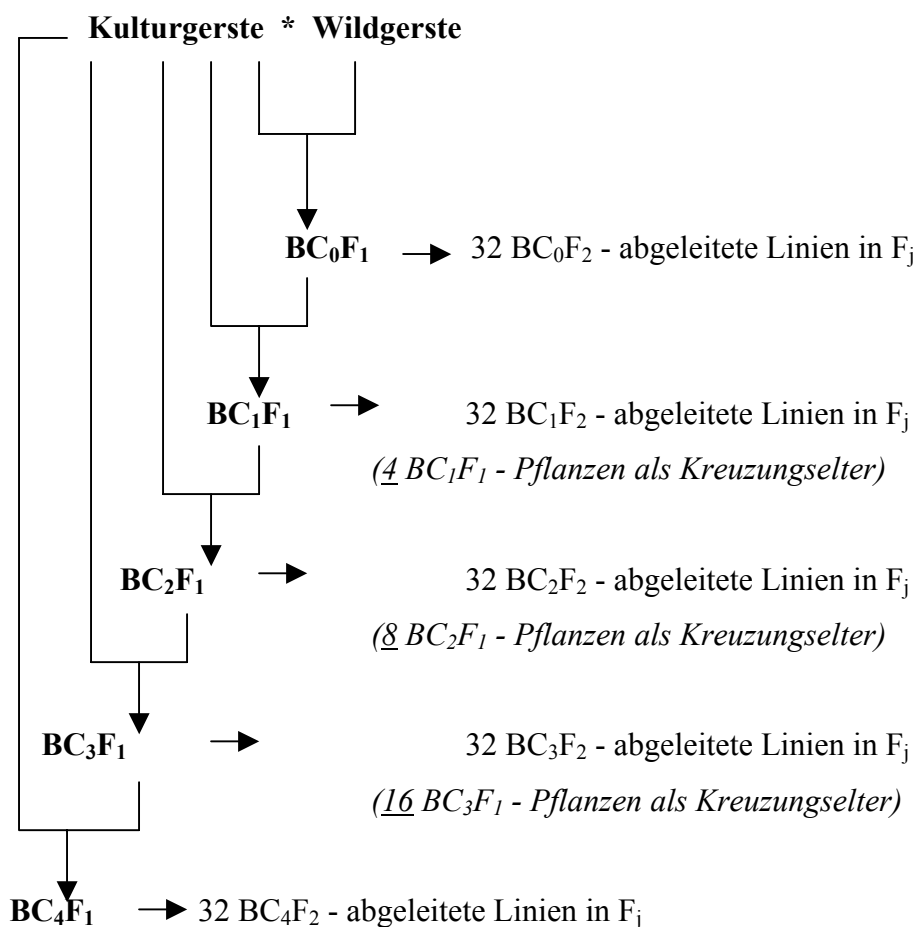


Abb. 3: Schema der Materialentwicklung für alle Kreuzungskombinationen im Rahmen der Rückkreuzungsserie für das unvollständige Faktoriell.

Die BC_gF_1 – Pflanzen dienen auch zur Erstellung von Selbstungspopulationen (s. Abb. 3). Hierbei wurde angestrebt, für jede Kreuzungskombination in jeder Rückkreuzungsgeneration 32 BC_gF_2 – Pflanzen heranzuziehen. Diese 32 BC_gF_2 – Pflanzen gehen dann jeweils auf eine BC_0F_1 –, vier BC_1F_1 –, acht BC_2F_1 –, sechzehn BC_3F_1 – und zweiunddreißig BC_4F_1 – Pflanzen

zurück. Die BC_gF_2 – Linien wurden im Einzelkornramsch (**Single Seed Descent, SSD**) weitergeführt. Die Linien, die auf diesem Weg erzeugt wurden, werden im folgenden als BC_gF_2 abgeleitete Linien in F_j bezeichnet.

Im Rahmen der vorliegenden Arbeit wurden vier Rückkreuzungsgenerationen (BC_1 , BC_2 , BC_3 und BC_4) zweijährig in Feldversuchen evaluiert. Die jeweilige Filialgeneration, die zur Untersuchung herangezogen wurde, geht aus der folgenden Tabelle hervor (s. Tab. 5). Die Anzahl der Linien, die für jede Kreuzungskombination in der jeweiligen BC_g angebaut wurde, unterschied sich in Abhängigkeit von der zur Verfügung stehenden Saatgutmenge (s. Tab. A1).

Tab. 5: Geprüfte Filialgenerationen (F_j) in den Rückkreuzungsgenerationen BC_1 – BC_4 in den Versuchsjahren 1999 und 2000.

Versuchsjahr	BC_1	BC_2	BC_3	BC_4
1999	F_5	F_5	F_3	F_3
2000	F_6	F_6	F_4	F_4

3.2 Methoden

Im den nachfolgenden Unterkapiteln werden die Versuchsanlage, die pflanzenbaulichen Maßnahmen und die Durchführung der Probenahmen und Bonituren beschrieben. Im Anschluss wird die Vorgehensweise bei der statistischen Auswertung erläutert.

3.2.1 Versuchsanlage

Bei den Feldversuchen handelte es sich um modifizierte Spaltanlagen. Die Kreuzungskombinationen stellten Großteilstücke dar. Innerhalb der Großteilstücke wurden die vier Rückkreuzungsgenerationen als Kleinteilstücke angelegt. Durch diese Aufteilung war es möglich, die einzelnen Kreuzungskombinationen in enger örtlicher Umgebung zu prüfen. Die Randomisierung erfolgt mit Hilfe des Programms ALPHA+, mit Ausnahme der Anordnung der Rückkreuzungsgenerationen, diese erfolgte anhand von Zufallszahlen, die mit dem Statistikprogramm SAS erzeugt wurden. Die Anwendung des Alpha-Gitters wird vor allem bei Versuchen mit hohen Variationskoeffizienten empfohlen (YAU, 1997), wie sie in einem Versuch mit genetisch weiten Kreuzungen zu erwarten sind.

Aufgrund der hohen Zahl an Prüfgliedern und der zum Teil geringen Saatgutreserven, war es nicht möglich, Wiederholungen der untersuchten Prüfglieder anzulegen. Obwohl die Böden auf den ausgewählten Flächen sich durch eine hohe Homogenität auszeichnen, wurden die Großteilstücke jeder Kreuzungskombination auf drei Blöcke verteilt. Die Kultureltern, für die ausreichend Saatgut vorhanden war, wurden mit einer sehr hohen Anzahl von Wiederholungen (70) geprüft und die Daten wurden zur Schätzung des Versuchsfehlers genutzt. Sie wurden in die entsprechenden Großteilstücke integriert, in denen die jeweiligen Kreuzungskombinationen geprüft wurden. Auch die Wildeltern wurden, in Abhängigkeit von der vorhandenen Saatgutmenge, mit ca. zehn Wiederholungen in den entsprechenden Großteilstücken evaluiert.

Die Parzellen bestanden aus 6 Reihen, wobei nur die beiden mittleren Reihen (Reihe 3 und 4) zur Evaluierung der Kreuzungsnachkommen genutzt wurden. Die äußeren Reihen wurden mit der Sorte Scarlett belegt, die Reihen zwei und fünf mit dem jeweiligen Kulturelter der entsprechenden Kreuzungskombination. Die Verwendung der Elternpflanzen als Rand erfolgte, um störende Nachbarschaftseffekte bei der Evaluierung so gering wie möglich zu halten. Dieser Parzellenaufbau führte dazu, dass lediglich ein Drittel der Versuchsfläche mit Prüfgliedern belegt werden konnte, war aber unumgänglich, um die Wirkung unerwünschter Randeffekte möglichst zu minimieren.

In den Parzellen, in denen die Wild - bzw. Kultureltern geprüft wurden, war die vorhandene Saatgutmenge ausreichend, um in allen sechs Reihen der Parzelle den jeweiligen Elter anzubauen. Hierdurch konnten in diesen Parzellen unerwünschte Nachbarschaftseffekte weitgehend ausgeschlossen werden. Sowohl Probenahmen als auch Bonituren wurden auch in diesen Parzellen ausschließlich im mittleren Bereich der Reihen 3 und 4 durchgeführt.

3.2.2 Pflanzenbauliche Maßnahmen

Aufgrund der geringen Saatgutmengen, die den Anbau der jeweiligen Prüfglieder als einzelne Reihe notwendig machte, erfolgte die Aussaat als Einzelkornsaat (Hege 95B) mit einem Reihenabstand von 21 cm und einem Abstand von 3 cm in der Reihe. Die Aussaat erfolgte im ersten Versuchsjahr am 26. April, im Jahr 2000 am 8. April. Die Beizung des Saatgutes erfolgte mit Raxil S (Wirkstoff 'Triazoxid').

Die Pflanzenschutzmaßnahmen wurden mit der Zielsetzung durchgeführt, unterschiedliche Reaktionen der Genotypen auf Krankheits - und Schädlingsbefall zu vermeiden. In beiden Versuchsjahren (1999: EC 29, 2000: EC 23) wurde eine Herbizidmaßnahme mit Azur (Wirkstoffe: 'Ioxynil', 'Diflufenican' und 'Isoproturon') in einer Aufwandmenge von 2,5 l/ha durchgeführt.

Ab EC 30 war die Differenzierung der Genotypen, bezogen auf die Entwicklung, so ausgeprägt, dass auf die Angabe von EC - Stadien bei der Beschreibung der einzelnen Maßnahmen verzichtet wurde. Im ersten Versuchsjahr wurde eine Fungizidbehandlung mit Zenit (Wirkstoff: 'Fenpropidin') in einer Aufwandmenge von 1,05 l/ha und Harvesan (Wirkstoffe 'Flusilazol' und 'Carbendazim') in einer Aufwandmenge von 1,2 l/ha zu EC 31 durchgeführt. Am 14.06.1999 wurde eine weitere Fungizidmaßnahme mit Agent (Wirkstoffe 'Propiconazol' und 'Fenpropidin') in einer Aufwandmenge von 1 l/ha durchgeführt. Zum gleichen Termin erfolgte eine Behandlung gegen Blattläuse mit Pirimor (Wirkstoff: 'Pirimicarb') mit einer Aufwandmenge von 300 g/ha. Im zweiten Versuchsjahr wurde zu EC 25 das Fungizid Gladio (Wirkstoffe 'Propiconazol', 'Tebuconazol' und 'Fenpropidin', 0,8 l/ha) eingesetzt.

Am 30.05.00 und am 14.06.00 wurde jeweils eine Pflanzenschutzmaßnahme mit einem Insektizid und einem Fungizid durchgeführt. Zum ersten Termin wurden Harvesan (0,8 l/ha) und Decis (Wirkstoff: 'Deltamethrin', 0,3 l/ha) eingesetzt, beim zweiten Agent und Pirimor.

Die Grunddüngung erfolgte betriebsüblich. Die Stickstoffdüngung wurde grundsätzlich nach Bedarf gegeben, wobei eher verhalten gedüngt wurde, um Lager zu vermeiden. In beiden Jahren wurden 20 kg N/ha in Form von KAS gegeben (1999: EC 30, 2000: EC 25). Der N_{\min} - Gehalt lag 1999 bei 77,8 kg/ha, im zweiten Jahr lag er bei 79 kg/ha. Vorfrucht war Winterroggen (1999) bzw. Winterweizen (2000).

3.2.3 Probenahmen und Bonituren

In diesem Kapitel soll eine Übersicht über die erfassten Merkmale und den chronologischen Ablauf der Merkmalerhebung gegeben werden. Ein zusammenfassender Überblick über die untersuchten Merkmale, die jeweiligen EC - Stadien (ZADOKS et al., 1974) in denen sie durchgeführt wurden und die entsprechenden Methoden, wird am Ende des Kapitels in Tabelle 6 gegeben.

Im Rahmen dieser Arbeit wurden 1999 zu zwei Terminen (EC 65, EC 92) Probenahmen durchgeführt, im zweiten Versuchsjahr wurde aus arbeitstechnischen Gründen auf die Probenahme zur Blüte verzichtet.

Bei allen Probenahmen wurde von jeweils drei Pflanzen je Prüfglied die oberirdische Biomasse geerntet. Hierbei wurde darauf geachtet, die Probe aus der Mitte der Reihe und nicht vom Rand zu ziehen. Das zum Blütezeitpunkt geerntete Material wurde dann bei 105°C bis zum Erreichen der Gewichtskonstanz getrocknet und eine Trockenmassebestimmung wurde durchgeführt. Anschließend wurde die Biomasse zur Blüte auf eine Pflanze bezogen.

Bei der Ernte zu EC 92 wurden die drei geernteten Pflanzen zunächst in Ähren und Restpflanze fraktioniert. Die Fraktion „Restpflanze“ bzw. das Stroh wurde bei 105°C getrocknet und die Trockenmasse wurde bestimmt. Die Fraktion „Ähre“ wurde bei 60°C bis zur Gewichtskonstanz getrocknet und gewogen, im Anschluss wurde die Zahl ährentragender Halme ausgezählt. Durch die Spindelbrüchigkeit bei *H. spontaneum*, aber auch bei einzelnen Kreuzungsnachkommen, vor allem in frühen Rückkreuzungsgenerationen, traten bei der Ermittlung der Anzahl ährentragender Halme Probleme auf. In solchen Fällen wurden die Ährenbruchstücke als Ähre gezählt, bei denen der Stängelquerschnitt erkennbar war.

Im nächsten Arbeitsgang wurden die Ähren gedroschen und die Anzahl der Körner wurde bestimmt. Die Körner wurden dann bei 105°C getrocknet und zur Bestimmung der Trockenmasse gewogen. Der Spreuanteil wurde durch Subtraktion des Karyopsenertrages von der Fraktion „Ähre“ bestimmt und zum Stroh addiert. Aus der Anzahl Körner und dem Karyopsenertrag wurde die Tausendkornmasse errechnet. Sowohl der Karyopsenertrag als auch die Tausendkornmasse wurden zur besseren Vergleichbarkeit auf einen Trockenmasseanteil von 86 % standardisiert. Sämtliche Merkmale wurden auf eine Pflanze bezogen.

Um die Entwicklung der Pflanzen zu beschreiben, wurden die Wachstumsdauern und -raten berechnet. Hierzu wurden der Blühzeitpunkt (EC 65) und der Termin der Vollreife (EC 92) festgestellt. Eine Linie wurde als blühend bonitiert, wenn bei jeweils 75 % der Haupttriebe 60 % der Antheren erschienen. Die Vollreife wurde nicht gesondert bonitiert, die untersuchten

Prüfglieder wurden bei Erreichen der Vollreife geerntet, so dass der Erntetermin zur Berechnung der verschiedenen Parameter verwendet wurde.

Tab. 6: Übersicht über die im vorliegenden Versuch erhobenen Merkmale.

Entwicklungs- - stadium	Merkmale	Methode
EC 65 (Blüte)	- Blühzeitpunkt - Biomasse zur Blüte (nur 1999)	- 75 % der Haupttriebe blühend - Drei Pflanzen je Prüfglied, am basalen Ende des Bestockungsknotens geschnitten
EC 75 (Milchreife)	- Pflanzenhöhe - Grannenlänge	- Länge vom Bestockungsknoten bis zum apikalen Ende der Ähre - Länge von der apikalen Karyopse der Ähre bis zum apikalen Ende der Granne
EC 92 (Vollreife)	- Stroh - Anzahl Ähren je Pflanze - Karyopsenertrag je Pflanze - Anzahl Karyopsen je Pflanze	- Drei Pflanzen je Prüfglied, am basalen Ende des Bestockungsknotens geschnitten; Fraktionierung in Ähren und Stroh; Zählen der Ähren und Karyopsen
		<i>Berechnung aus anderen Merkmalen:</i>
	- Ernteindex	- aus Biomasse und Karyopsenertrag
	- Karyopsen je Ähre	- aus Karyopsenzahl je Pflanze und Ährenzahl
	- Tausendkornmasse	- aus Karyopsenzahl und Karyopsenertrag
	- vegetative Wachstumsdauer	- aus Temperaturdaten bis EC 65
	- generative Wachstumsdauer	- aus Temperaturdaten von EC 65 bis EC 92
	- gesamte Wachstumsdauer	- aus Temperaturdaten bis EC 92
	- vegetative Wachstumsrate	- aus Biomassezuwachs bis EC 65 und vegetativer Wachstumsdauer
	- generative Wachstumsrate	- aus Biomassezuwachs von EC 65 und EC 92 vegetativer Wachstumsdauer
	- gesamte Wachstumsrate	- aus Biomassezuwachs bis EC 92 und gesamter Wachstumsdauer

Die Berechnung der Wachstumsdauern und -raten erfolgte auf der Basis von täglichen Temperatursummen. Zur Berechnung der Temperatursummen erfolgte eine Transformation der Anzahl Tage von Feldaufgang bis Blüh- bzw. Erntezeitpunkt. Als Basistemperatur wurden 5°C verwendet. Wachstumsvorgänge werden unterhalb von 5°C und oberhalb von 26,7°C stark reduziert, daher werden diese Temperaturextrema nicht berücksichtigt. Für jeden Tag wird unter Heranziehung der Tagesmaxima und Tagesminima eine durchschnittliche

Temperatur (**G**rowing **D**egree **D**ay - **GDD**) ermittelt. Die Temperaturen der einzelnen Tage werden anschließend für den jeweiligen Zeitraum aufsummiert (RUSSELLE et al., 1984).

Die Formel zur Berechnung der durchschnittlichen Temperatursumme je Tag lautet:

$$\text{GDD}_{\text{Tag}} = [(\text{Minimumtemperatur} + \text{Maximumtemperatur}) / 2] - \text{Basistemperatur}$$

(Anm. Wenn Minimumtemperatur < 5°C, dann Minimumtemperatur = 5°C
 Wenn Maximumtemperatur < 5°C, dann Maximumtemperatur = 5°C
 Wenn Maximumtemperatur > 26,7°C, dann Maximumtemperatur = 26,7°C
 Basistemperatur = 5°C)

Bei der Wuchshöhenmessung wurde zur Milchreife (EC 75) die Länge des Sprosses bis zum apikalen Ende der Ähre (ohne Grannen) an repräsentativen Haupttrieben vermessen. Während der Wuchshöhenmessung wurde zusätzlich die Grannenlänge der einzelnen Prüfglieder gemessen. Hierbei wurde der Abstand vom apikalen Ende der obersten Karyopse bis zum Ende der Grannen als Grannenlänge definiert.

3.2.4 Statistische Auswertung

Die statistische Auswertung erfolgte mit dem Statistikprogramm SAS Version 8.0/9.1 (SAS Institute Inc., 1999/2003).

Evaluierung der Kultursorten und Wildformen

Um die Elternlinien im Hinblick auf ihre Eigenleistung zu charakterisieren, erfolgte eine gesonderte statistische Auswertung, bei der die Nachkommen nicht berücksichtigt wurden. Hierbei wurden Unterschiede zwischen den Gruppen Kultursorte und Wildform untersucht, aber auch Unterschiede zwischen einzelnen Elternlinien innerhalb der jeweiligen Gruppe waren von Interesse.

Unterschiede zwischen den Gruppen Kultur - bzw. Wildelter wurden mit einer Varianzanalyse unter Verwendung der SAS Prozedur GLM (**g**eneral **l**inear **m**odel) untersucht. Bei signifikanten Wechselwirkungen des Faktors Elterngruppe mit dem Faktor Jahr wurde die Berechnung für die einzelnen Jahre getrennt durchgeführt. Unterschiede zwischen den einzelnen Linien innerhalb der Gruppen wurden mit dem multiplen Mittelwertsvergleich nach Tukey für die jeweiligen Gruppen durchgeführt. Sofern die Daten unbalanciert waren, wurde hierbei die Tukey – Kramer Methode (TUKEY, 1953, KRAMER, 1956) verwendet. Die Kennzeichnung signifikanter Unterschiede für die Mittelwertsvergleiche erfolgte mittels einer

Buchstabendarstellung nach den Vorgaben von PIEPHO (2002). Die Berechnung der Mittelwertvergleiche erfolgte in der gesamten Arbeit nach der oben genannten Vorgehensweise.

Um Zusammenhänge zwischen relevanten Merkmalen aufzuzeigen, wurde innerhalb der Elternsortimente, jeweils für ausgewählte Merkmale, der Pearsonsche Korrelationskoeffizient ermittelt. Zur Berechnung der Korrelationskoeffizienten wurden in der gesamten Arbeit Korrelationen nach Pearson, bzw. in den Fällen, in denen Rangkorrelationen angemessen waren, nach Spearman (SAS Institute Inc., 2003) verwendet.

Zusätzlich wurde die Heritabilität für die Gruppe der Kultureltern nach der folgenden Formel (BECKER, 1993) berechnet:

$$h^2 = \frac{V_G}{V_G + V_{GJ}/J + V_F/(JR)}$$

Wobei h^2 = Heritabilität J = Anzahl Jahre
 V_G = genotypische Varianz R = Anzahl Wiederholungen
 V_{GJ} = Varianz der Interaktion Jahr/Genotyp
 V_F = Fehlervarianz

Die Schätzung der Varianzkomponenten wurde mit der SAS Prozedur VARCOMP unter Verwendung der **Restricted Maximum Likelihood Methode (REML)** durchgeführt.

Evaluierung der Kreuzungsnachkommenschaften

Die geprüften Linien, Kreuzungseltern und deren Nachkommen, wurden mit Hilfe von mehrfaktoriellen Varianzanalysen für die verschiedenen Merkmale untersucht. Um die Frage zu klären, ob für die erhobenen Merkmale signifikante Unterschiede zwischen den Faktorstufen vorliegen, wurde die SAS - Prozedur „Mixed“ verwendet. Diese Prozedur wurde zur Verrechnung gemischter Modelle, wie sie in diesem Versuch vorliegen, entwickelt. Mit Ausnahme der Faktoren Genotypgruppen und Rückkreuzungskombinationen sind alle Faktoren als zufällig zu betrachten. Aufgrund der teilhierarchischen Datenstruktur wurde die Option „Method = Type I“ verwendet, die eine sequentielle Auswertung der einzelnen Faktoren ermöglicht. Die Auswertung erfolgte für die vier Rückkreuzungsgenerationen getrennt.

Aufgrund der hohen Zahl der Prüfglieder wurden die einzelnen Linien innerhalb der jeweiligen Kreuzungskombination und Rückkreuzungsgeneration ohne Wiederholungen angebaut. Als Versuchsfehler wurden der „Rest innerhalb Kultursorten“ herangezogen. Der Rest innerhalb der Kultursorten entspricht den Schwankungen der einzelnen Wiederholungen für die einzelnen Kultureltern. Da jede einzelne Kultursorte als einheitlicher Genotyp zu

betrachten ist, entsprechen die Varianzen dem Fehler durch kleinräumige Bodenunterschiede, Fehler bei der Beerntung etc.

Die mehrfaktorielle Varianzanalyse wurde mit dem folgenden hierarchischen Modell berechnet:

$$y_{ijklmnopqrs} = \mu + G_i + J_j + B_k(J_j) + K_l(G_i) + W_m(G_i) + KE_n(G_i) + WE_o(G_i) + KRK_p(G_i) + G_i * J_j + K_l(G_i) * J_j + W_m(G_i) * J_j + KE_n(G_i) * J_j + WE_o(G_i) * J_j + KRK_p(G_i) * J_j + RW_q(W_o * G_i) + RKRK_r(WE_o * KE_n * G_i) + RK_s(K_n * G_i)$$

G = Genotypgruppen (Kultursorten, Wildformen, Nachkommen) $i=1\dots t, t=3$

J = Jahr $j=2\dots u, u=2$

B = Block $k=3\dots v, v=3$

K = Kultursorten $l=10\dots w, w=10$

W = Wildformen $m=10\dots x, x=10$

KE = Kulturelter (Nachkommen einer Kultursorte) $n=10\dots y, y=10$

WE = Wildelter (Nachkommen einer Wildform) $o=10\dots z, z=10$

KRK = Kreuzungskombination $p=30\dots a, a=10$

RW = Rest innerhalb Wildformen (Wiederholungen für jede Wildform) $q=1\dots b, b$

RKRK = Rest innerhalb Kreuzungskombination (einzelne Linien in jeder Kreuzungskombination) $r=1\dots c, c$

RK = Rest innerhalb Kultursorten (Wiederholungen für jede Kultursorte) $s=1\dots d, d$

RK = ε = Fehler (error)

Für q, r, s bei RW, RKRK und RK unterschied sich die Zahl der berücksichtigten Einzelwerte in Abhängigkeit von der Anzahl erfolgreich erhobener Daten für die jeweiligen Merkmale bzw. der Zahl der angebauten Linien je Rückkreuzungsgeneration und Kreuzungsgeneration.

Die Berechnung des gemischten hierarchischen Modells erfolgte mit dem nachfolgenden SAS Programm, die Erklärung der Variablen findet sich im vorangegangenen Absatz:

```
proc mixed data=Daten.BC1 method=type1;
class Jahr Block Genotypgruppe Kultursorte Wildform
Kulturelter Wildelter Kreuzungskombination
Prüfglied Wildelter Prüfglied Nachkommen;

model Merkmal = Genotypgruppe;

random Jahr Block(Jahr)
Kultursorte(Genotypgruppe)
Wildform (Genotypgruppe)

Kulturelter (Genotypgruppe)
Wildelter (Genotypgruppe)
Kreuzungskombination (Genotypgruppe)

Genotypgruppe *Jahr
Jahr*Kultursorte(Genotypgruppe)
Jahr* Wildform (Genotypgruppe)
Jahr* Kulturelter (Genotypgruppe)
Jahr* Wildelter (Genotypgruppe)
Jahr* Kreuzungskombination (Genotypgruppe)

Prüfglied Wildelter (Wildform * Genotypgruppe)
Prüfglied Nachkommen (Kulturelter * Wildelter * Genotypgruppe);
run;
```

Berechnung der theoretischen Erwartungen der Mittelwerte nach Cox (1984a)

Ein wichtiger Aspekt dieser Arbeit bestand in der Überprüfung der theoretischen Erwartungen der Mittelwerte und genetischen Varianzen für die Rückkreuzungsgenerationen BC₁ bis BC₄. Hierzu wurden die in Feldversuchen gewonnenen Daten aus der Nachkommenschaftsprüfung verwendet. Bei einer hinreichenden Übereinstimmung der empirischen Daten mit den Werten der theoretischen Erwartung, wäre eine Prognose der Leistung später Rückkreuzungsgenerationen, anhand der Evaluierung früher Generationen möglich, wodurch die Auswahl geeigneter Eltern frühzeitig möglich wäre. Der Züchter hätte hierdurch eine deutliche Arbeitsersparnis bei der Verwendung exotischen Materials.

Über die Abschätzung der Praktikabilität von Prognoseverfahren hinaus, bietet der Vergleich der empirischen Daten mit theoretischen Werten die Möglichkeit, die Vererbung der quantitativen Merkmale in genetisch „weiten“ Kreuzungen zu charakterisieren.

Die theoretischen Erwartungen für die Generationsmittel in den einzelnen Rückkreuzungsgenerationen wurden analog zu der Theorie von COX (1984a) abgeleitet. Die Allelfrequenzen verschieben sich mit zunehmender Rückkreuzung in Richtung des rekurrenten Elters, hier also der Kultureltern. Unter Ausschluss von Dominanz und Epistasie, verschieben sich die Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen entsprechend um die Hälfte des Unterschiedes zwischen der Leistung des rekurrenten Elters und des Mittelwertes der vorangegangenen Rückkreuzungsgenerationen. Die Veränderung von Generation zu Generation wird somit immer geringer, da jeweils eine Annäherung an die Leistung des rekurrenten Elters erfolgt. In Abhängigkeit davon, welcher Elter, die höhere Eigenleistung für das jeweilige Merkmal besitzt, wird das Nachkommenschaftsmittel demnach linear ansteigen oder absinken. Diese Zusammenhänge können mit der folgenden Formel beschrieben werden:

$$\mu_{BCg} = (R - D) [1 - 0,5^{g+1}] + D$$

μ_{BCg} = Erwartungswert des Mittelwertes in der Rückkreuzungsgeneration g

(hier $1 \leq g \leq 4$)

R = Mittelwert des rekurrenten Elters (hier Kulturelter)

D = Mittelwert des Donor - Elters (hier Wildelter)

Zur Berechnung der theoretischen Werte wurden Kultureltermittelwerte auf der Ebene der einzelnen Jahre und Blöcke gebildet. Dies erschien gerechtfertigt, da je Jahr und Block immer mehr als 20 Kulturelterreihen vorhanden waren und Jahres - und Bodenunterschiede so in dem theoretischen Modell berücksichtigt werden konnten.

Die so berechneten theoretischen Werte hängen von der Eigenleistung der untersuchten Eltern ab. Die Evaluierung der Wildeltern war allerdings mit großen Problemen verbunden. Die Wildformen sind nicht an den Anbau in Parzellen angepasst. Außerdem stammen sämtliche hier verwendeten *H. spontaneum* Linien aus Israel und sind nicht an die klimatischen Verhältnisse in Deutschland angepasst. Der Übergang von der vegetativen in die generative Phase ist erwartungsgemäß nicht so synchronisiert, wie bei den züchterisch intensiv bearbeiteten Kulturformen. Hierdurch wird sowohl die Bestimmung des Erntezeitpunkts, als auch die korrekte Durchführung der Bonituren, erheblich erschwert. Als letzten Punkt muss die Spindelbrüchigkeit der Ähren bei den Wildformen erwähnt werden, wodurch die Erhebung sämtlicher Ertragsstrukturmerkmale und des Karyopsenertrags erschwert werden. Die oben genannten Faktoren führten dazu, dass zahlreiche Merkmale für die Wildeltern nur mit einer

geringen Präzision evaluiert werden konnten. Diese Werte als Basis für ein theoretisches Modell zu verwenden, erschien problematisch.

Aus diesem Grund wurden die theoretischen Werte für die Mittelwerte ein zweites Mal mit einer Modifikation berechnet. Anstelle die Werte der Wildeltern als Datenbasis zur Berechnung zu verwenden, wurden die Werte der Nachkommen in der BC₁ genutzt. In der BC₁ ist der Anteil der Wildelternallele bereits auf 25 % gesunken, so dass die oben genannten Probleme bei der Merkmalerhebung nicht mehr im selben Ausmaß auftraten.

Der Vergleich der empirisch ermittelten Mittelwerte in den verschiedenen Ebenen des Kreuzungsfaktoriells mit den entsprechenden theoretischen Erwartungen, erfolgte mit Hilfe der Grenzdifferenzen für den paarweisen Vergleich von Mittelwerten bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von 5 %. Hierbei wurden die Grenzdifferenzen, die sich aus der Berechnung des Tukey Tests für die Kultureltern ergeben, verwendet. Da die einzelnen Kultureltern genetisch identisch sind und mit einer sehr hohen Anzahl an Wiederholungen angebaut wurden (70), konnte hier der Versuchsfehler mit einer hohen Präzision bestimmt werden. Die Grenzdifferenz des entsprechenden Mittelwertvergleichs ist dementsprechend relativ klein, so dass die Wahrscheinlichkeit die Nullhypothese (theoretisches Modell und empirische Werte sind gleich) zu unrecht beizubehalten, also einen Fehler 2. Art zu begehen, gering ist. Signifikante Abweichungen zur theoretischen Erwartung und deren Ausrichtung werden in den Tabellen Tab. A17 - Tab. A29 mit Pfeilen gekennzeichnet (Abweichungen oberhalb = ↑, bzw. unterhalb = ↓).

Berechnung der theoretischen Erwartungen der Varianzen nach Cox (1984a)

Die theoretischen Erwartungen für die genetischen Varianzen in den Rückkreuzungsgenerationen wurden von COX (1984a) übernommen und durch HÜHN (1998) verallgemeinert. Die Berechnung bezieht sich auf die F_{∞} - Metrik. Die genetischen Varianzen innerhalb einer Rückkreuzungsgeneration für BC_gF₂ - abgeleitete Linien setzen sich aus der Summe der genetischen Varianz zwischen den BC_gF₁ - Familien und der mittleren genetischen Varianz zwischen BC_gF₂ - abgeleiteten Linien innerhalb BC_gF₁ - Familien zusammen:

$$V_g = V_g(F_1) + \overline{V}_g(F_1 / F_2).$$

Hierbei ist

$$V_g(F_1) = \left\{ \left[\prod_{k=1}^g \left(1 - \frac{1}{2^{g-k} n_k} \right) \right] \left(\frac{1}{2} \right)^g - \left[\prod_{k=1}^g \left(1 - \frac{1}{n_k} \right) \right] \left(\frac{1}{2} \right)^{2g} \right\} \\ * \left\{ \sigma_A^2 + \left(\frac{1}{2} \right)^{2s-2} \sigma_D^2 - \left(\frac{1}{2} \right)^{s-2} \sigma_{AD}^2 \right\}$$

$$\overline{V}_g(F_2 / F_1) = \left[\left(\frac{1}{2} \right)^{g+1} - \frac{1}{2m_g n_g} \right] \left[\sigma_A^2 + \left(\frac{1}{2} \right)^{2s-3} \sigma_D^2 \right]$$

Legende :

$V_g(F_1)$ = genetische Varianz zwischen BC_gF₁ - Familien

$\overline{V}_g(F_2 / F_1)$ = mittlere genetische Varianz zwischen BC_gF₁ - abgeleiteten Linien innerhalb BC_gF₂ - Familien

g = Rückkreuzungsgeneration

s = Selbstungsgeneration

n_g = Anzahl BC_gF₁ - Familien

m_g = Anzahl BC_gF₂ - abgeleiteter Linien innerhalb einer BC_gF₁ - Familie

σ_A^2 = additiv genetische Varianz

σ_D^2 = Dominanzvarianz

σ_{AD}^2 = epistatische Varianz

Um die Koeffizienten zur Berechnung der theoretischen Erwartungen der genetischen Varianzen zu erhalten, wurden die Variablen entsprechend der in diesem Versuch geprüften Linien eingesetzt.

Für die Variablen n und m lag je nach Rückkreuzungsgeneration eine unterschiedliche Anzahl der BC_gF₁ - Familien bzw. der BC_gF₂ - abgeleiteten Linien innerhalb einer BC_gF₁ - Familie vor. Zur beispielhaften Berechnung der unten angegebenen Koeffizienten wurden in der BC₀ n=1 und m=32, in der BC₁ n=4 und m=8, in der BC₂ n=8 und m=4, in der BC₃ n=16 und m=2

und in der BC_0 $n=32$ und $m=1$ eingesetzt. Die Selbstungsgeneration wurde entsprechend der in diesem Versuch geprüften Selbstungsgenerationen angegeben. Bei der Berechnung der theoretischen Erwartungen für die Auswertung wurden für die jeweiligen Kreuzungskombinationen und Rückkreuzungsgenerationen entsprechend Koeffizienten berechnet, bei denen die tatsächlichen Zahlen für Anzahl der BC_gF_1 - Familien bzw. der BC_gF_2 - abgeleiteten Linien innerhalb einer BC_gF_1 - Familie und der Selbstungsgeneration eingesetzt wurden.

$$BC_1F_4 = 0,844V_A + 0,021V_D - 0,094V_{AD} \quad (\text{mit } n=4 \text{ und } m= 8)$$

$$BC_1F_5 = 0,844V_A + 0,005V_D - 0,047V_{AD} \quad (\text{mit } n=4 \text{ und } m= 8)$$

$$BC_1F_6 = 0,844V_A + 0,001V_D - 0,023V_{AD} \quad (\text{mit } n=4 \text{ und } m= 8)$$

$$BC_2F_5 = 0,520V_A + 0,003V_D - 0,038V_{AD} \quad (\text{mit } n=8 \text{ und } m= 4)$$

$$BC_2F_6 = 0,520V_A + 0,001V_D - 0,019V_{AD} \quad (\text{mit } n=8 \text{ und } m= 4)$$

$$BC_3F_3 = 0,281V_A + 0,023V_D - 0,093V_{AD} \quad (\text{mit } n=16 \text{ und } m= 2)$$

$$BC_3F_4 = 0,281V_A + 0,006V_D - 0,047V_{AD} \quad (\text{mit } n=16 \text{ und } m= 2)$$

$$BC_4F_3 = 0,138V_A + 0,011V_D - 0,054V_{AD} \quad (\text{mit } n=32 \text{ und } m= 1)$$

$$BC_4F_4 = 0,138V_A + 0,003V_D - 0,027V_{AD} \quad (\text{mit } n=32 \text{ und } m= 1)$$

Das Modell wurde auf „Single Seed Descent“ Nachkommenschaften erweitert, da die Selbstungsgenerationen, die in dieser Arbeit untersucht wurden, im Einkornramsch erzeugt worden sind. Diese Erweiterung wurde mittels der in WRICKE (1972) und WRICKE & WEBER (1986) dargestellten Formulierung der „Single Seed Descent“ Nachkommenschaften durchgeführt. Da Wricke und Weber die F_2 - Metrik benutzt haben, wurde die Erweiterung im Folgenden mit der F_2 - Metrik durchgeführt. Die errechneten Koeffizienten beziehen sich entsprechend auf die F_2 - Metrik.

Mit Hilfe der resultierenden Koeffizienten für die additiv genetische Varianz wurden die theoretischen Erwartungen für die späteren Rückkreuzungsgenerationen, BC_2 bis BC_4 , relativ zur BC_1 berechnet. Die empirisch ermittelten genetischen Varianzen in der BC_1 wurden gleich Hundert gesetzt. Die Varianzen sollten, unter Berücksichtigung der Koeffizienten für die additiv - genetische Varianz, in der BC_2 61,8 %, in der BC_3 33,2 % und in der BC_4 16,4 % der Varianz der BC_1 betragen.

Die theoretische Erwartung gilt in diesem Fall nur für die additiv - genetische Varianz, d.h. unter Ausschluss von Dominanz, Epistasie und Kopplung. Unterschiede zwischen den theoretischen Erwartungen und den empirisch ermittelten Varianzen sind entsprechend als Abweichungen von der Additivität zu bewerten.

Die Berechnung der genetischen Varianzen erfolgte mit Hilfe einer Varianzkomponentenschätzung (Proc Varcomp). Die Varianzkomponentenschätzung wurde mit der Restricted Maximum Likelihood (REML) Methode durchgeführt.

Berechnung der allgemeinen und spezifischen Kombinationseignung

Die Verwendung eines Faktoriells oder eines unvollständigen Faktoriells als Kreuzungsdesign ermöglicht sowohl die Berechnung der allgemeinen bzw. der spezifischen Kombinationseignung, als auch eine Schätzung der Varianzkomponenten, die Aussagen über die relative Bedeutung der Kombinationseignungen ermöglicht.

Die allgemeine Kombinationseignung (**general combining ability – GCA**) beschreibt die durchschnittliche Eignung einer bestimmten Linie als Kreuzungselter. Die Berechnung der GCA – Werte erfolgte durch Differenzbildung zwischen dem Mittel aller Kreuzungen eines bestimmten Elters und dem Gesamtmittel aller Kreuzungen des Faktoriells. Die Abweichung einer spezifischen Kreuzung von der Summe der GCA ihrer beiden Eltern wird als spezifische Kombinationseignung (**specific combining ability – SCA**) bezeichnet (Becker, 1993). Die SCA wurde berechnet, indem die Differenz zwischen dem Mittel einer bestimmten Kreuzung und der Summe aus den GCA - Effekten beider Eltern, sowie dem Gesamtmittel aller Kreuzungen, gebildet wurde.

Zur Berechnung der Kombinationseignungen wurden grundsätzlich LS - means (**Least Square**) verwendet, die mit der SAS Prozedur GLM (**general linear model**) geschätzt wurden. LS - means werden mit der Methode der kleinsten Quadrate ermittelt, so dass eine Minimierung der Summe der Abweichungsquadrate erreicht wird. Da mit LS - means in mehrfaktoriellen Versuchen auch die übrigen Effekte bei der Schätzung berücksichtigt werden, ist ihre Aussagekraft häufig größer als die des arithmetischen Mittels (SAS Institute Inc., 2003).

Sowohl die allgemeine als auch spezifische Kombinationseignung sind formal nur für einfache Kreuzungen definiert. Sich verändernde Allelfrequenzen, wie sie in Rückkreuzungsprogrammen wie dem vorliegenden auftreten, werden nicht berücksichtigt. Aus diesem Grund erfolgte die Berechnung der GCA und SCA getrennt für die einzelnen Rückkreuzungsgenerationen. Im nachfolgenden Text werden zur Verdeutlichung die Begriffe GCA_{BC_g} bzw. allgemeine Kombinationseignung in der Rückkreuzungsgeneration BC_g und SCA_{BC_g} bzw. spezifische Kombinationseignung in der Rückkreuzungsgeneration BC_g verwendet.

Die relative Bedeutung der allgemeinen bzw. der spezifischen Kombinationseignung kann mit Hilfe einer Varianzkomponentenschätzung ermittelt werden, sofern die geprüften Kreuzungs-

eltern, wie in dieser Untersuchung, eine zufällige Stichprobe aus einer größeren Population potentieller Eltern darstellen (MELCHINGER, 1984). Die Schätzung der Varianzkomponenten wurde mit der Prozedur proc varcomp durchgeführt. Um negative Schätzwerte, die definitionsgemäß nicht existieren, auszuschließen, wurde das Verfahren method = reml verwendet (SAS Institute Inc., 2003). Ähnlich wie bei der Berechnung der GCA und SCA wurden auch hier die Berechnungen innerhalb der einzelnen Rückkreuzungskombinationen durchgeführt.

Berechnung der positiven Transgression für das Merkmal Karyopsenertrag

Um das Potential der untersuchten Wildformen zur Verbesserung des Karyopsenertrages zu quantifizieren, wurde untersucht, ob positiv transgressive Linien für dieses Merkmal auftraten. Hierzu wurde berechnet, wie viele der Nachkommen in diesem Merkmal dem rekurrenten Elter, also dem Kulturelter überlegen waren. Als überlegen wurde eine Linie dann bezeichnet, wenn der Karyopsenertrag mehr als eine (Selektionskriterium 1) bzw. zwei (Selektionskriterium 2) Standardabweichungen größer war als der Ertrag des jeweiligen Kulturelters.

Die Signifikanzniveaus werden wie folgt bezeichnet:

Nicht signifikant = n.s.

Signifikant bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von $0,05 \leq \alpha \leq 0,1 \equiv + \equiv$ Tendenz

Signifikant bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von $0,01 \leq \alpha \leq 0,05 \equiv * \equiv$ signifikant

Signifikant bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von $0,001 \leq \alpha \leq 0,01 \equiv ** \equiv$ hoch signifikant

Signifikant bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von $\alpha \leq 0,001 \equiv *** \equiv$ sehr hoch signifikant

4 Ergebnisse

Zu Beginn dieses Kapitels wird eine Charakterisierung der Kreuzungseltern per se durchgeführt (s. Kap 4.1). Hierdurch soll die Einordnung der Ergebnisse der geprüften Kreuzungsnachkommen erleichtert werden. Im Anschluss daran werden die bei der Evaluierung der Kreuzungsnachkommenschaften gewonnenen Daten und pflanzenzüchterischen Kenngrößen vorgestellt (s. Kap 4.2). Hierbei werden in allen Kapiteln zunächst die Ergebnisse im Hinblick auf die einzelnen Rückkreuzungsgenerationen besprochen. Darauf folgt die Darstellung und Auswertung der Daten für die Nachkommen einzelner Kreuzungseltern über alle jeweils durchgeführten Kreuzungskombinationen. Die Betrachtung der Resultate auf der Ebene der einzelnen Kreuzungskombinationen schließt sich an.

4.1 Eltern per se

Im folgenden Kapitel soll zunächst die Eigenleistung der Kreuzungseltern dargestellt werden. Auf die Beschreibung der Formkreise *H. vulgare* bzw. *H. spontaneum* und ihrer Gemeinsamkeiten und Unterschiede, folgt eine Betrachtung der einzelnen Eltern innerhalb beider Gruppen.

Im Anschluss wird die Heritabilität der untersuchten Merkmale, die für das Sortiment der Kultureltern berechnet wurde, besprochen. Die Heritabilität soll hierbei zum einen Hinweise auf den Einfluss des Genotyps bei der Merkmalsausprägung geben, zum anderen Rückschlüsse auf die Versuchsgenauigkeit der Feldversuche erlauben.

Die untersuchten Elternlinien der beiden Gruppen, *H. vulgare* bzw. *H. spontaneum*, unterscheiden sich bereits optisch sehr stark voneinander. Bei der Betrachtung im Feldversuch heben sich die *H. spontaneum* Eltern durch einen gedrungen buschigen Wuchs der vegetativen Pflanzenteile von den züchterisch bearbeiteten Kultureltern ab. Die Synchronisation beim Ährenschieben ist deutlich weniger ausgeprägt als bei den Kultureltern, die Pflanzenhöhe liegt über der der Kultursorten. Die Ähren selber unterscheiden sich ebenfalls auf den ersten Blick. Die Ähre der Wildformen ist mit länglichen Karyopsen mit langen, sehr festen Grannen besetzt. Die Grannen sind bei den Wildformen nicht nur länger, sondern auch sehr viel härter und beeinflussen die Dreschbarkeit der Ähren so stark, dass ein maschineller Drusch nicht mehr möglich ist. Die Spindelbrüchigkeit führt zu einem frühen Verlust vieler Karyopsen.

Diese optischen Unterschiede spiegeln sich in den erhobenen Daten wieder. In der nachfolgenden Abbildung (Abb. 4) sind die erhobenen Merkmale dargestellt. Die Mittelwerte der

gewonnenen Daten der *H. spontaneum* Linien sind relativ zur Leistung der Kultureltern im jeweiligen Merkmal dargestellt, um die Unterschiede zwischen den beiden Gruppen hervorzuheben. In der Grafik ist zu erkennen, dass die züchterische Bearbeitung der *H. vulgare* Linien vorwiegend zu einer Veränderung der ertragsrelevanten Merkmale geführt hat.

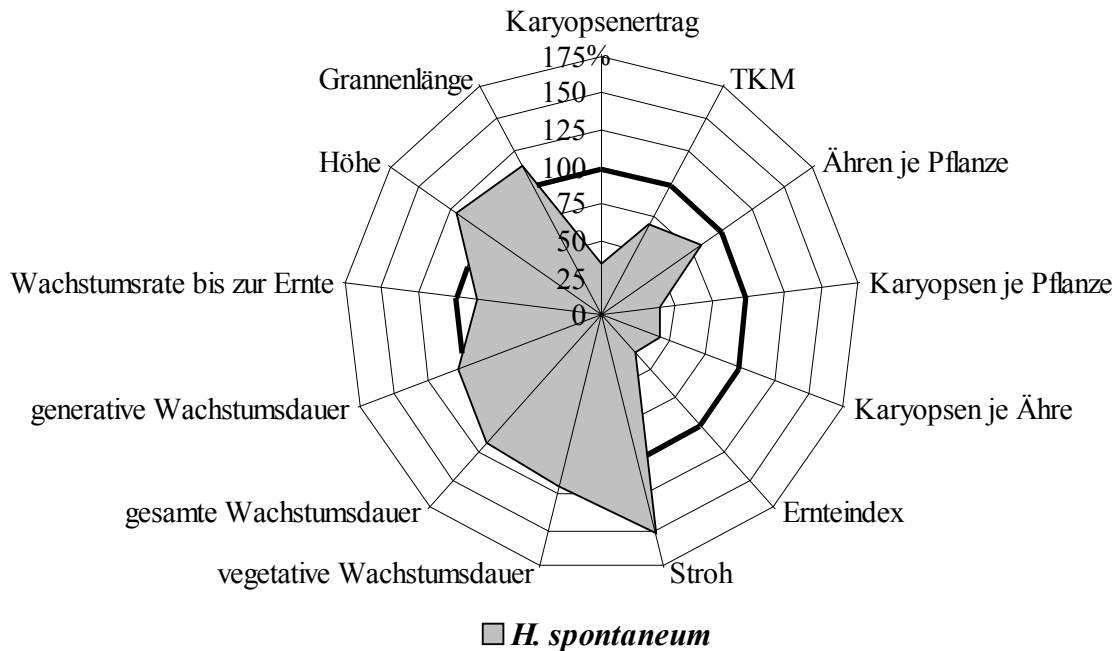


Abb. 4: Darstellung der erhobenen Merkmale für *H. spontaneum* (Mittelwert der geprüften Wildformen) als Relativwert bezogen auf das Mittel der Kultursorten (Mittelwert der Kultursorten = 100 %) für die Versuchsjahre 1999 und 2000.

Die Ertragsstrukturmerkmale Tausendkornmasse, Karyopsen je Ähre, Ähren je Pflanze und Karyopsen je Pflanze liegen zum Teil bei weniger als 50 % der Kulturelternleistung. Vor allem die niedrige Karyopsenzahl je Ähre bzw. je Pflanze, die auf der Spindelbrüchigkeit der *H. spontaneum* Linien beruht, fällt auf. Der Ertrag wird zusätzlich von der Tausendkornmasse beeinflusst, die bei den Kultursorten im Durchschnitt um mehr als zehn Gramm höher liegt, als bei den Wildformen. Der Ertrag der Wildformen liegt im Mittel entsprechend bei nur 1,8 g je Pflanze, der Kultursortenertrag bei 5,31 g je Pflanze (s. Tab. 7).

Bei Merkmalen, die den Ertrag ungünstig beeinflussen, die züchterische Bearbeitung also zu einer Verringerung im Merkmal geführt hat, erzielen die *H. spontaneum* Linien deutlich höhere Werte als die Kultursorten. Die Wildeltern haben jeweils statistisch nachweisbar höhere Werte in den Merkmalen Pflanzenhöhe, Stroh und Grannenlänge. Entsprechend liegt der Ernteindex bei den Kultursorten im Mittel bei 4,7, bei den Wildeltern aber nur bei 0,16.

Bei der vegetativen und der gesamten Wachstumsdauer erreichen die Wildformen höchst signifikant höhere Werte. Der Blühzeitpunkt (vegetative Wachstumsdauer) der Wildgersten war gegenüber dem der Kulturgersten um etwa 150 GDD (**G**rowing **D**egree **D**ay) verzögert.

Bei der generativen Wachstumsdauer war es als einzigem Merkmal nicht möglich die Unterschiede zwischen den Gruppen statistisch abzusichern.

Tab. 7: Mittelwerte der Gruppen Kultur - bzw. Wildeltern für die untersuchten Merkmale, sowie signifikante Unterschiede zwischen den Gruppen.

Merkmal	Kultureltern	Wildeltern	Signifikante ¹ Unterschiede zwischen den Gruppen
Karyopsenertrag (g/Pfl.)	5,31	1,80	***
TKM (g)	43,81	29,90	***
Ähren je Pflanze (Anz.)	5,48	4,49	***
Ernteindex	0,47	0,16	***
Karyopsen je Pflanze (Anz.)	121,42	47,73	***
Karyopsen je Ähre (Anz.)	22,31	9,39	***
Wachstumsrate bis zur Ernte (GDD)	0,0084	0,0071	1999: ** 2000: *** ²
Höhe (cm)	80,47	96,40	1999: *** 2000: *** ²
Grannenlänge (cm)	9,96	11,20	***
Stroh (g/Pfl.)	5,19	7,88	***
vegetativer Wachstumsdauer (GDD)	802,32	958,39	1999: *** 2000: *** ²
gesamte Wachstumsdauer (GDD)	1205,29	1391,68	1999: *** 2000: *** ²
generative Wachstumsdauer (GDD)	403,88	414,69	

¹ Signifikant bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von $\alpha = 0,01 \equiv **$, $\alpha = 0,001 \equiv ***$
² bei signifikanten Interaktionen zwischen Jahr und Elterngruppe wurde die varianz analytische Auswertung für die Versuchsjahre getrennt durchgeführt

Insgesamt konnten für alle Merkmale, außer der generativen Wachstumsdauer (n.s.) und der Wachstumsrate bis zur Ernte ($\alpha = 0,01$), statistische Unterschiede bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von mindestens 0,001 abgesichert werden.

Unterschiede konnten nicht nur zwischen den Elterngruppen, sondern ebenfalls innerhalb beider Gruppen statistisch abgesichert werden. Die Mittelwerte und die Ergebnisse der Mittelwertsvergleiche sind in den nachfolgenden Tabellen (Tab. 8 - Tab. 11) für die einzelnen Eltern getrennt nach *H. vulgare* und *H. spontaneum* dargestellt. Sowohl bei den Kultureltern, als auch bei den Wildformen konnten ausnahmslos für alle Merkmale signifikante Unterschiede bei einer Irrtumswahrscheinlichkeit von 0,05 nachgewiesen werden.

Der Sortenvergleich innerhalb *H. vulgare* zeigt, dass die ertragreichsten Sorten Harry und Lerche sich in ihrer Ertragsstruktur unterscheiden. Lerche ist im Bezug auf das Merkmal Ähren je Pflanze allen anderen Sorten überlegen, während die Sorte Harry mit der höchsten Tausendkornmasse und den meisten Karyopsen je Ähre, die niedrigste Zahl an Ähren je Pflanze aufweist. Harry ist, bei einem signifikant höheren Strohertrag, der Kultursorte Lerche im Merkmal Ernteindex signifikant unterlegen.

Tab. 8: Mittelwerte und Ergebnisse der multiplen Mittelwertsvergleiche bezogen auf die einzelnen Kultureltern in beiden Versuchsjahren für die Merkmale Karyopsenertrag, TKM, Ähren je Pflanze, Karyopsen je Pflanze, Karyopsen je Ähre, Stroh, und Ernteindex.

	Karyopsenertrag (g/Pfl.)	TKM (g)	Ähren je Pflanze (Anz.)	Karyopsen je Pflanze (Anz.)	Karyopsen je Ähre (Anz.)	Stroh (g/Pfl.)	Ernteindex
Apex	5,49 ab	47,50 b	5,14 de	115,49 c	22,60 bc	4,98 bc	0,49 a
Arena	4,79 c	39,13 h	5,51 abcd	122,67 bc	22,60 bc	4,68 c	0,47 bc
Aura	5,35 abc	43,73 de	5,23 cde	122,24 bc	23,33 b	5,57 ab	0,45 d
Beate	5,19 abc	42,79 ef	5,90 ab	121,12 bc	20,59 e	5,36 ab	0,45 d
Berolina	4,98 bc	45,17 cd	5,33 bcd	110,12 c	20,93 de	5,11 abc	0,45 d
Dorett	4,90 bc	40,51 gh	5,81 abc	121,28 bc	20,70 de	5,01 bc	0,46 cd
Golf	5,49 ab	45,47 c	5,57 abcd	119,90 bc	21,79 cd	5,05 bc	0,48 ab
Harry	5,70 a	49,88 a	4,63 e	113,67 c	24,73 a	5,71 a	0,46 cd
Klaxon	5,48 ab	42,16 f	5,74 abc	129,89 ab	22,86 bc	5,38 ab	0,46 cd
Lerche	5,75 a	41,62 fg	5,98 a	137,94 a	22,91 bc	5,08 bc	0,49 a

Gleiche Buchstaben zeigen, dass zwischen den Faktorstufen nach dem Tukey - Kramer multiplen Mittelwertsvergleich bei $\alpha = 0,05$ keine signifikanten Unterschiede bestehen.

Im Merkmal Pflanzenhöhe fällt die Sorte Aura, die älteste Sorte im geprüften Sortiment, mit einer gegenüber allen übrigen Sorten um mindestens 10 cm größeren Höhe auf. Die vegetative, generative und gesamte Wachstumsdauer wird anhand von Abb. 5 näher besprochen.

Tab. 9: Mittelwerte und Ergebnisse der multiplen Mittelwertsvergleiche bezogen auf die einzelnen Kultureltern in beiden Versuchsjahren für die Merkmale Höhe, Grannenlänge, vegetativer Wachstumsdauer, gesamte Wachstumsdauer, generative Wachstumsdauer, Wachstumsrate bis zur Ernte.

	Höhe (cm)	Grannenlänge (cm)	vegetative Wachstumsdauer (GDD)	generative Wachstumsdauer (GDD)	gesamte Wachstumsdauer (GDD)	Wachstumsrate bis zur Ernte (g/GDD)
Apex	81,24 b	10,20 b	684,03 f	525,34 a	1207,55 a	0,0084 abc
Arena	82,13 b	9,89 bd	797,90 c	407,76 d	1205,67 ab	0,0076 c
Aura	92,03 a	9,06 c	774,31 d	434,70 c	1198,76 c	0,0088 ab
Beate	75,78 e	10,81 a	827,11 b	383,54 e	1210,65 a	0,0084 abc
Berolina	77,70 cd	10,16 bd	828,69 b	380,43 e	1209,12 a	0,0080 bc
Dorett	77,66 cd	9,06 c	810,18 bc	398,75 de	1208,68 a	0,0079 bc
Golf	76,72 de	11,12 a	875,70 a	323,83 g	1199,53 bc	0,0085 abc
Harry	81,22 b	9,87 bd	864,33 a	341,30 gf	1205,95 a	0,0091 a
Klaxon	78,90 c	9,63 d	856,29 a	352,21 f	1208,50 a	0,0087 ab
Lerche	81,15 b	9,86 bd	711,30 e	487,25 b	1198,20 c	0,0087 ab

Gleiche Buchstaben zeigen, dass zwischen den Faktorstufen nach dem Tukey - Kramer multiplen Mittelwertsvergleich bei $\alpha = 0,05$ keine signifikanten Unterschiede bestehen.

Der Sortenvergleich innerhalb *H. spontaneum* zeigt, dass die Wildeltern, bezogen auf den Karyopsenertrag, geringe Unterschiede aufweisen. Eine Ausnahme stellen hier allerdings die Linien 41923 und 41925 mit einem signifikant höheren Ertrag, der annähernd das Niveau der

Kultursorten erreicht, dar. Diese Linien sind den Übrigen in fast allen Ertragsstrukturkomponenten signifikant überlegen. Der Strohertrag liegt bei der Sorte 41925 statistisch nachweisbar unter dem aller anderen Linien, diese Sorte weist unter den Wildformen den höchsten Ernteindex auf. Grundsätzlich muss berücksichtigt werden, dass die Spindelbrüchigkeit der Linien eine Beurteilung der ertragsrelevanten Merkmale erschwert und eine Interpretation entsprechend zurückhaltend erfolgen sollte.

Tab. 10: Mittelwerte und Ergebnisse der multiplen Mittelwertsvergleiche bezogen auf die einzelnen Wildeltern in beiden Versuchsjahren für die Merkmale Karyopsenertrag, TKM, Ähren je Pflanze, Karyopsen je Pflanze, Karyopsen je Ähre, Stroh, und Ernteindex.

	Karyopsenertrag (g/Pfl.)	TKM (g)	Ähren je Pflanze (Anz.)	Karyopsen je Pflanze (Anz.)	Karyopsen je Ähre (Anz.)	Stroh (g/Pfl.)	Ernteindex
101-23	0,76 b	24,34 ce	3,15 cd	24,07 b	8,59 bc	8,34 ac	0,06 c
1-B-30	0,36 b	17,57 dg	3,08 cd	17,62 b	4,92 cd	8,80 ac	0,04 c
1-B-86	0,29 b	14,53 fg	3,02 cd	17,24 b	6,70 bcd	9,54 ac	0,02 c
2-B-20	0,84 b	22,93 c	3,96 cd	27,43 b	6,21 cd	8,36 ac	0,07 c
42-6	0,53 b	26,14 ce	3,01 d	18,79 b	6,52 bcd	7,97 ac	0,05 c
42-8	0,12 b	18,49 bcdf	1,33 bcd	6,67 b	5,00 abcd	8,27 abc	0,01 c
41923	4,18 a	42,46 a	6,07 b	98,70 a	15,97 a	7,49 c	0,33 b
41925	4,05 a	41,96 a	7,23 a	96,81 a	13,64 a	4,85 b	0,42 a
41929	0,82 b	28,07 be	3,18 d	26,41 b	8,95 b	9,53 a	0,07 c
41936	0,42 b	21,96 cd	4,34 c	18,60 b	4,76 d	8,91 ac	0,04 c

Gleiche Buchstaben zeigen, dass zwischen den Faktorstufen nach dem Tukey - Kramer multiplen Mittelwertsvergleich bei $\alpha = 0,05$ keine signifikanten Unterschiede bestehen.

Tab. 11: Mittelwerte und Ergebnisse der multiplen Mittelwertsvergleiche bezogen auf die einzelnen Wildeltern in beiden Versuchsjahren für die Merkmale Höhe, Grannlänge, vegetativer Wachstumsdauer, Gesamte Wachstumsdauer, Generative Wachstumsdauer, Wachstumsrate bis zur Ernte.

	Höhe (cm)	Grannlänge (cm)	vegetative Wachstumsdauer (GDD)	generative Wachstumsdauer (GDD)	gesamte Wachstumsdauer (GDD)	Wachstumsrate bis zur Ernte (g/GDD)
101-23	107,36 ag	12,50 a	1133,57 bc	409,01 de	1495,25 a	0,0063 a
1-B-30	103,83 abe	10,83 ab	1273,98 a	264,97 f	1508,12 a	0,0059 a
1-B-86	87,50 cde	10,00 ab	1190,96 ab	380,71 bcd	1511,17 a	0,0064 a
2-B-20	112,04 a	11,92 a	1084,83 cd	362,57 d	1428,20 b	0,0065 a
42-6	103,88 efg	11,21 ab	1146,03 b	299,17 bf	1448,12 b	0,0059 a
42-8	n. b.	n. b.	n. b.	n. b.	1447,54 b	0,0058 ab
41923	96,35 bc	11,80 a	757,09 f	483,20 e	1237,39 e	0,0091 b
41925	78,82 d	10,83 ab	646,77 g	570,58 a	1217,35 e	0,0070 a
41929	97,74 bcf	10,12 b	1038,57 d	354,99 d	1396,61 c	0,0075 a
41936	103,69 eg	11,06 ab	924,42 e	434,10 ce	1359,51 d	0,0069 a

Gleiche Buchstaben zeigen, dass zwischen den Faktorstufen nach dem Tukey - Kramer multiplen Mittelwertsvergleich bei $\alpha = 0,05$ keine signifikanten Unterschiede bestehen.

Im Merkmal Pflanzenhöhe hebt sich die Linie 41925 mit einer Höhe von weniger als 80 cm von den übrigen geprüften Linien im Sortiment ab. Die vegetative, generative und gesamte Wachstumsdauer, die bei den Wildformen stark schwankten, wird anhand von Abb. 6 näher besprochen. Der Vergleich der *H. spontaneum* Linien lässt kein einheitliches Muster in Bezug auf die geographische Herkunft innerhalb Israels, soweit sie bekannt ist, erkennen.

In den nachfolgenden Abbildungen sind die vegetativen und generativen Wachstumsdauern der geprüften Elternlinien für die Kultursorten und die Wildformen getrennt dargestellt.

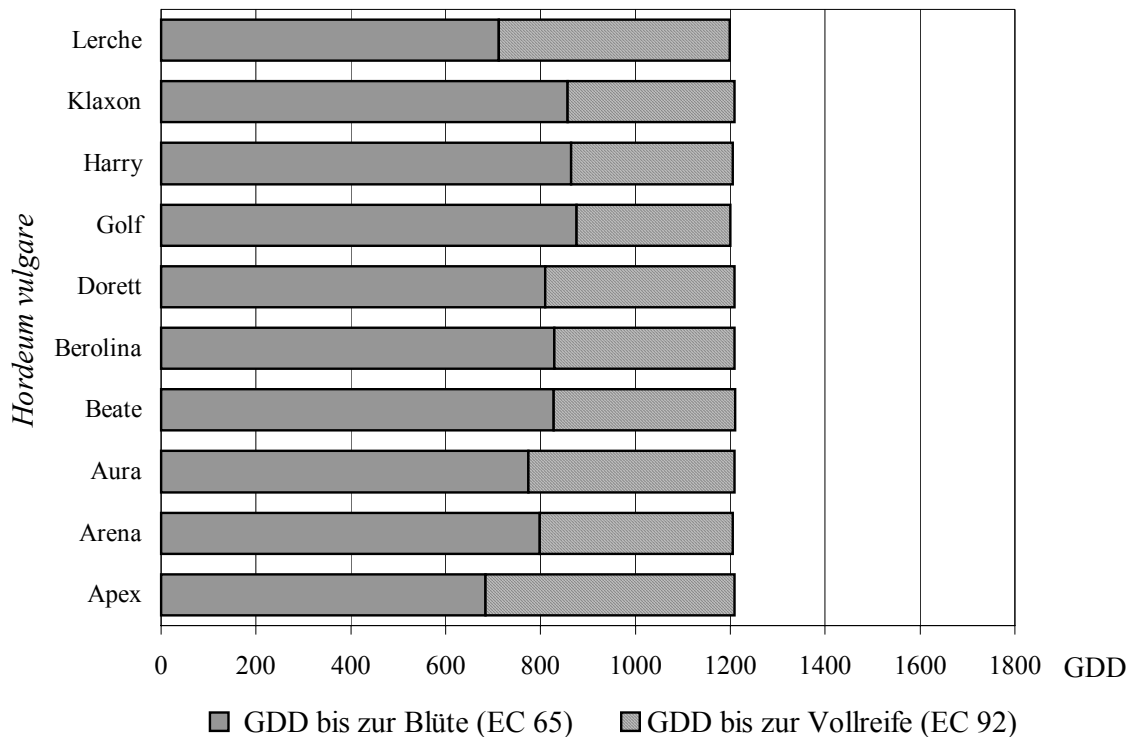


Abb. 5: Entwicklungsgeschwindigkeit der Kultursorten (*H. vulgare*) anhand der täglichen Temperatursummen (GDD) im Durchschnitt der Versuchsjahre 1999 und 2000.

Bei dem *H. vulgare* Sortiment findet die Blüte statt bevor 900 GDD erreicht werden. Die Vollreife wird bei etwa 1200 GDD erreicht. Die beiden Sorten Harry und Lerche, die die höchsten Erträge erzielen konnten zeigen, gemessen an den geprüften Kultursorten, einen deutlich unterschiedlichen Wachstumsverlauf. Harry hat eine lange vegetative Wachstumsdauer, die generative Wachstumsdauer ist die zweitkürzeste im Sortiment. Lerche dagegen hat eine kurze vegetative Wachstumsdauer und die längste generative Wachstumsdauer. Insgesamt liegen die Werte der vegetativen Wachstumsdauer zwischen 680 und 860 GDD und die der generativen zwischen 320 und 490 GDD. Die gesamte Wachstumsdauer unterscheidet sich bei den Sorten kaum.

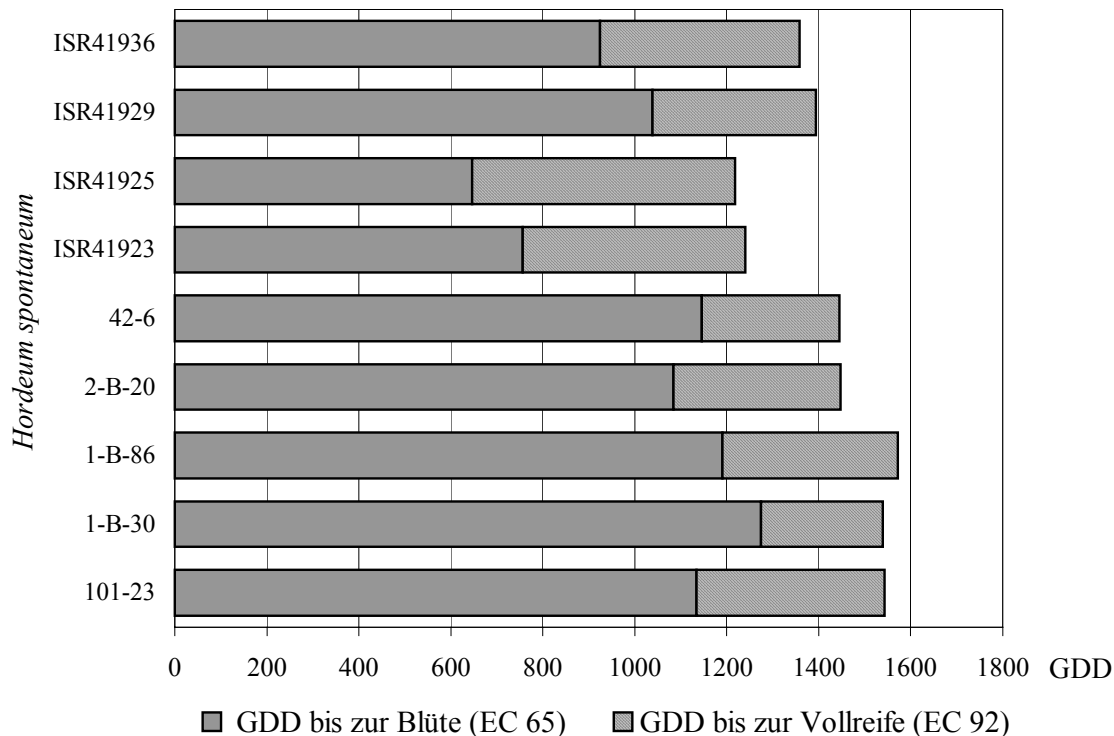


Abb. 6: Entwicklungsgeschwindigkeit der Wildformen (*H. spontaneum*) anhand der täglichen Temperatursummen (GDD) im Durchschnitt der Versuchsjahre 1999 und 2000.

Die Wildformen erreichen die Blüte (EC 65) deutlich später als die Kultursorten. Mit Ausnahme der Linien 41923 und 41925 blühen sie erst bei etwa 1000 GDD. Die Werte liegen hier im gesamten Sortiment zwischen 647 und 1274 GDD. Die generative Wachstumsdauer liegt zwischen 264 und 570 GDD und auch bei der gesamten Wachstumsdauer treten Unterschiede von etwa 300 GDD im Sortiment auf.

Beim Vergleich der Kultur- und Wildeltern fällt auf, dass die Wildeltern einen langsameren Wachstumsverlauf haben und sich innerhalb des Sortiments unterschiedlicher entwickeln als die Wildeltern. Die *H. spontaneum* Linien 41923 und 41925, die die höchsten Erträge aufweisen, entwickeln sich am schnellsten, d.h. fast mit der Geschwindigkeit der Kultursorten.

Zur Darstellung der Beziehungen zwischen den erhobenen Merkmalen wurden die entsprechenden Korrelationskoeffizienten, jeweils getrennt für die Kultur- und Wildeltern, berechnet (Tab. 12).

Innerhalb des Kulturgerstensortiments konnten in fast allen Fällen signifikante bis sehr hoch signifikante Beziehungen nachgewiesen werden. In einigen Fällen war es nicht möglich, Zusammenhänge statistisch abzusichern. In diesen Fällen lagen die Korrelationskoeffizienten grundsätzlich unter 0,05.

Straffe und sehr hoch signifikante Beziehungen konnten zwischen dem Karyopsenertrag und den Merkmalen Stroh, Ähren je Pflanze und Karyopsen je Pflanze nachgewiesen werden. Die

Ähren je Pflanze standen zu den Merkmalen Stroh und Karyopsen je Pflanze in einem straffen sehr hoch signifikanten Zusammenhang. Alle übrigen Korrelationskoeffizienten waren nicht größer als 0,36, die Beziehungen waren allerdings häufig sehr hoch signifikant.

Tab. 12: Korrelationskoeffizienten zwischen ausgewählten Merkmalen innerhalb der Gerstensortimente *H. vulgare* (*H. vu.*) und *H. spontaneum* (*H. sp.*).

		(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)	(8)	(9)	(10)
Karyopsenertrag (1)	<i>H. vu.</i>	0,84***	0,32***	0,82***	0,27***	0,93***	0,35***	0,04	-0,04	0,11***
	<i>H. sp.</i>	-0,16**	0,79***	0,82***	0,74***	0,98***	0,89***	-0,51***	-0,70***	-0,66***
Stroh (2)	<i>H. vu.</i>		0,16***	0,79***	0,11***	0,82***	-0,19***	0,12***	0,03	0,02
	<i>H. sp.</i>		-0,22***	-0,01	-0,20***	-0,12*	-0,45***	0,39***	0,39***	0,20***
TKM (3)	<i>H. vu.</i>			-0,09***	0,15***	-0,03	0,30***	-0,04	0,09***	0,14***
	<i>H. sp.</i>			0,61***	0,65***	0,74***	0,83***	-0,50***	-0,70***	-0,66***
Ähren je Pflanze (4)	<i>H. vu.</i>				-0,18***	0,91***	0,12***	-0,04	-0,04	0,10***
	<i>H. sp.</i>				0,37***	0,83***	0,71***	-0,45***	-0,67***	-0,54***
Karyopsen je Ähre (5)	<i>H. vu.</i>					0,23***	0,33***	0,20***	-0,09**	-0,09***
	<i>H. sp.</i>					0,76***	0,75***	-0,42***	-0,58***	-0,57***
Karyopsen je Pflanze (6)	<i>H. vu.</i>						0,26***	0,06*	-0,09**	0,05
	<i>H. sp.</i>						0,88***	-0,49***	-0,70***	-0,65***
Ernteindex (7)	<i>H. vu.</i>							-0,14***	-0,15***	0,16***
	<i>H. sp.</i>							-0,69***	-0,83***	-0,71***
Höhe (8)	<i>H. vu.</i>								-0,30***	-0,40***
	<i>H. sp.</i>								0,65***	0,44***
vegetative Wachstumsdauer (9)	<i>H. vu.</i>									0,25***
	<i>H. sp.</i>									0,70***
gesamte Wachstumsdauer (10)	.									.

Bei den Wildgersten zeigten sich sehr straffe positive Beziehungen zwischen dem Karyopsenertrag und den Merkmalen Tausendkornmasse, Ähren je Pflanze, Karyopsen je Ähre, Karyopsen je Pflanze und Ernteindex. Auch untereinander zeigten sich häufig sehr straffe Beziehungen zwischen den zuletzt genannten Merkmalen. Bei den *H. spontaneum* Linien traten einige negative Beziehungen mit Korrelationskoeffizienten $> |0,70|$ auf. Die vegetative Wachstumsdauer stand in einer straffen negativen Beziehung zu den Merkmalen Karyopsenertrag, Karyopsen je Pflanze und Ernteindex, die gesamte Wachstumsdauer und der Ernteindex waren ebenfalls straff negativ korreliert.

Im Gegensatz zu den Korrelationskoeffizienten innerhalb des Kulturgerstensortiments waren die übrigen Beziehungen häufig negativ und die Korrelationskoeffizienten lagen zwischen $|0,01|$ und $|0,69|$.

Ergänzend zur reinen phänotypischen Beschreibung der Elternlinien wurden die Heritabilitäten der untersuchten Merkmale für das Sortiment der Kultureltern berechnet (Tab. 13). Die Heritabilität beschreibt die relative Bedeutung der genotypischen an der phänotypischen Varianz, also die relative Bedeutung des für die Pflanzenzüchtung nutzbaren Teils der Varianz, an der gesamten messbaren Varianz. Die Heritabilität beschreibt die Erblichkeit eines Merkmals. Zur Berechnung der Heritabilität wurde eine Varianzkomponentenschätzung durchgeführt.

Für die einzelnen Merkmale zeigten sich unterschiedliche Heritabilitäten, 0,34 – 0,96, die größte Erblichkeit konnte hierbei bei der generativen und vegetativen Wachstumsdauer, den Karyopsen je Ähre, der Höhe und der Tausendkornmasse nachgewiesen werden.

Tab. 13: Heritabilitäten der untersuchten Merkmale über zwei Versuchsjahre bezogen auf die Kultursorten.

Hohe Heritabilität		Mittlere Heritabilität		Niedrige Heritabilität	
Merkmal	h^2	Merkmal	h^2	Merkmal	h^2
generative Wachstumsdauer	0,96	Ähren je Pflanze	0,89	gesamte Wachstumsdauer	0,56
vegetative Wachstumsdauer	0,95	Grannenlänge	0,79	Ernteindex	0,34
Karyopsen je Ähre	0,93	Karyopsen je Pflanze	0,73	Karyopsenertrag	0,54
Pflanzenhöhe	0,93	Wachstumsrate bis zur Ernte	0,62	Stroh	0,50
TKM	0,91				

4.2 Kreuzungsnachkommen

Nachfolgend werden die Entwicklung der Mittelwerte und Varianzen der Kreuzungsnachkommen und ihre Übereinstimmung mit den jeweiligen theoretischen Erwartungen behandelt. Danach werden die Ergebnisse der der Berechnung der allgemeinen und spezifischen Kombinationseignung für die untersuchten Populationen dargestellt und das transgressive Potential der Kreuzungsnachkommen für das Merkmal Karyopsenertrag besprochen.

4.2.1 Nachkommenschaftsmittelwerte und theoretische Erwartungen

Im folgenden Kapitel soll die Entwicklung der Mittelwerte mit zunehmender Rückkreuzungsgeneration für die untersuchten Merkmale dargestellt und mit den theoretischen Erwartungen nach COX (1984a) verglichen werden. Die Betrachtung erfolgt zunächst auf der Ebene des gesamten Faktoriells. Im Anschluss werden die empirisch erhobenen Daten mit einer modifizierten theoretischen Erwartung verglichen. Hierbei wird das Modell von Cox nicht auf die Kreuzungseltern bezogen, sondern auf die Daten, die in der BC₁ erhoben wurden. Diese modifizierte Berechnung der theoretischen Werte wurde durchgeführt, da sich eine präzise Evaluierung der *H. spontaneum* Linien, vor allem bei den Merkmalen, die von der Spindelbrüchigkeit beeinflusst werden, unter den Bedingungen eines Feldversuchs dieser Größenordnung sehr problematisch gestaltete.

Die Betrachtung der Entwicklung der Mittelwerte und der Vergleich mit den theoretischen Erwartungen werden dann auf der Ebene der Kreuzungseltern und der einzelnen Kreuzungskombinationen fortgesetzt.

Die Mittelwerte für die vier Rückkreuzungsgenerationen (BC₁ – BC₄) über das **gesamte unvollständige Faktoriell** wurden gebildet und mit den Mittelwerten der Kultur- und Wildeltern verglichen (s. Tab. 14). Die Merkmale Karyopsen je Pflanze, Karyopsen je Ähre, Stroh, Ernteindex, Grannenlänge, gesamte Wachstumsdauer und Wachstumsrate bis zur Ernte lagen in der Spannbreite beider Elterngruppen. Der Karyopsenertrag, die Tausendkornmasse und die Höhe lagen in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₃ ebenfalls in der Spannbreite der Eltern. In der BC₄ übertraf der Mittelwert der Kreuzungsnachkommen das Kulturelternmittel geringfügig, beim Merkmal Höhe wurde das Mittel der Kultureltern leicht unterschritten.

Die Mittelwerte der Nachkommen lagen bei den übrigen Merkmalen, Ähren je Pflanze, vegetative und generative Wachstumsdauer in allen Rückkreuzungsgenerationen durchgängig außerhalb der Spannbreite der beiden Elterngruppen.

Die Mittelwerte aller Merkmale, außer den zuletzt genannten, entwickelten sich von der BC₁ zur BC₄ kontinuierlich in Richtung des Kultureltermittels, d.h. bei den Merkmalen bei denen der Kulturelter höhere Werte erzielte stiegen die Mittelwerte der Nachkommen in jeder Rückkreuzungsgeneration an, bei den Übrigen sanken sie.

Tab. 14: Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen für das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen *per se* und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Merkmal	Wild- elter	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄		Kultur- elter
		t	m	t	m	t	m	t	m	
Karyopsenertrag (g/Pfl.)	1,27	4,33		4,84		5,16		5,35		5,32
Tausendkornmasse (g)	26,05	43,2	↑	43,7	↑	43,8		43,9		43,8
Ähren je Pflanze (Anz.)	3,87	5,72		5,71		5,71		5,70		5,50
Karyopsen je Pflanze (Anz.)	36	100		111		118		122		122
Karyopsen je Ähre (Anz.)	8,2	17,5	↓	19,6	↓	21,0	↓	21,8	↓	22,3
Stroh (g/Pfl.)	8,18	5,75		5,72		5,71		5,50		5,19
Ernteindex	0,11	0,39		0,42		0,44		0,46		0,47
Höhe (cm)	98,9	82,7	↓	82,0		80,9		79,8		80,3
Grannenlänge (cm)	11,1	10,8		10,4		10,4		10,2		10,0
veg. Wachstumsdauer (GDD)	1018	744	↓	766	↓	788	↓	779	↓	802
gen. Wachstumsdauer (GDD)	396	467	↑	445	↑	421		428		403
ges. Wachstumsdauer (GDD)	1403	1210	↓	1208	↓	1208	↓	1205		1205
Wachstumsrate bis Ernte (g/GDD)	0,0067	0,0081		0,0085		0,0087		0,0087		0,0084

↑↓=Abweichungen der Mittelwerte von der theoretischen Erwartung t bzw. m fallen unter Heranziehung der Grenzdifferenz für den paarweisen Vergleich von Mittelwerten aus dem Tukey Test der Kultureltern bei p=0,05 signifikant aus.

Bei einigen Merkmalen konnten Abweichungen vom theoretischen Modell statistisch abgesichert werden (s. Tab. 14). Die Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen sind relativ zur Differenz der beiden Elterngruppen und zur theoretischen Erwartung in der nachfolgenden Abbildung aufgetragen (Abb. 7). Die Merkmale, bei denen die Kultur - die Wildeltern übertreffen, sind in der oberen und die anderen Merkmale in der unteren Grafik dargestellt.

In früheren Rückkreuzungsgenerationen konnten mehr signifikante Unterschiede nachgewiesen werden, als in späteren. Für die Tausendkornmasse und die generative Wachstumsdauer lagen die Nachkommenschaftsmittelwerte in der BC₁ und BC₂ signifikant über der theoretischen Erwartung. Unter der Erwartung lagen die Ergebnisse der Merkmale Karyopsen je Ähre (BC₁ - BC₄), Höhe (BC₁), vegetative (BC₁ - BC₄) und gesamte Wachstumsdauer in der BC₁ - BC₃. Für alle übrigen untersuchten Merkmale traten, keine signifikanten Abweichungen von der theoretischen Erwartung auf.

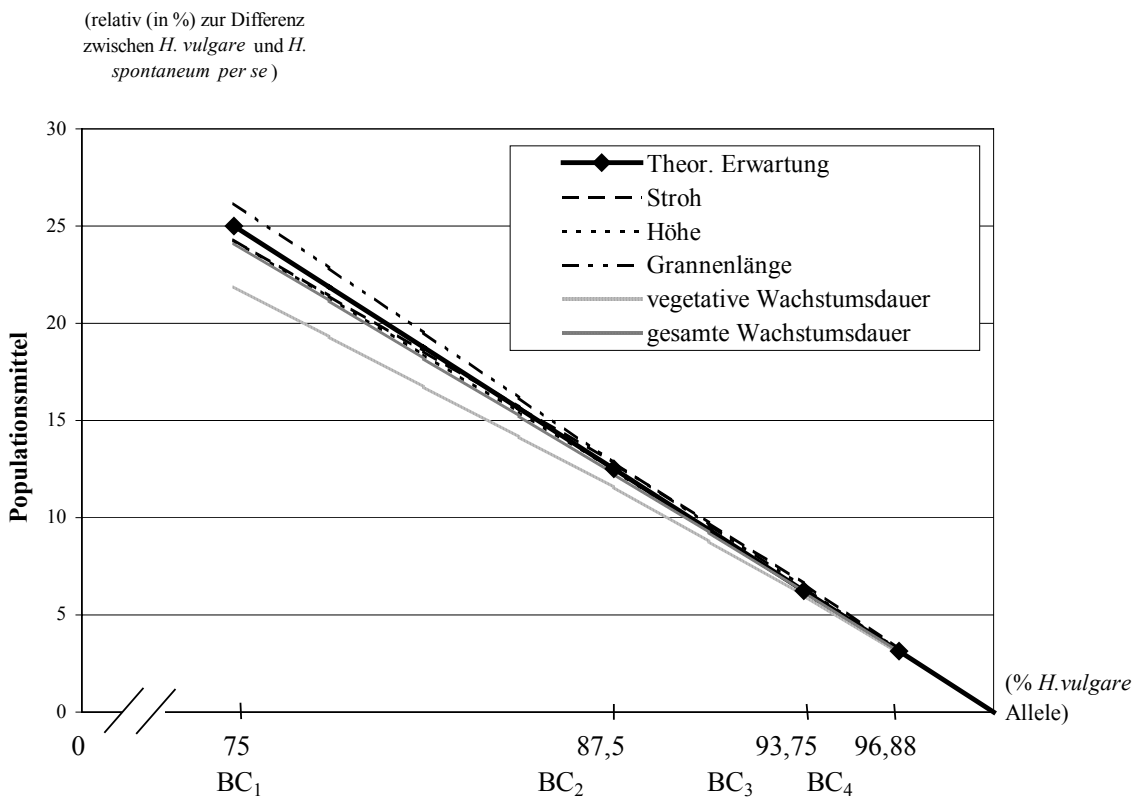
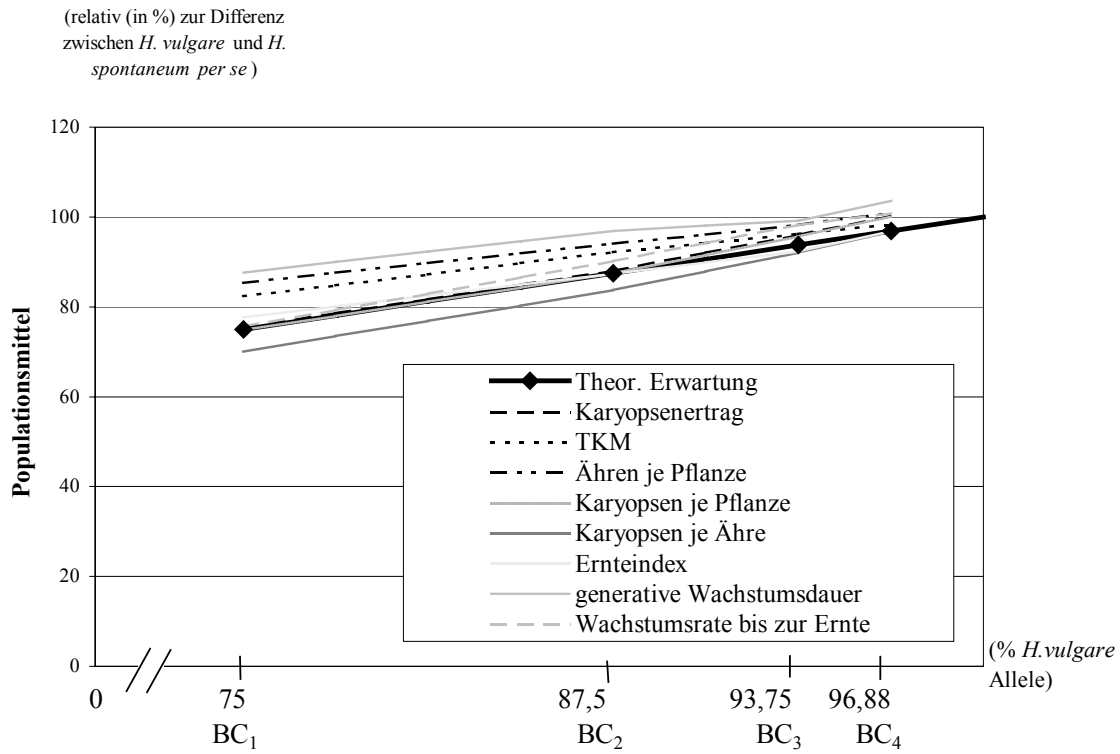


Abb. 7: Populationsmittel von vier Rückkreuzungsgenerationen (BC₁ bis BC₄) für verschiedene Merkmale über die Nachkommenschaften von dreißig Kreuzungskombinationen aus einem unvollständigen Faktoriell von *H. vulgare***H. spontaneum* in Relation zur Differenz zwischen den Elternleistungen *per se* und der daraus resultierenden theoretischen Erwartung nach COX (1984a), basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.

Zusätzlich zur Berechnung der theoretischen Erwartung nach COX (1984a) wurde eine modifizierte theoretische Erwartung berechnet. Die modifizierte theoretische Erwartung unterscheidet sich nur im Hinblick auf die Datenbasis von der theoretischen Erwartung nach Cox. Zur Berechnung der theoretischen Erwartung nach Cox werden die Eltern, hier also die Wildformen und die Kultursorten, als Datengrundlage verwendet. Wie bereits in Kapitel 3.2.4 erläutert, erwies sich die Evaluierung der *H. spontaneum* Linien im Rahmen eines Feldversuchs als sehr problematisch. Vor allem bei Merkmalen, die von der Spindelbrüchigkeit der Wildformen beeinflusst werden, erscheint hier eine Niveauverschiebung der theoretischen Erwartung nach Cox möglich.

Daher wurden bei der Berechnung der modifizierten theoretischen Erwartung die jeweiligen Mittelwerte der Kreuzungsnachkommenschaften in der ersten Rückkreuzungsgeneration, der BC₁, verwendet. Entsprechend konnten die theoretischen Erwartungen erst ab der BC₂ berechnet werden.

In der nachfolgenden Grafik sind die Nachkommenschaftsmittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen relativ zur Differenz der beiden Elterngruppen und zur modifizierten theoretischen Erwartung aufgetragen (Abb. 8). Die Merkmale, bei denen die Kultureltern die Wildeltern übertreffen, sind in der oberen, die anderen Merkmale in der unteren Grafik dargestellt.

Insgesamt ist die Abweichung der empirischen Ergebnisse der Merkmale geringer als bei der theoretischen Erwartung nach Cox. Hierbei muss berücksichtigt werden, dass die BC₁, die bei dem theoretischen Modell nach Cox, die stärksten Abweichungen aufwies, bei der Berechnung der modifizierten theoretischen Erwartungen für die empirischen Ergebnisse nicht berücksichtigt werden kann.

Andererseits konnten für verschiedene Merkmale signifikante Abweichungen der empirischen Werte vom theoretischen Modell nach Cox auch in der BC₂ – BC₄ gefunden werden (s. Tab. 14), Abweichungen der empirischen Werte von den modifizierten theoretischen Erwartungen konnten in keinem Fall nachgewiesen werden.

Die Ergebnisse der modifizierten theoretischen Erwartung werden entsprechend auch bei der Betrachtung auf der Ebene der Kreuzungseltern bzw. der einzelnen Kreuzungskombinationen berücksichtigt und sind im Anhang (Tab. A17 - Tab. A29) jeweils neben den theoretischen Erwartungen nach Cox aufgeführt.

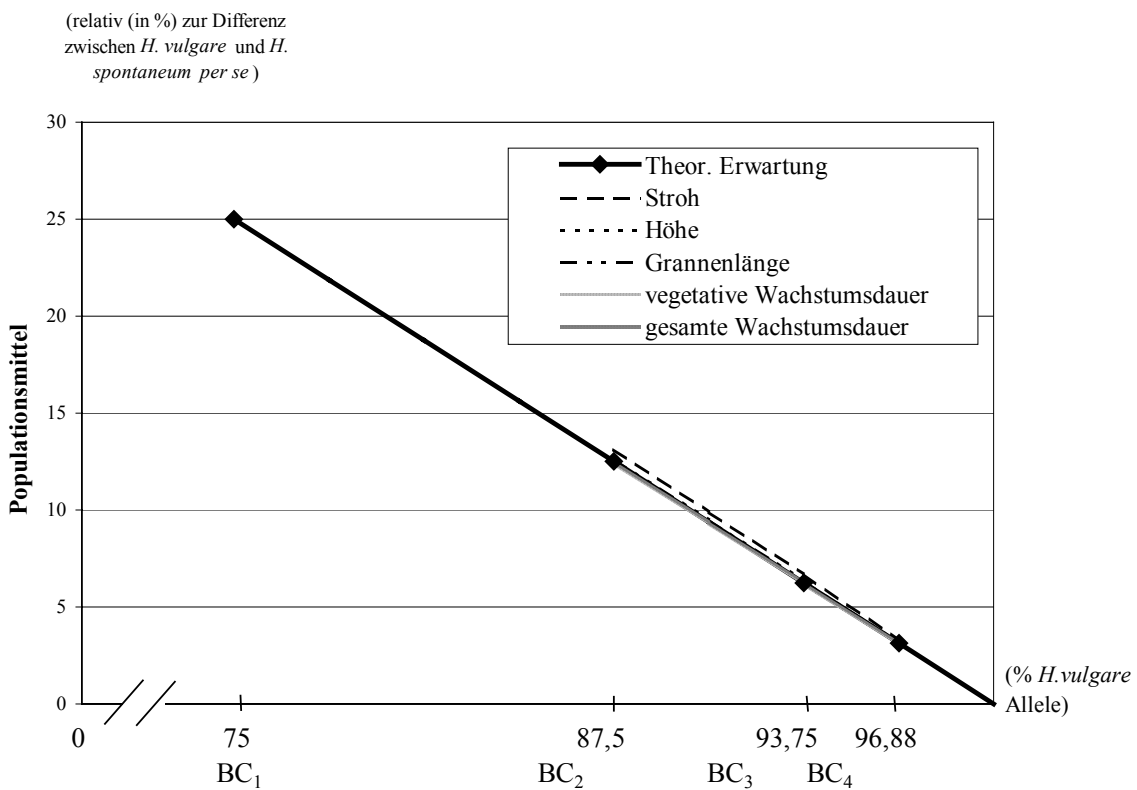
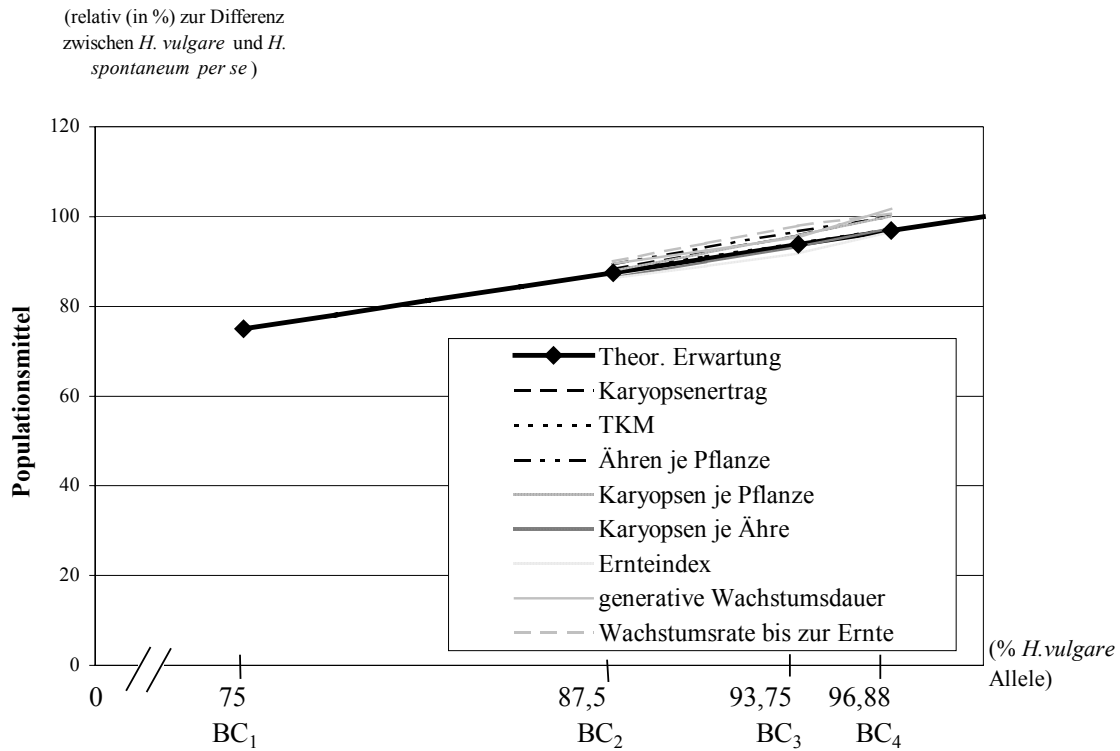


Abb. 8: Populationsmittel von drei Rückkreuzungsgenerationen (BC₂ bis BC₄) für verschiedene Merkmale über die Nachkommenschaften von dreißig Kreuzungskombinationen aus einem unvollständigen Faktoriell von *H. vulgare***H. spontaneum* in Relation zur Differenz zwischen den Elternleistungen *per se* und der daraus resultierenden theoretischen Erwartung, bezogen auf die BC₁, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.

Auf der Ebene der Nachkommenschaften der **einzelnen Kreuzungseltern** wird auf die grafische Darstellung aller untersuchten Merkmale verzichtet (s. Tab. A17 - Tab. A29). In den nachfolgenden Abschnitten wird die Entwicklung der Mittelwerte im Verlauf der Rückkreuzungsgenerationen exemplarisch anhand der Merkmale Karyopsenertrag, Karyopsen je Pflanze und Höhe besprochen.

Diese Merkmale wurden ausgewählt, da sie unterschiedliche Heritabilitäten besitzen (s. Tab. 13), der Karyopsenertrag hat eine niedrige, die Karyopsen je Pflanze eine mittlere und die Höhe eine hohe Heritabilität.

Bei der grafischen Darstellung der ausgewählten Merkmale (Abb. 9 - Abb. 11) sind die Mittelwerte der Nachkommenschaften einzelner Kreuzungseltern in den Rückkreuzungsgenerationen relativ zur Differenz der beiden Elternsortimente und zur theoretischen Erwartung nach Cox aufgetragen. In der jeweils oberen Grafik werden die Nachkommenschaften einzelner Kultureltern in allen vorhandenen Kreuzungskombinationen dargestellt. In der jeweils unteren findet sich analog die Darstellung anhand der einzelnen Wildeltern.

Angaben zu den Mittelwerten und zu den Abweichungen vom theoretischen Modell nach Cox, bzw. dem modifizierten theoretischen Modell für alle Merkmale, finden sich im Anhang (Tab. A17 - Tab. A29).

Die Nachkommenschaftsmittelwerte über die einzelnen Kultur - bzw. Wildeltern stiegen für das Merkmal **Karyopsenertrag** in den meisten Fällen von der BC_1 zur BC_4 kontinuierlich an (Tab. A17 und Abb. 9). Bei den Eltern Arena, Harry, Klaxon, 101 - 23, 1 - B - 86, 42 - 8 und 41929 stiegen die Mittelwerte bis zur BC_3 an und sanken danach leicht ab. Bei den Kultureltern Apex und Golf sanken die Mittelwerte bereits nach der BC_2 , bei der Sorte Dorett nach der BC_1 ab, um in den folgenden Generationen wieder zu steigen.

Das Niveau der Kultureltern wurde in fast allen Fällen erreicht oder übertroffen, mit Ausnahme des Kultureltern Golf (BC_2) entweder in der BC_3 oder in der BC_4 . Signifikante Abweichungen vom theoretischen Modell nach Cox traten bei den Nachkommenschaftsmittelwerten der Kultursorte Klaxon und der Wildform 41925 auf. Abweichungen vom modifizierten theoretischen Modell konnten statistisch nicht abgesichert werden.

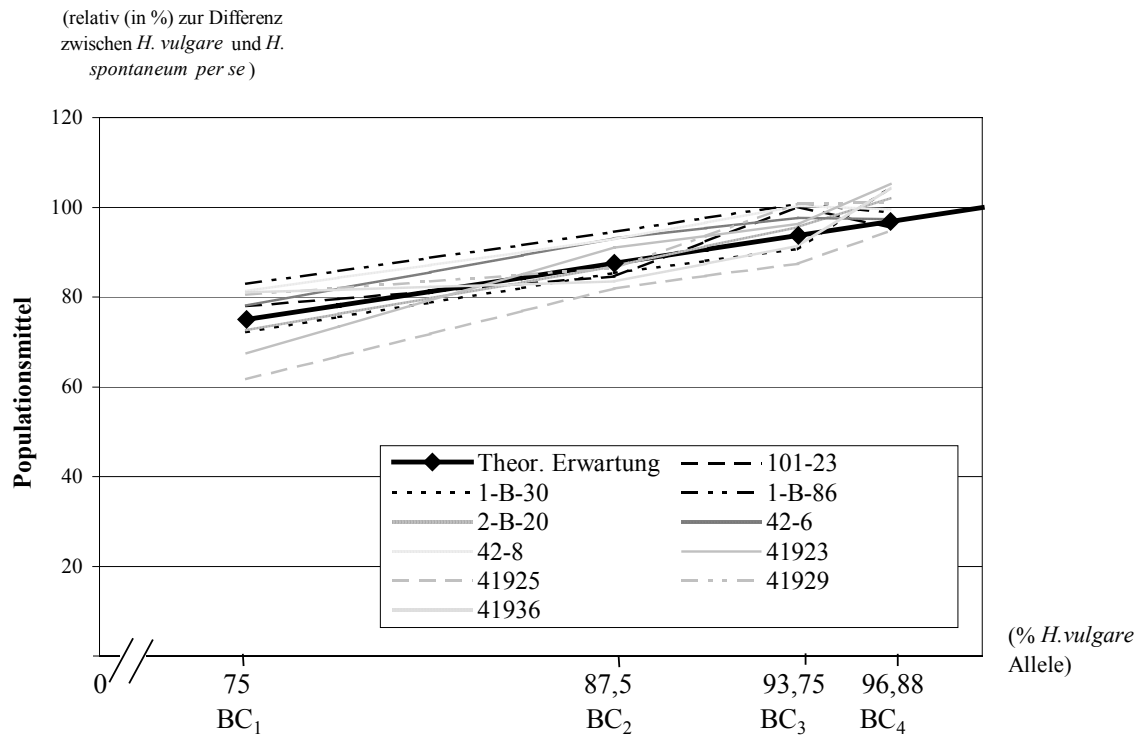
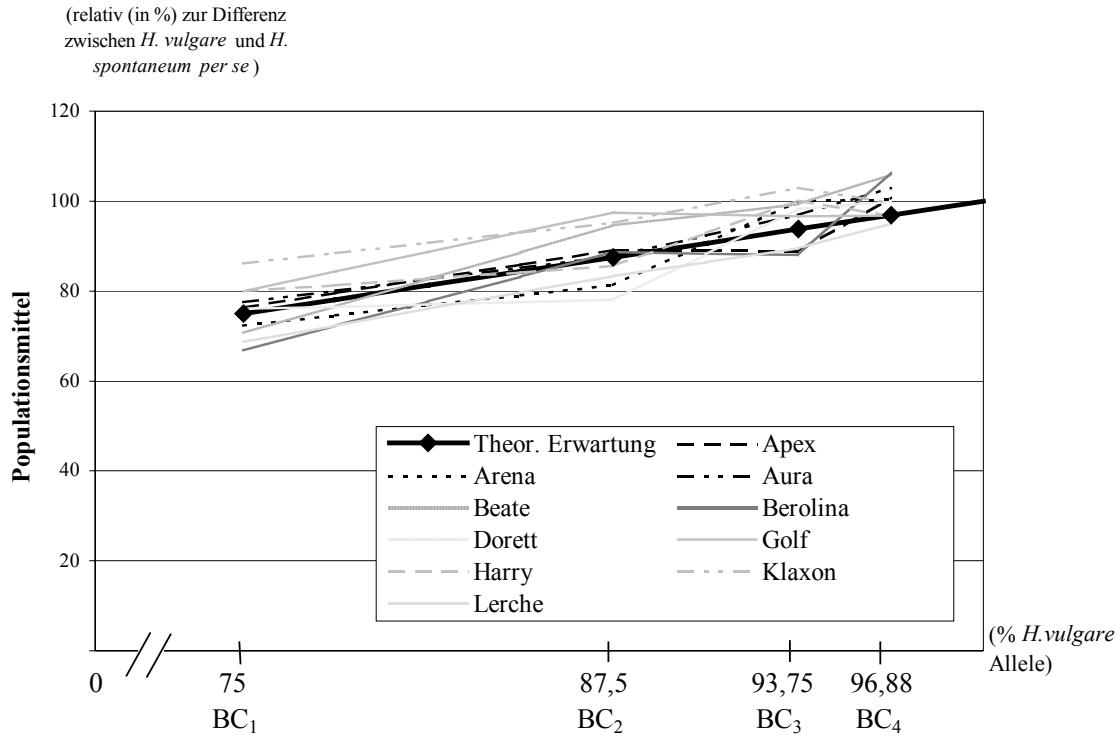


Abb. 9: Populationsmittel von vier Rückkreuzungsgenerationen (BC₁ bis BC₄) im Merkmal **Karyopsenertrag** für die Nachkommenschaften von jeweils zehn Kulturgersten (oben) und zehn Wildgersten (unten) aus einem unvollständigen Faktoriell von *H. vulgare** *H. spontaneum* in Relation zur Differenz zwischen den Elternleistungen *per se* und der daraus resultierenden theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.

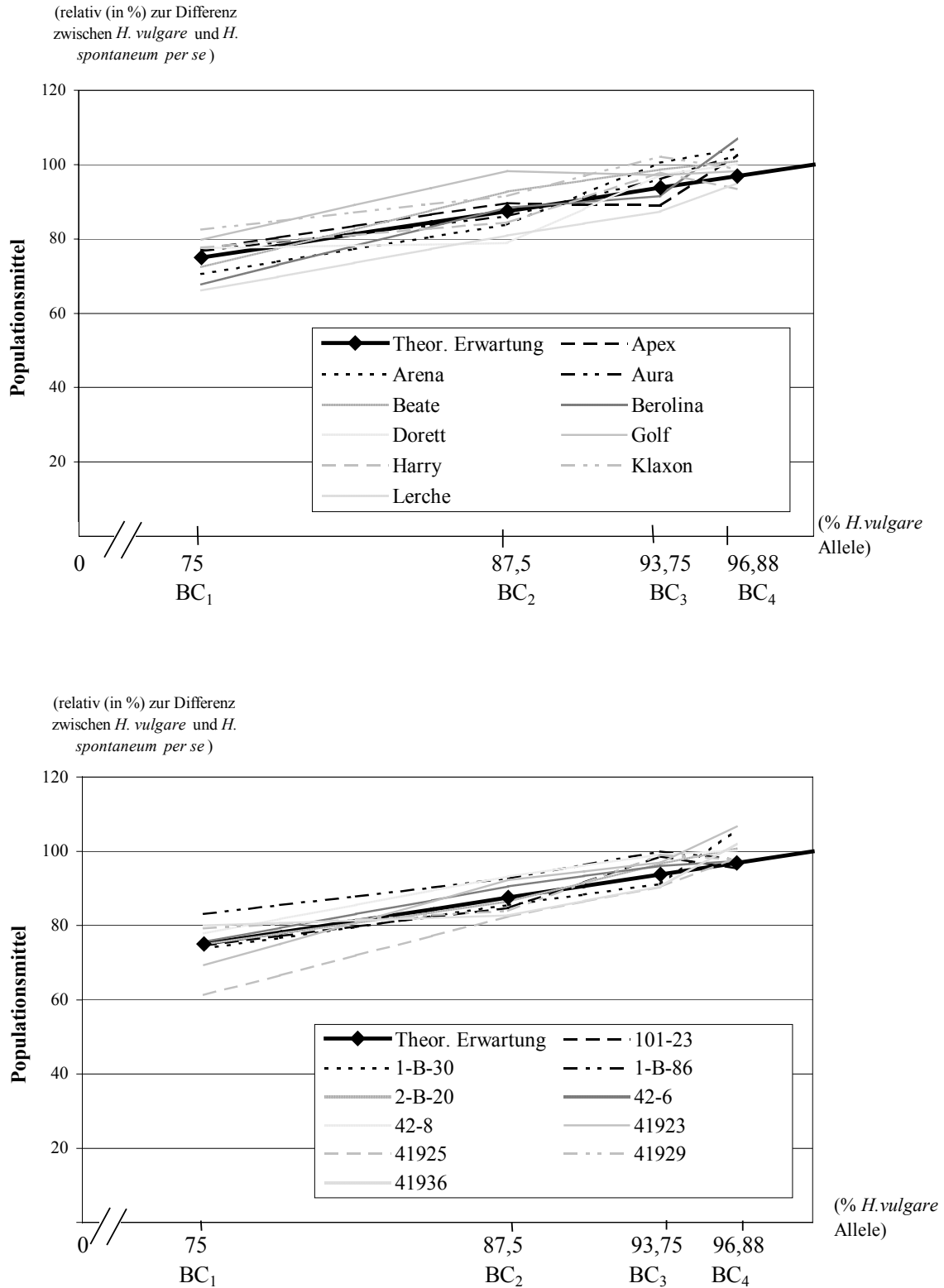


Abb. 10: Populationsmittel von vier Rückkreuzungsgenerationen (BC₁ bis BC₄) im Merkmal **Karyopsen je Pflanze** für die Nachkommenschaften von jeweils zehn Kulturgersten (oben) und zehn Wildgersten (unten) aus einem unvollständigen Faktoriell von *H. vulgare** *H. spontaneum* in Relation zur Differenz zwischen den Elternleistungen *per se* und der daraus resultierenden theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.

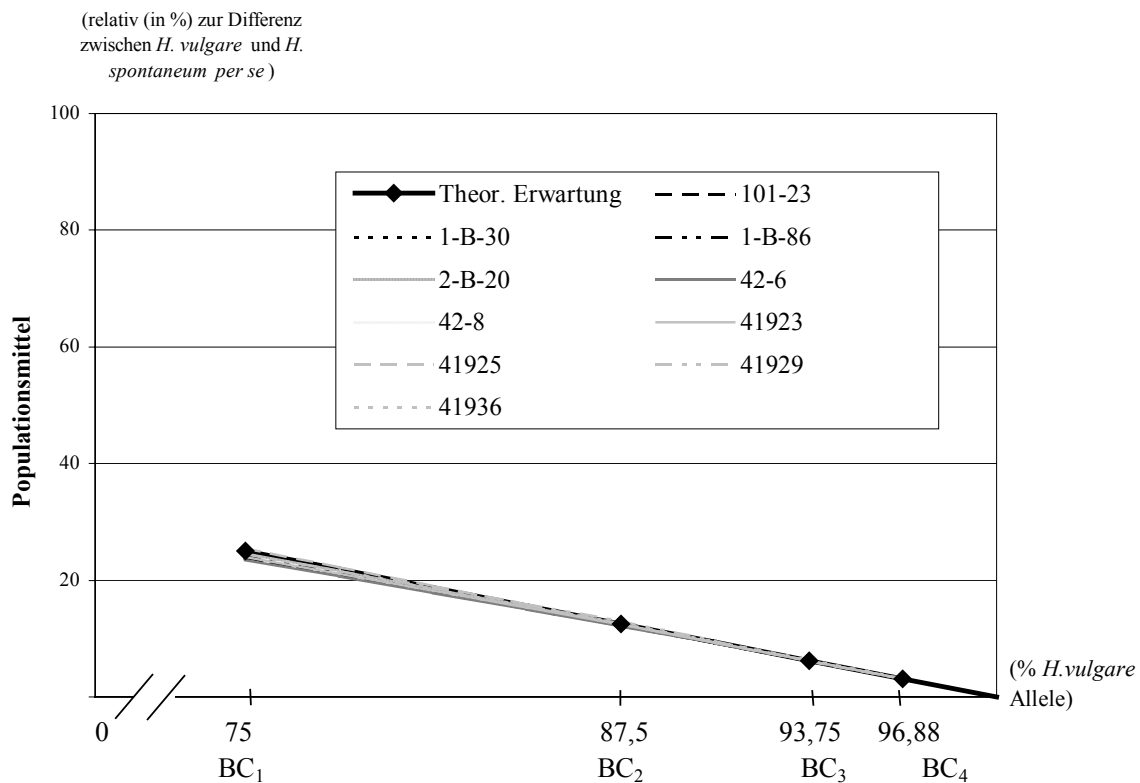
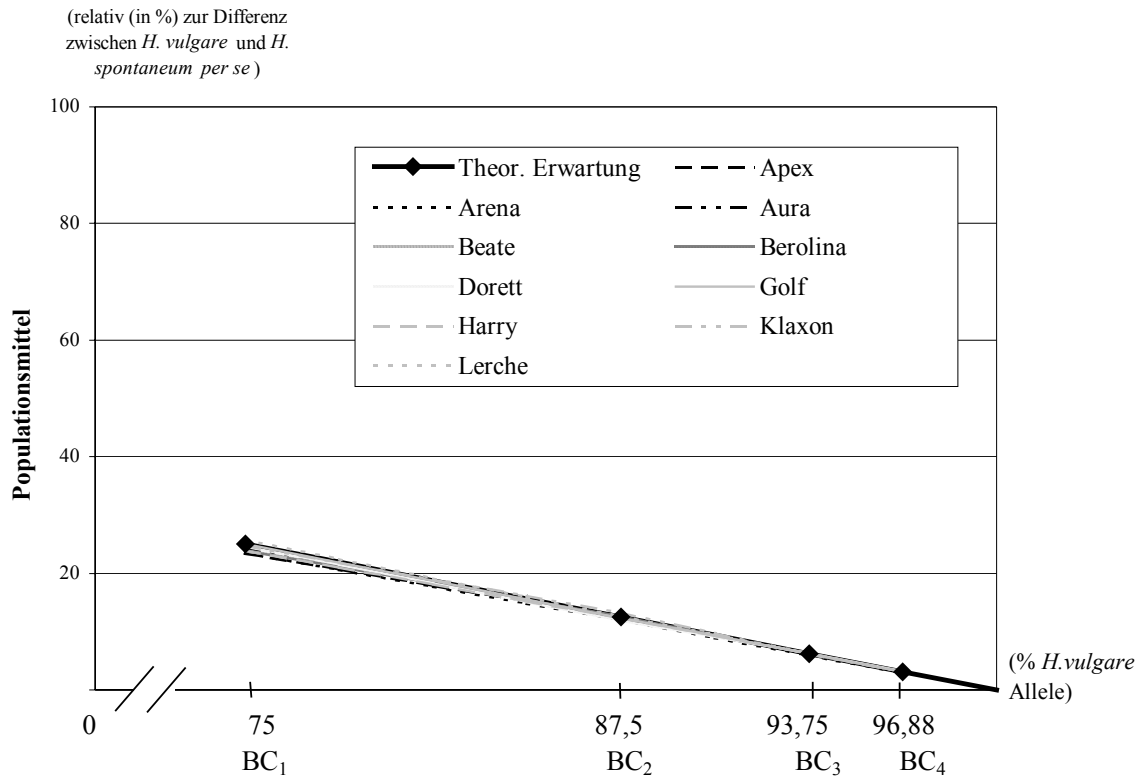


Abb. 11: Populationsmittel von vier Rückkreuzungsgenerationen (BC₁ bis BC₄) im Merkmal **Höhe** für die Nachkommenschaften von jeweils zehn Kulturgersten (oben) und zehn Wildgersten (unten) aus einem unvollständigen Faktoriell von *H. vulgare***H. spontaneum* in Relation zur Differenz zwischen den Elternleistungen *per se* und der daraus resultierenden theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.

Bei dem Merkmal **Karyopsen je Pflanze** stiegen die Nachkommenschaftsmittelwerte der Eltern in elf Fällen kontinuierlich an (Tab. A18 und Abb. 10). Bei den Eltern Apex, Berolina, Harry, Klaxon, 1 - B - 86, und 41929 stiegen die Mittelwerte bis zur BC₃ an und sanken danach leicht ab. Bei den Kultureltern Dorett und Golf und dem Wildelter 41923 sanken die Mittelwerte bereits nach der BC₂, um in den folgenden Generationen wieder zu steigen. Wie beim Karyopsenertrag, wurde das Niveau der Kultureltern in fast allen Fällen in der BC₃ oder BC₄ erreicht oder übertroffen. Nur bei den Eltern Golf und 41925 wurde dieses Niveau bereits in der BC₂ erreicht. In der BC₁ konnten für die Eltern 41925 und Lerche signifikante Abweichungen vom theoretischen Modell nach Cox und in der BC₂ eine Abweichung der Nachkommenschaftsmittelwerte der Sorte Dorett von der modifizierten theoretischen Erwartung nachgewiesen werden.

Die empirischen Nachkommenschaftsmittelwerte für das Merkmal **Pflanzenhöhe** mit einer hohen Heritabilität liegen näher bei den erwarteten theoretischen Werten als bei den zuvor besprochenen Merkmalen (Tab. A24 und Abb. 11). Bei dem Merkmal Höhe liegen die Mittelwerte der Kultursorten deutlich unter denen der Wildformen, entsprechend sinkt hier die theoretische Erwartung mit einem zunehmenden Anteil an Kulturelterallelen. Im Gegensatz zu den vorangegangenen Merkmalen kann für dieses Merkmal keine kontinuierliche Entwicklung über die Rückkreuzungsgenerationen festgestellt werden. Es kommt bei den Nachkommenschaftsmittelwerten fast aller Eltern zu einem vorübergehenden Anstieg der Werte. Diese Schwankungen haben allerdings eine geringe Amplitude und insgesamt bewegen sich die Mittelwerte der Nachkommen etwa auf dem Niveau der Kultureltern. Signifikante Abweichungen traten bei diesem Merkmal häufig auf. Bei den insgesamt 80 Werten lag der empirische Wert in sechs Fällen über und in 25 Fällen unter der theoretischen Erwartung nach Cox. Die Zahl der statistisch nachweisbaren Abweichungen nahm mit zunehmender Rückkreuzungsgeneration ab. In der BC₁ waren es 15, in der BC₂ 7, in der BC₃ 5 und in der BC₄ 4 Abweichungen (Tab. 15).

Bei den übrigen Merkmalen, die hier nicht im Detail besprochen werden (Tab. A17 - Tab. A29), kam es in vielen Fällen zu statistisch nachweisbaren Abweichungen der empirischen Nachkommenschaftsmittelwerte von den theoretischen Erwartungen. Die Anzahl der signifikanten Abweichung für alle untersuchten Merkmale in den einzelnen Rückkreuzungsgenerationen ist zusammenfassend in Tabelle 15 dargestellt.

Die Zahl der signifikanten Abweichungen der empirischen Werte vom theoretischen Modell nach Cox bzw. dem modifizierten theoretischen Modell, war bei den Merkmalen sehr unterschiedlich, es trat aber für alle Merkmale mindestens eine auf. Bei vielen Merkmalen waren die

Abweichungen vorwiegend gleichgerichtet. Bei den Merkmalen Karyopsen je Ähre, vegetative Wachstumsdauer und gesamte Wachstumsdauer lagen die empirischen Werte immer oder vorwiegend unterhalb der theoretischen Erwartungen, bei den Merkmalen Tausendkornmasse, Ähren je Pflanze, Stroh, Grannenlänge und generative Wachstumsdauer oberhalb. Bei den übrigen Merkmalen traten signifikante Abweichungen in beide Richtungen auf. Die Zahl der signifikanten Abweichungen von den theoretischen Erwartungen lag in den frühen Generationen höher als in den späteren.

Tab. 15: Anzahl der signifikanten Abweichungen der empirischen Nachkommenschaftsmittelwerte der zehn Kultur - bzw. zehn Wildeltern für die Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄ von den jeweiligen theoretischen Erwartungen nach Cox (t) bzw. der modifizierten theoretischen Erwartung (m) für verschiedene Merkmale (s. Tab. A17 - Tab. A29).

Merkmal		BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
		t	m	t	m	t	m	t	m
Karyopsenertrag	↑	1							
	↓	1							
Tausendkornmasse	↑	17	16	1	11		4	2	
	↓	1						1	
Ähren je Pflanze	↑	11	2		1		1	1	
	↓								
Karyopsen je Pflanze	↑			1					
	↓	2							
Karyopsen je Ähre	↑								
	↓	19	20	2	20	1	20	2	
Stroh	↑	1	1	2	1	2	1	1	
	↓	1							
Ernteindex	↑	12	3	3					
	↓	4	4	4	4	5	1		
Pflanzenhöhe	↑	2	3	6	1	2			
	↓	13	4	4	4	3	4	3	
Grannenlänge	↑	7	4		4		1		
	↓								
veg. Wachstumsdauer	↑			2	1	3	1	1	
	↓	18	15	4	12	5	14	9	
gen Wachstumsdauer	↑	18	16	4	12	5	13	11	
	↓			1	1	3	1	1	
ges Wachstumsdauer	↑	2		4		4			
	↓	17	18	2	13		11		
Wachstumsrate	↑			1					
	↓								
Σ der signifikanten Abweichungen		147	106	41	85	33	72	32	
Σ der signifikanten Abweichungen in % aller möglichen Abweichungen		57	41	16	33	13	28	12	

↑↓=empirische Mittelwerte liegen signifikant über (unter) der theoretischen Erwartung t bzw. m.

In der BC₁ gab es über alle Merkmale 147 signifikante Abweichungen, in der BC₂ 106, in der BC₃ 85 und in der BC₄ nur noch 72 vom theoretischen Modell nach Cox. Die Anzahl der statistisch nachweisbaren Abweichungen von den modifizierten theoretischen Erwartungen war in allen Generationen deutlich geringer (< 50 %). Große Unterschiede zwischen den Modellen traten vor allem für die Ertragsstrukturmerkmale Tausendkornmasse und Karyopsen je Ähre, sowie für die vegetative, generative und gesamte Wachstumsdauer auf.

Zusammenfassend zeigt sich bei der Betrachtung aller untersuchten Merkmale (Tab. A17 - Tab. A29), eine Entwicklung der Nachkommenschaftsmittelwerte von der BC₁ zur BC₄ zu den Mittelwerten der jeweiligen Kultureltern. Der Verlauf der Entwicklung erfolgte bei allen Merkmalen in gleicher Richtung wie der Verlauf der theoretischen Erwartung. Die Abweichung der empirischen Nachkommenschaftsmittelwerte von den theoretischen Erwartungen ist bei Merkmalen mit geringer nicht größer als bei Merkmalen mit hoher Heritabilität. Die Mittelwerte der Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern in den Rückkreuzungsgenerationen waren für die Merkmale grundsätzlich häufig signifikant von den theoretischen Erwartungen verschieden. Sowohl zwischen den Merkmalen, als auch zwischen einzelnen Kultureltern und den Rückkreuzungsgenerationen variierten die Häufigkeiten und Ausrichtungen der Abweichungen von den theoretischen Erwartungen (nach Cox bzw. modifiziert).

Insgesamt traten in den frühen Rückkreuzungsgenerationen mehr signifikante Abweichungen der empirischen Werte von den theoretischen Erwartungen auf. Die Zahl statistisch nachweisbarer Abweichungen lag, in Abhängigkeit von der Rückkreuzungsgeneration für die modifizierte theoretische Erwartung, bei einem Drittel bzw. der Hälfte der nachweisbaren Abweichungen vom Modell nach Cox.

Auf der Ebene der einzelnen **Kreuzungskombinationen** zeigt sich aufgrund der Vielzahl der Daten ein komplexes Bild. Eine Darstellung erscheint aufgrund der hohen Anzahl der untersuchten Kreuzungspopulationen nicht sinnvoll.

Zunächst soll die absolute Höhe der Nachkommenschaftsmittelwerte im Vergleich zur Höhe der Mittelwerte der Kultureltern betrachtet werden (s. Tab. A17 - Tab. A29). Hierbei werden die vegetative, generative und gesamte Wachstumsdauer nicht berücksichtigt. Bei diesen drei Merkmalen bewegen sich die Mittelwerte der Kreuzungsnachkommen zumindest auf der Ebene der Kreuzungskombinationen, bei der vegetativen und generativen Wachstumsdauer sogar über das gesamte Faktoriell, nicht in der Schwankungsbreite der Eltern. Für alle übrigen Merkmale wurde in der Regel für mehr als die Hälfte der Kreuzungskombinationen das Kulturelternniveau erreicht, Ausnahmen waren hier die Merkmale Karyopsen je Ähre, Stroh,

Ernteindex und Grannenlänge. Bei den Merkmalen Karyopsenertrag und Karyopsen je Pflanze erreichten mehr als 50 % der Kreuzungskombinationen das Niveau der Kultureltern erst in der BC₃ oder BC₄. Die Nachkommenschaftsmittelwerte in den Merkmalen Tausendkornmasse, Ähren je Pflanze und Wachstumsrate bis zur Ernte befanden sich bei mehr als der Hälfte der Kreuzungskombinationen bereits in der BC₁ oder in der BC₂ auf gleicher Höhe mit den Kultureltern. Nur für das Merkmal Höhe wurden die Kulturelternwerte gleichmäßig in allen Rückkreuzungsgenerationen erreicht, d.h. unterschritten.

Tab. 16: Anzahl der signifikanten Abweichungen der empirischen Nachkommenschaftsmittelwerte der 30 Kreuzungskombinationen aus einem unvollständigen Faktoriell mit *H. vulgare* x *H. spontaneum* für die Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄ von den jeweiligen theoretischen Erwartungen nach Cox (t) bzw. der modifizierten theoretischen Erwartung (m) für verschiedene Merkmale (s. Tab. A17 - Tab. A29).

Merkmal	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	t	m	t	m	t	m	t	m
Karyopsenertrag	↑	4	4	3	3	3	3	3
	↓	5	2	3	1	1	0	1
Tausendkornmasse	↑	24	21	7	17	6	6	3
	↓	3	2	6	3	3	2	2
Ähren je Pflanze	↑	15	11	6	6	5	4	4
	↓	1		2			1	1
Karyopsen je Pflanze	↑	1	4	4	3	3	1	3
	↓	4	3	3	3	3		1
Karyopsen je Ähre	↑			4		4		2
	↓	29	30	8	30	3	30	2
Stroh	↑	1	6	10	6	9	4	4
	↓	7	3	3				
Ernteindex	↑	16	8	5	1		2	
	↓	9	10	10	9	9	1	2
Pflanzenhöhe	↑	3	10	12	4	6	2	2
	↓	14	10	8	10	9	8	10
Grannenlänge	↑	12	4	2	7	5	3	3
	↓			1	1	1	1	1
veg. Wachstumsdauer	↑			8	2	6	2	3
	↓	24	23	13	19	8	20	12
gen Wachstumsdauer	↑	25	20	12	15	8	18	16
	↓		2	7	2	6	3	4
ges Wachstumsdauer	↑	4	2	7	3	6	2	2
	↓	24	23	5	18	1	14	
Wachstumsrate	↑	2	3	4	4	3	3	3
	↓		2	2				
Σ der signifikanten Abweichungen		227	203	155	167	108	130	84
Σ der signifikanten Abweichungen in % aller möglichen Abweichungen		58	52	40	43	28	33	22

↑↓=empirische Mittelwerte liegen signifikant über (unter) der theoretischen Erwartung t bzw. m.

Signifikante Abweichungen von der theoretischen Erwartung zeigten sich auf der Ebene der einzelnen Kreuzungskombinationen bei jedem Merkmal, wenn auch in unterschiedlicher Anzahl (Tab. 16). Wie bei der Betrachtung der signifikanten Abweichungen der empirischen Werte von den theoretischen Erwartungen, waren die Abweichungen bei vielen Merkmalen vorwiegend gleichgerichtet.

Bei den Merkmalen Karyopsen je Ähre, vegetative Wachstumsdauer und gesamte Wachstumsdauer, lagen die empirischen Werte vorwiegend unterhalb der theoretischen Erwartungen. Bei den Merkmalen Tausendkornmasse, Ähren je Pflanze, Stroh, Grannenlänge und generative Wachstumsdauer oberhalb. Bei den übrigen Merkmalen traten signifikante Abweichungen in beide Richtungen auf.

Die Anzahl signifikanter Abweichungen war in den frühen Rückkreuzungsgenerationen deutlich höher als in den späteren. Auch auf dieser Betrachtungsebene traten beim Vergleich der empirischen Nachkommenschaftsmittelwerte mit den modifizierten theoretischen Erwartungen weniger signifikante Abweichungen, als beim Vergleich mit dem Modell nach Cox auf. Der Unterschied zwischen den Modellen war hier allerdings nicht so ausgeprägt, wie auf der Ebene der einzelnen Kultur- und Wildeltern.

Auf der Ebene der Kreuzungskombinationen wurde ergänzend der Korrelationskoeffizient nach Pearson für die Beziehungen zwischen den einzelnen Rückkreuzungsgenerationen für die untersuchten Merkmale berechnet (Tab. 17). Beim Vorliegen straffer Beziehungen zwischen der $BC_1 - BC_4$ wäre eine Vorhersage der Leistungsfähigkeit in späten Rückkreuzungsgenerationen anhand der Populationsmittelwerte in frühen Generationen möglich. Für alle Merkmale konnten Beziehungen zwischen einzelnen Rückkreuzungsgenerationen statistisch nachgewiesen werden. Viele der Korrelationen waren höchst signifikant.

Statistisch nachweisbare Beziehungen zwischen allen hier berücksichtigten Rückkreuzungsgenerationen konnten allerdings nur für die Merkmale Tausendkornmasse, Pflanzenhöhe, Grannenlänge, vegetative, generative und gesamte Wachstumsdauer und die Wachstumsrate abgesichert werden. Von diesen Merkmalen zeigte nur die Tausendkornmasse sehr straffe Beziehungen zwischen allen Generationen, bei den übrigen dieser Merkmale lagen die Korrelationskoeffizienten im Allgemeinen nur in den Fällen über 0,70, in denen die BC_1 nicht beteiligt war.

Bei den Korrelationen, an denen die BC_1 beteiligt war, zeigten sich insgesamt in neun Fällen Korrelationskoeffizienten $< 0,35$ und nur in fünf Fällen Koeffizienten $> 0,70$. Bei den restlichen Korrelationen ergaben sich nur in drei Fällen Koeffizienten, die unter 0,35 und in 16 Fällen Korrelationskoeffizienten, die über 0,70 lagen. Bei den agronomisch bedeutenden

Ertragsstrukturmerkmalen waren die Beziehungen, mit Ausnahme der Tausendkornmasse, eher schwächer und teilweise statistisch nicht abzusichern.

Tab. 17: Korrelationskoeffizienten (Pearson) zwischen vier Rückkreuzungsgenerationen für verschiedene Merkmale aus den Mittelwerten von 30 Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Faktoriells mit *H. vulgare* x *H. spontaneum*, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Merkmal	BC₁: BC₂	BC₁: BC₃	BC₁: BC₄	BC₂: BC₃	BC₂: BC₄	BC₃: BC₄
Karyopsenertrag	0,3	0,65***	0,21	0,41	0,31 ⁺	0,10
Tausendkornmasse	0,80***	0,87***	0,79***	0,86***	0,85***	0,90***
Ähren je Pflanze	0,39*	0,25	0,57**	0,65***	0,55**	0,65***
Karyopsen je Pflanze	0,25	0,55**	0,21	0,49**	0,42*	0,35
Karyopsen je Ähre	0,08	0,50**	0,43*	0,44*	0,47**	0,69***
Stroh	0,45*	0,3	0,47**	0,72***	0,60***	0,49**
Ernteindex	0,22	0,60***	0,19	0,62***	0,47**	0,43*
Pflanzenhöhe	0,66 ***	0,71***	0,64***	0,84***	0,81***	0,89***
Grannenlänge	0,71***	0,55**	0,60***	0,78***	0,76***	0,90***
vag. Wachstumsdauer	0,61***	0,47**	0,52**	0,70***	0,77***	0,86***
gen Wachstumsdauer	0,61***	0,48**	0,56**	0,72***	0,79***	0,88***
ges Wachstumsdauer	0,36 ⁺	0,37*	0,48**	0,43*	0,55**	0,50**
Wachstumsrate	0,42*	0,48**	0,39*	0,55**	0,48**	0,28

4.2.2 Varianzen der Nachkommen und theoretische Erwartung

Neben der Entwicklung der Mittelwerte ist die Entwicklung der Varianzen von besonderem Interesse, da ein Aspekt der Kreuzung mit exotischem Material die Schaffung neuer Variabilität ist. Wie im vorangegangenen Kapitel wird die Evaluierung der Varianzen und ihrer theoretischen Erwartungen getrennt für die verschiedenen Ebenen des Kreuzungsfaktoriells durchgeführt. Soweit möglich werden nachfolgend die genetischen Varianzen bzw. Varianzkomponenten zur Darstellung verwendet. Da die Berechnung für die Nachkommenchaften der einzelnen Eltern sowie der einzelnen Kreuzungskombinationen häufig null ergab, also keine statistisch nachweisbare genetische Varianz vorhanden war, erfolgt die Darstellung z.T. anhand der phänotypischen Varianz. Die genetischen Varianzkomponenten für alle Ebenen des Kreuzungsfaktoriells sind in den Tabellen Tab. A30 bis Tab. A42 aufgeführt.

Die Variationskoeffizienten der einzelnen Merkmale über das **gesamte Kreuzungsfaktoriell** sind in Abb. 12 dargestellt. Die Variationskoeffizienten unterscheiden sich bei den einzelnen Merkmalen deutlich in ihrer Höhe, bei der gesamten Wachstumsdauer liegen sie immer unter

5 %, beim Karyopsenertrag bis über 40 %. Bei allen untersuchten Merkmalen sind die Variationskoeffizienten in der BC₁ gegenüber den Variationskoeffizienten der Kultursorten größer. Von der BC₁ zur BC₄ sinken die Variationskoeffizienten von Generation zu Generation. Eine Ausnahme bilden hier nur die Merkmale Grannenlänge, vegetative Wachstumsdauer und Tausendkornmasse. Für diese Merkmale sind die Variationskoeffizienten in der BC₄ geringfügig größer als in der BC₃. Die Variationskoeffizienten liegen auch in der BC₄ bei allen untersuchten Merkmalen über denen der Kultureltern.

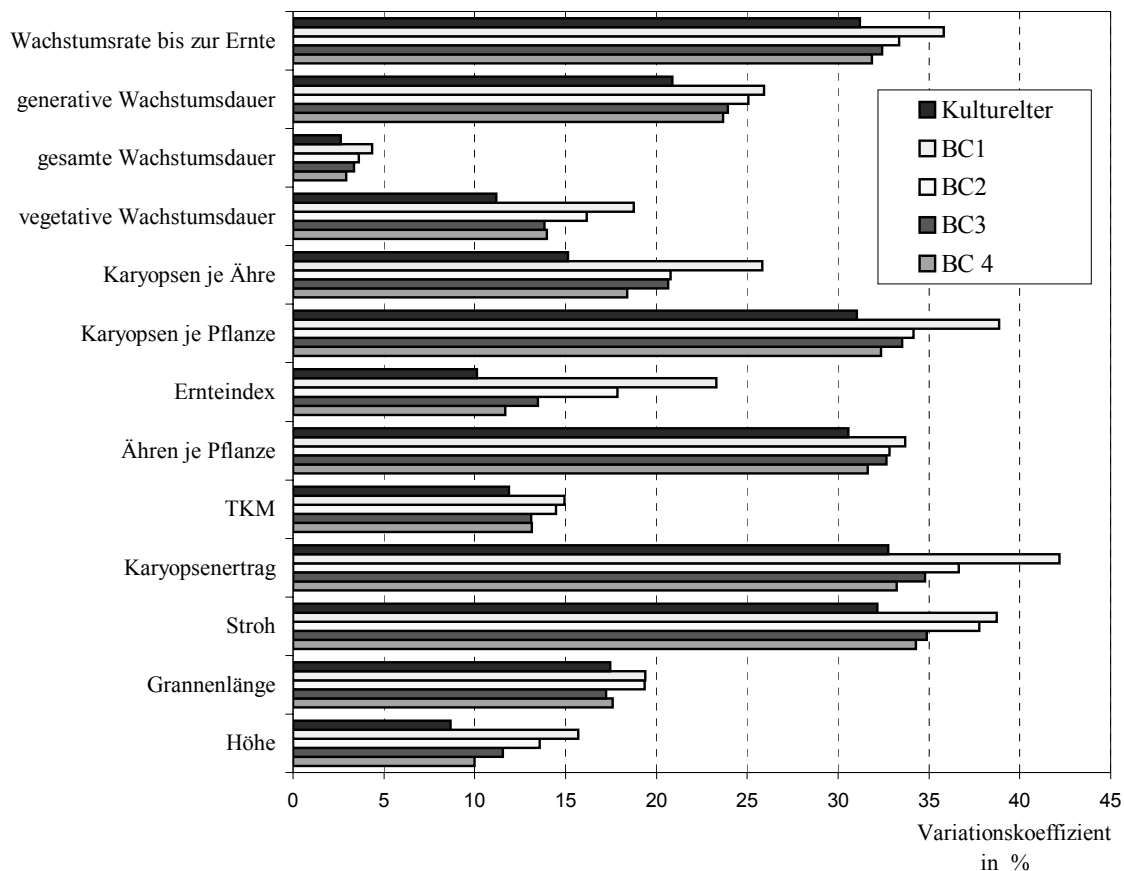


Abb. 12: Variationskoeffizienten der untersuchten Merkmale für die Rückkreuzungsnachkommen des gesamten Faktoriells und ihrer Kultureltern.

Der Anteil der Varianz der auf den Einfluss des Genotyps zurückgeführt werden kann, d.h. die genotypischen Varianzen, sind für den Züchter von größerer Bedeutung als die gesamte Varianz. Sie geben den Anteil der Varianz wieder auf den die züchterische Bearbeitung Einfluss hat. Die Entwicklung der genotypischen Varianzen des gesamten unvollständigen Faktoriells über die Rückkreuzungsgenerationen sind in Abb. 13 relativ zu den genetischen Varianzen in der BC₁ dargestellt. Für die genotypischen Varianzen wurden theoretische Erwartungen nach COX (1984b) berechnet, diese sind ebenfalls in der Grafik dargestellt. Als Basis der Berechnung der theoretischen Erwartungswerte dienten die genetischen Varianzen

in der BC₁. Auf die Darstellung des Wachstumsrate wurde in Abb. 13 verzichtet, da die genetische Varianz in allen Generationen mit Ausnahme der BC₁, so gering war, dass eine Darstellung mit der verwendeten Skalierung nicht sinnvoll erscheint. Im Gegensatz zu den phänotypischen Varianzen zeigen die genotypischen Varianzen für etliche Merkmale keine kontinuierliche Abnahme in jeder Rückkreuzungsgeneration. Die genotypischen Varianzen steigen für die Karyopsen je Pflanze, Ähren je Pflanze, Karyopsenertrag und Karyopsen je Ähre von der BC₂ zur BC₃ deutlich an. In der BC₄ sinken die Varianzen der Ähren je Pflanze und Karyopsen je Ähre unter das Niveau der BC₂. Die Varianzen der beiden anderen Merkmale sinken von der BC₃ zur BC₄ ebenfalls, bleiben aber über dem Niveau der BC₂.

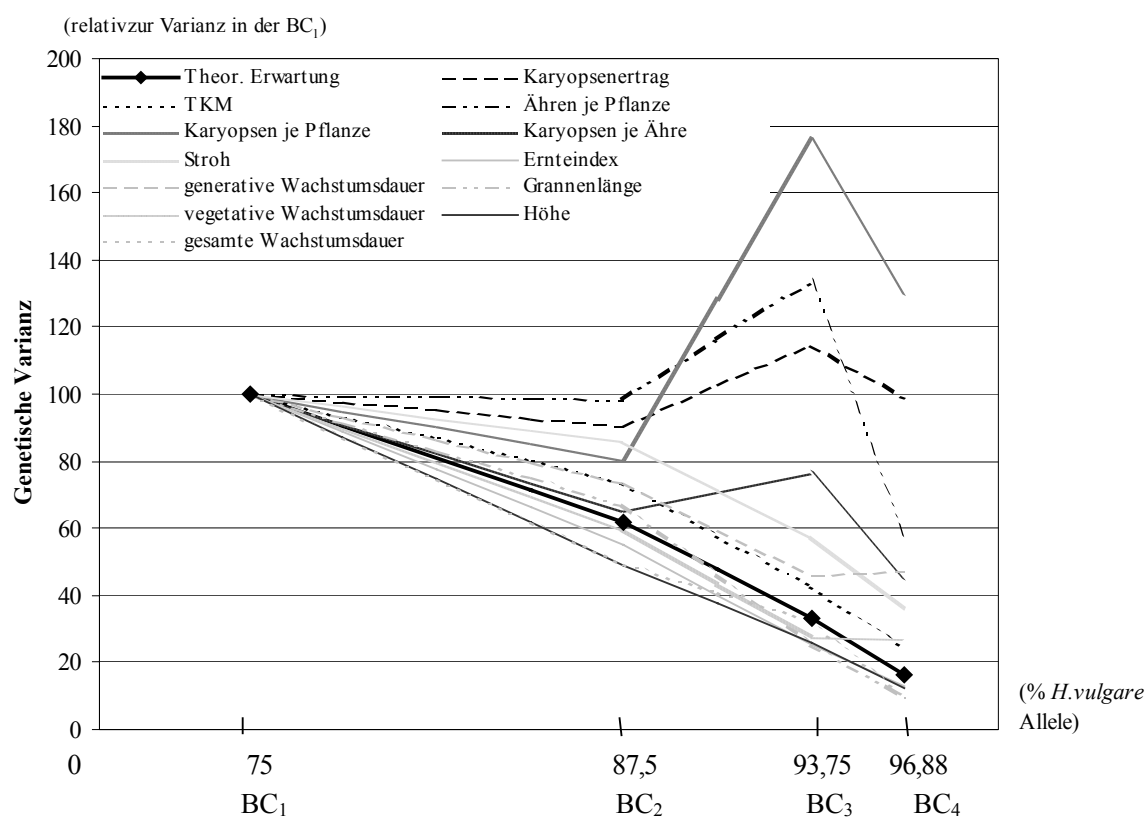


Abb. 13: Genetische Varianzen innerhalb von vier Rückkreuzungsgenerationen (BC₁ – BC₄) für verschiedene Merkmale über die Nachkommenschaften von dreißig Kreuzungskombinationen aus einem unvollständigen Faktoriell von *H. vulgare* * *H. spontaneum* relativ zur genetischen Varianz in der BC₁ und zur theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.

Die Varianzen der vegetativen und generativen Wachstumsdauern sinken ebenfalls nicht kontinuierlich ab. Von der BC₃ zur BC₄ bleiben sie auf dem gleichen Niveau. Von den übrigen Merkmalen liegen die Tausendkornmasse und der Strohertrag über den theoretischen Erwartungen und die Merkmale Höhe, gesamte Wachstumsdauer und der Ernteindex darunter. Nur das Merkmal Grannenlänge liegt, trotz eines kontinuierlichen Rückgangs der Varianzen zum Teil über und zum Teil unter den Erwartungen.

Auf der Ebene der **Nachkommenschaften der einzelnen Kultur- bzw. Wildeltern** konnte bereits häufig keine genetische Varianz nachgewiesen werden. Dieser Fall trat sowohl für Merkmale, die nach Tabelle 13 eine niedrige, als auch für Merkmale die eine mittlere oder hohe Heritabilität aufwiesen auf, besonders häufig für die Merkmale Karyopsenertrag und Anzahl Ähren je Pflanze. Aus diesem Grund wird die Entwicklung der Varianzen am Beispiel des Karyopsenertrags, der Karyopsen je Pflanze und der Pflanzhöhe nachfolgend anhand der phänotypischen Varianzen dargestellt (Abb. 14 - Abb. 16). Diese Merkmale wurden aufgrund ihrer unterschiedlichen Heritabilitäten ausgewählt.

In Abb. 14 sind die phänotypischen Varianzen für das Merkmal Karyopsenertrag relativ zu den phänotypischen Varianzen der BC_1 dargestellt. Auf die Darstellung der genotypischen Varianzen wurde verzichtet, da gerade für den Karyopsenertrag die Berechnung häufig 0 ergab, also kein Anteil der Varianz eindeutig dem Einfluss des Genotyps zugeschrieben werden konnte. Die genotypischen Varianzen für dieses Merkmal sind in Tabelle A30 zusammengefasst. Die theoretischen Erwartungen in den Abbildungen, in denen die phänotypische Varianz dargestellt wurde, basieren auf der phänotypischen Varianz in der BC_1 . Insgesamt ist zu erkennen, dass die empirischen Werte deutlich oberhalb der Erwartungen liegen. Auf dieser Ebene des Faktoriells sinken die Varianzen grundsätzlich nicht mehr kontinuierlich von Generation zu Generation, sondern steigen in der BC_2 oder BC_3 nach einer vorangegangenen Verringerung wieder an. Die Stärke des Anstieges bzw. Abfalls ist für die Nachkommenschaften der Sorten unterschiedlich.

Für das Merkmal Karyopsen je Pflanze, das eine mittlere Heritabilität aufweist, wurde ebenfalls auf die Darstellung der genotypischen Varianzen verzichtet, da die Berechnung in etlichen Fällen keine nachweisbare genetische Varianz ergab. Die phänotypischen Varianzen sind in Abb. 15, die genotypischen Varianzen in Tabelle A33 zusammengefasst.

Trotz der gegenüber dem Karyopsenertrag höheren Heritabilität, zeigt sich bei den empirischen Varianzen ein ähnliches Bild. Die phänotypischen Varianzen liegen grundsätzlich deutlich über den theoretischen Erwartungen. Wie beim Merkmal Karyopsenertrag kommt es entweder in der BC_2 oder in der BC_3 zu einem Anstieg der Varianzen, nachdem sie zuvor gesunken waren. Die Schwankungsbreite der Sorten ist hier allerdings größer. Auch die Stärke der Ab- bzw. Zunahme von Generation zu Generation innerhalb einer Sorte ist ausgeprägter.

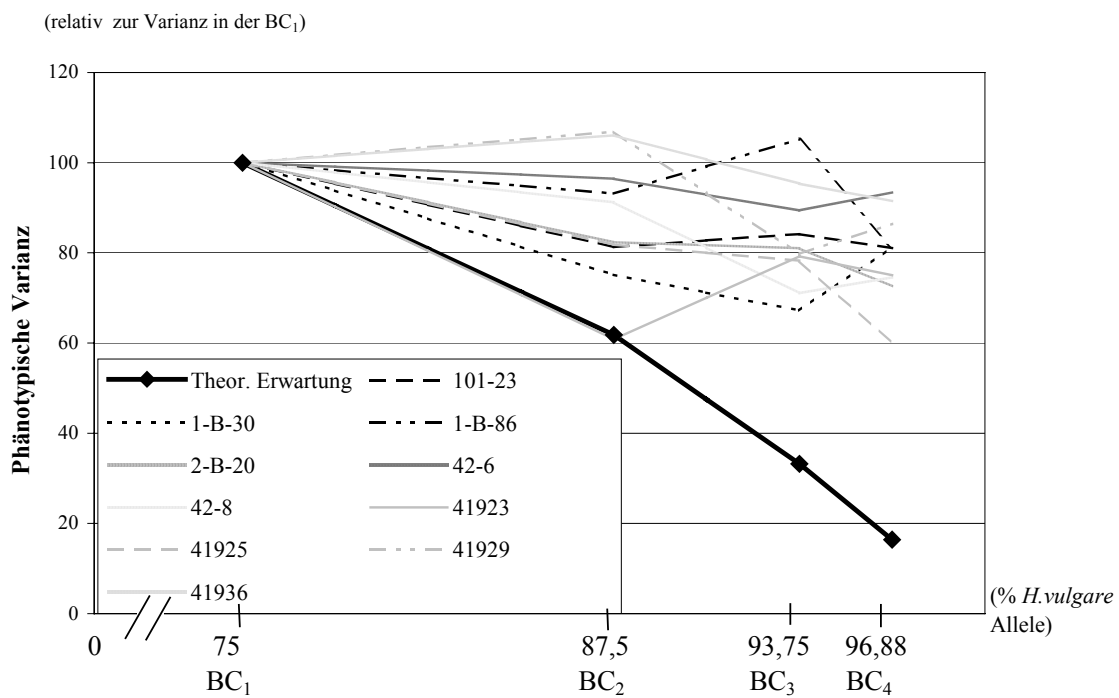
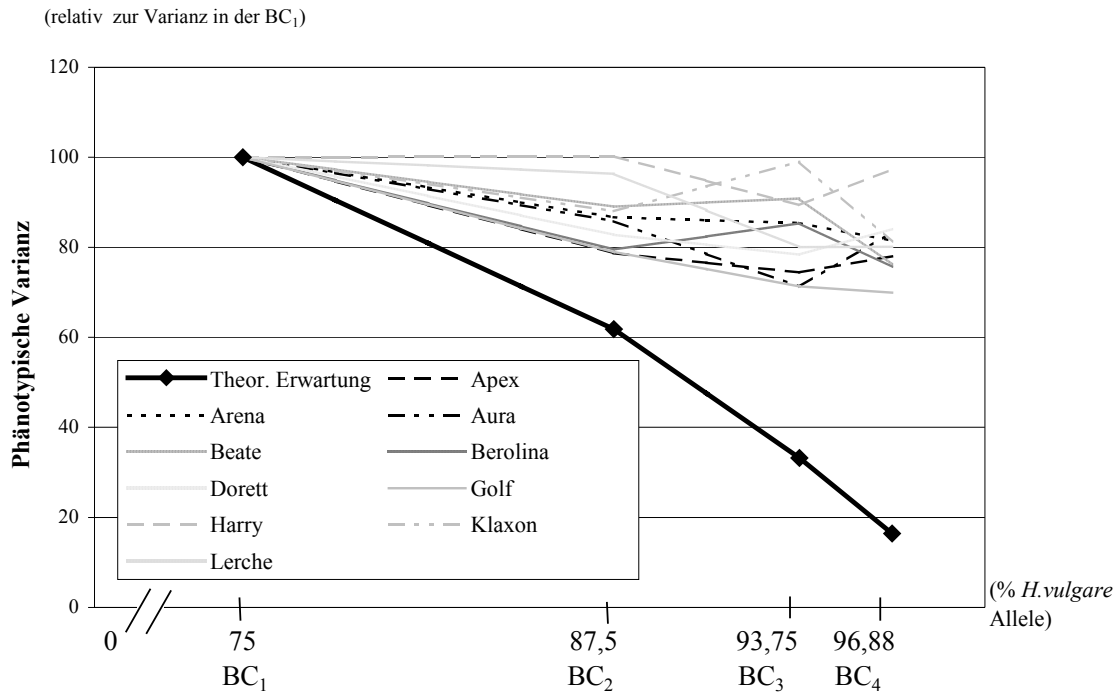


Abb. 14: Phänotypische Varianzen für das Merkmal Karyopsenertrag innerhalb der Nachkommen-schaften einzelner Kultur- (oben) und Wildeltern (unten) in vier Rückkreuzungs-generationen (BC₁–BC₄) aus einem unvollständigen Faktoriell von *H. vulgare* * *H. spontaneum* relativ zur phänotypischen Varianz in der BC₁ und zur theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.

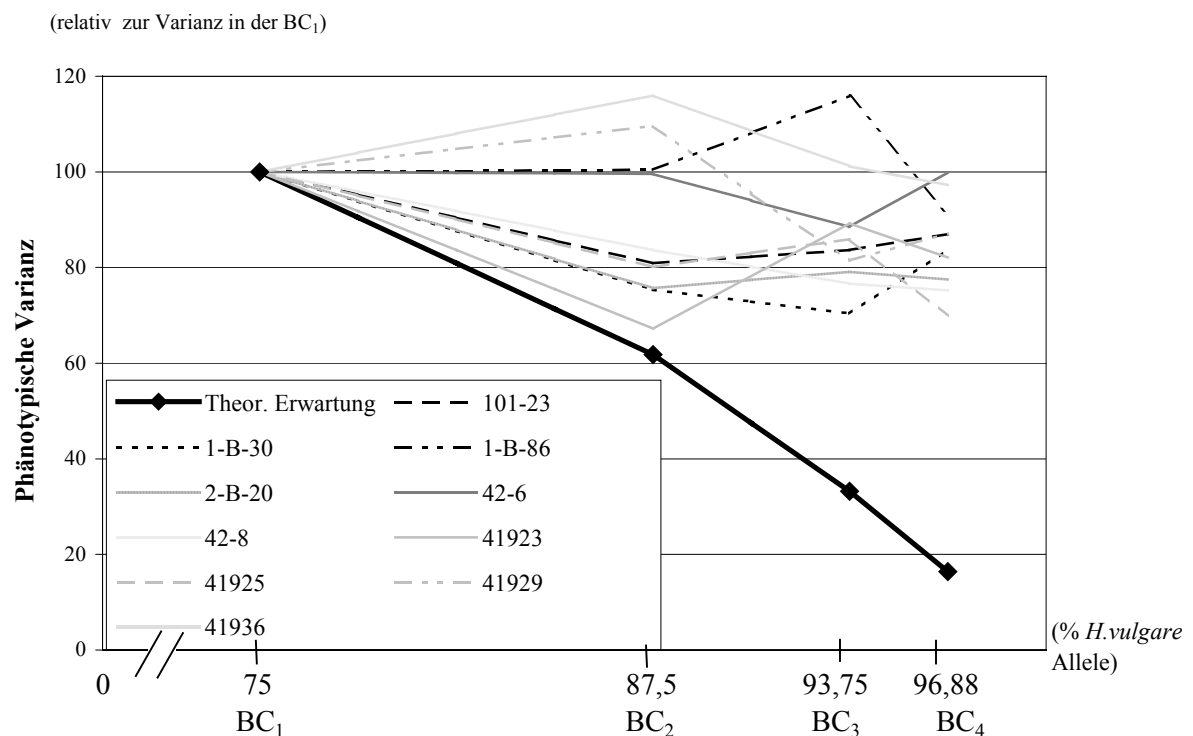
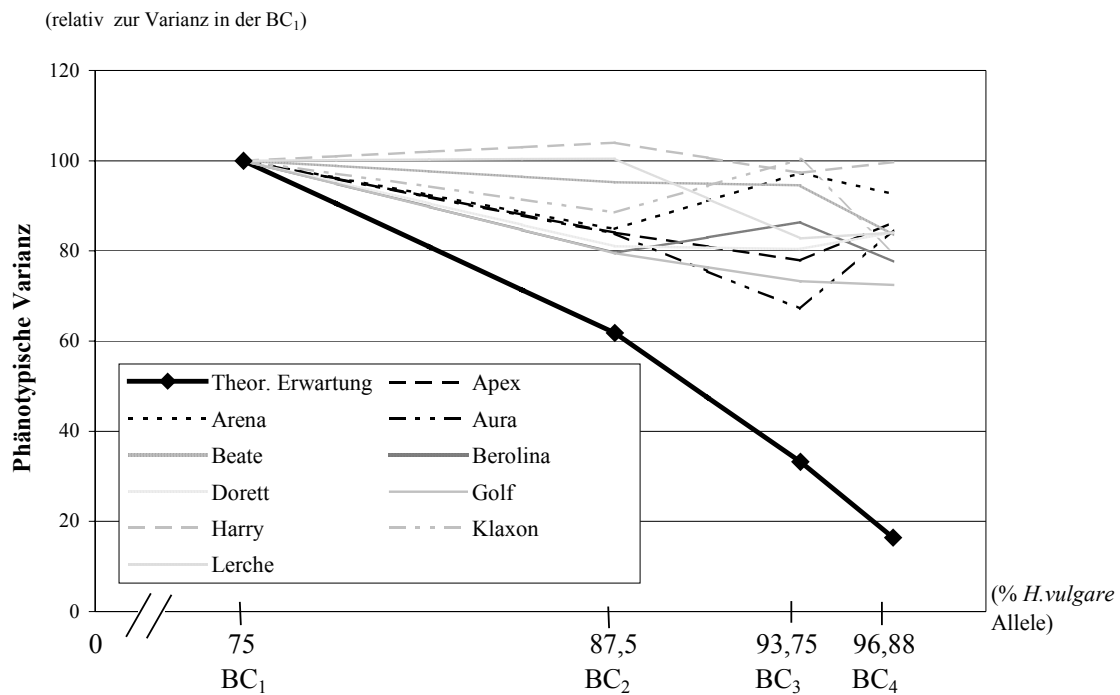


Abb. 15: Phänotypische Varianzen für das Merkmal Karyopsen je Pflanze innerhalb der Nachkommenschaften einzelner Kultur – (oben) und Wildeltern (unten) in vier Rückkreuzungsgenerationen (BC₁–BC₄) aus einem unvollständigen Faktoriell von *H. vulgare* * *H. spontaneum* relativ zur phänotypischen Varianz in der BC₁ und zur theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.

In Abb. 16 sind die phänotypischen Varianzen für das Merkmal Pflanzenhöhe dargestellt, die genotypischen Varianzen sind in Tabelle A37 zusammengefasst. Beim hoch heritablen Merkmal Pflanzenhöhe liegen die empirischen Werte ebenfalls über den theoretischen Erwartungen. Während der Abstand zwischen empirischen und theoretischen Merkmalen bei den zuvor besprochenen Merkmalen in späteren Rückkreuzungsgenerationen erheblich zunahm, nehmen die empirischen Werte für die Pflanzenhöhe fast so stark ab, wie die theoretischen Erwartungen.

Beim Merkmal Pflanzenhöhe tritt nur zum Teil ein Wiederanstieg der Varianzen nach vorangegangener Verringerung auf. In den Fällen, in denen ein Anstieg der Varianzen auftritt, ist er nicht so stark ausgeprägt, wie bei den Merkmalen Karyopsenertrag und Karyopsen je Pflanze. Die Berechnung der genetischen Varianzen für die Pflanzenhöhe war unproblematisch, so dass eine Darstellung sinnvoll erscheint (Abb. 17).

Im Gegensatz zu den phänotypischen Varianzen des gleichen Merkmals liegen die genotypischen Varianzen nicht grundsätzlich über den theoretischen Erwartungen, sondern bewegen sich auf einem vergleichbaren Niveau. Die Betrachtung der Nachkommenschaften einzelner Eltern ergibt allerdings auch hier ein uneinheitliches Bild. Die Höhe der Varianzen relativ zu den Varianzen in der BC_1 unterscheidet sich je nach Elter. Auch bei den genotypischen Varianzen liegt keine kontinuierliche Verringerung der Varianzen von Generation zu Generation vor. Die Varianzen steigen zum Teil in der BC_2 oder BC_3 wieder an.

Um festzustellen, ob empirische und theoretische Werte für die Varianzen übereinstimmen, wurden die Korrelationskoeffizienten auf der Ebene der einzelnen Kreuzungen, sowie der Nachkommenschaften der einzelnen Kultur- bzw. Wildeltern sowohl für die phäno- als auch für die genotypischen Varianzen für die Rückkreuzungsgenerationen getrennt berechnet.

Die Korrelationskoeffizienten waren meist niedrig und selten signifikant, zum Teil auch negativ (Tab. A43). Vereinzelt traten auch höhere signifikante Koeffizienten auf, aber es konnten weder Merkmale noch Rückkreuzungsgenerationen gefunden werden, die durchgängig straffe Beziehungen aufwiesen.

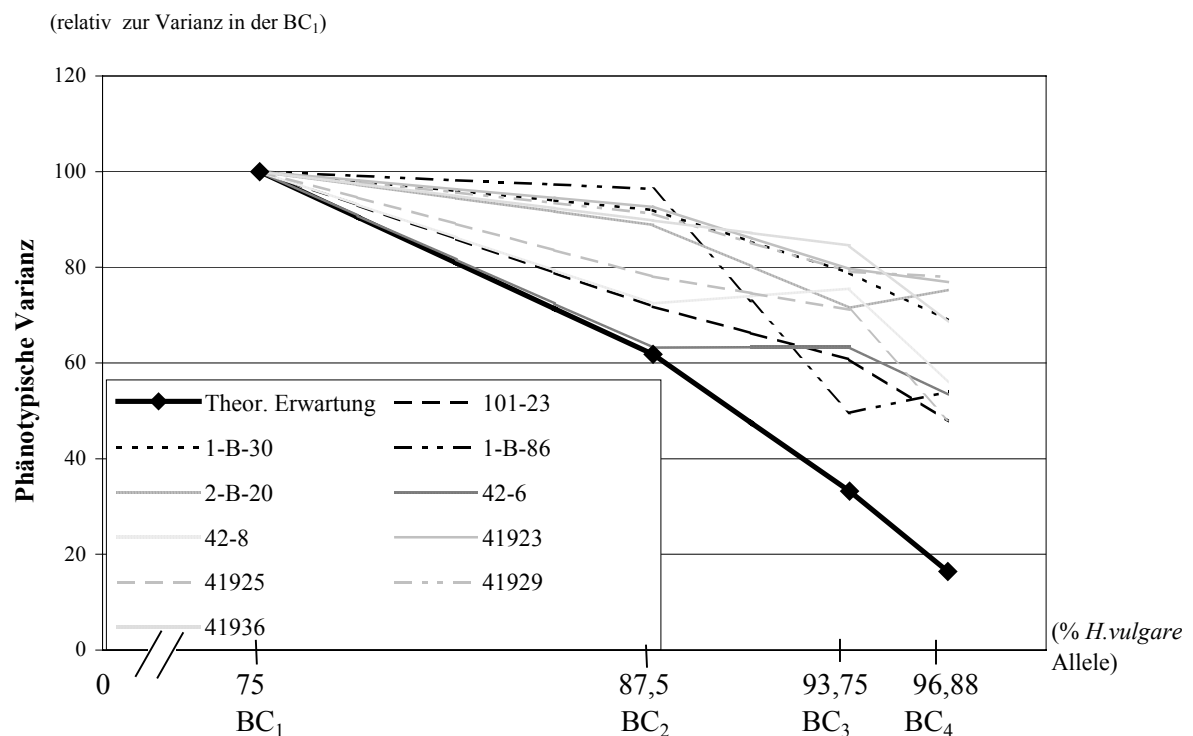
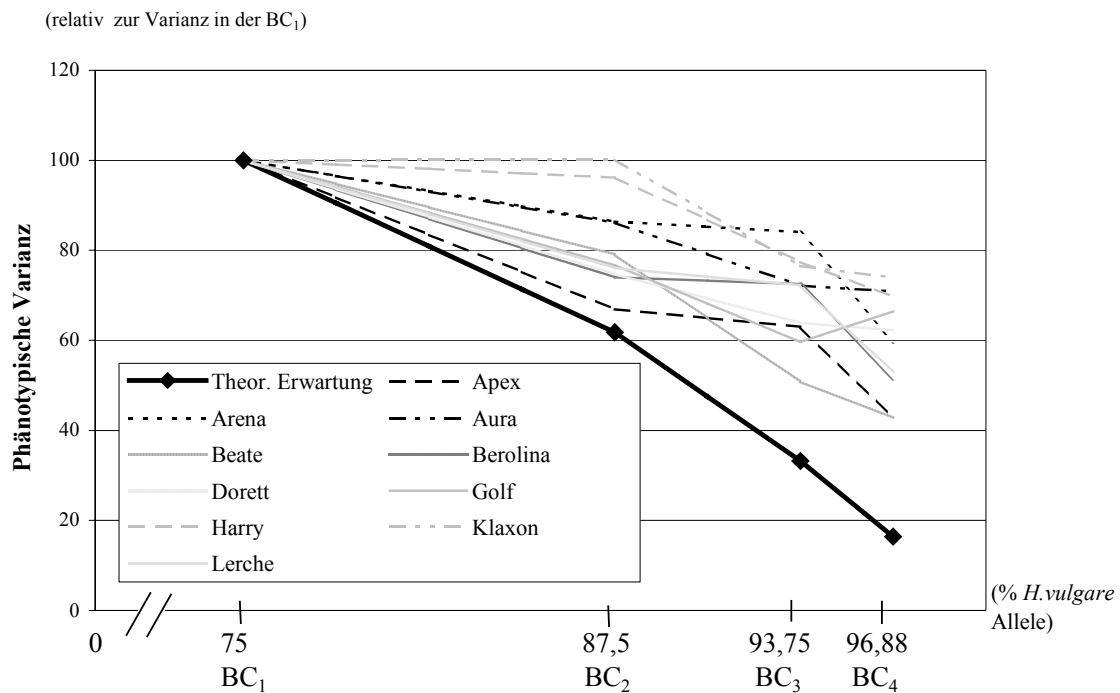


Abb. 16: Phänotypische Varianzen für das Merkmal Pflanzenhöhe innerhalb der Nachkommen-schaften einzelner Kultur – (oben) und Wildeltern (unten) in vier Rückkreuzungs-generationen (BC₁–BC₄) aus einem unvollständigen Faktoriell von *H. vulgare* * *H. spontaneum* relativ zur phänotypischen Varianz in der BC₁ und zur theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.

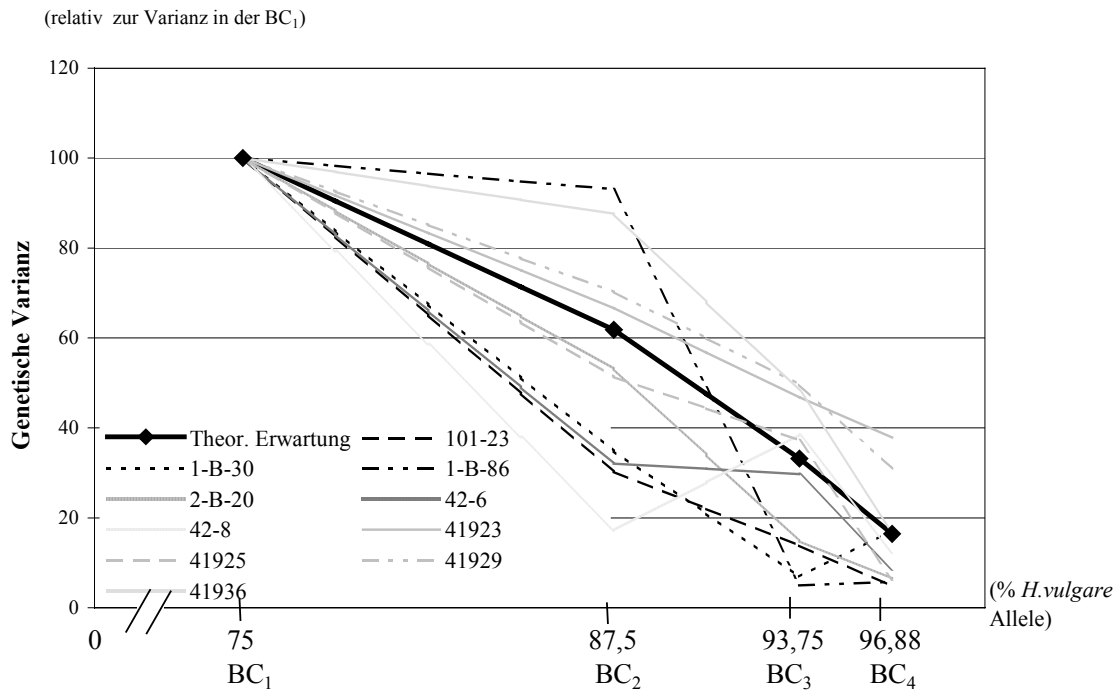
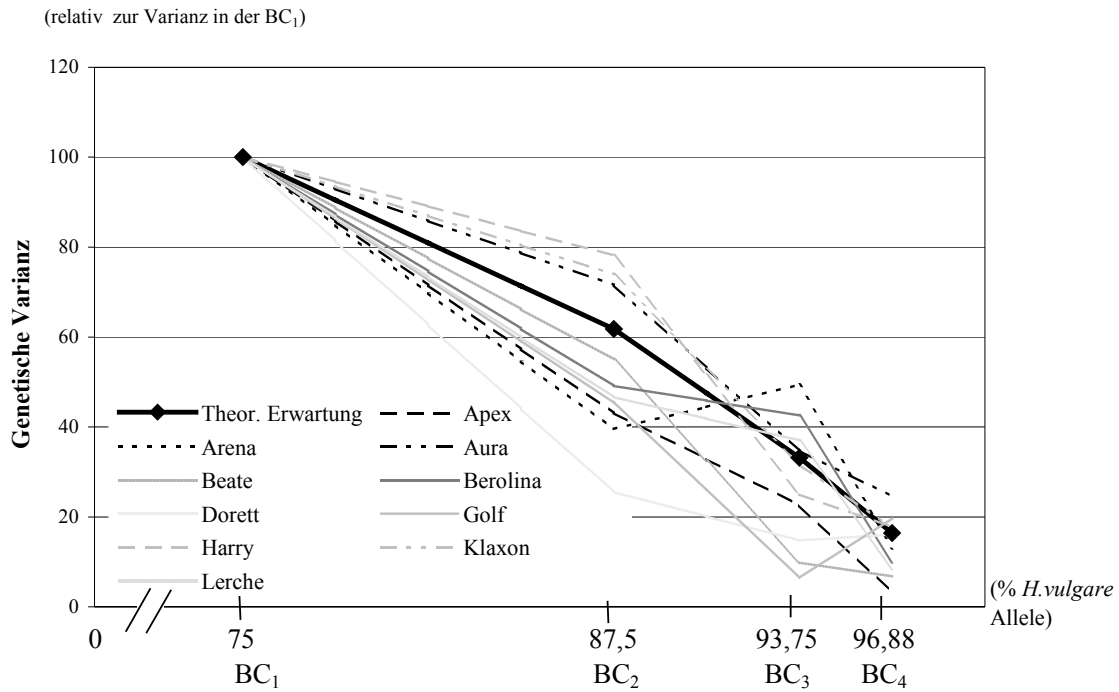


Abb. 17: Genotypische Varianzen für das Merkmal Pflanzenhöhe innerhalb der Nachkommen-schaften einzelner Kultur – (oben) und Wildeltern (unten) in vier Rückkreuzungs-generationen (BC₁–BC₄) aus einem unvollständigen Faktoriell von *H. vulgare* * *H. spontaneum* relativ zur genetischen Varianz in der BC₁ und zur theoretischen Erwartung, basierend auf zweijährigen Feldprüfungen.

Um die Möglichkeiten einer Prognose der Varianzen in späten Rückkreuzungsgenerationen anhand der Varianzen in frühen Generationen zu überprüfen, wurde der Spearman'sche Korrelationskoeffizient für die Beziehungen der einzelnen Rückkreuzungsgenerationen untereinander für die phäno- und genotypischen Varianzen berechnet (Tab. 18, Tab. 19).

Tab. 18: Korrelationskoeffizienten (Spearman) zwischen vier Rückkreuzungsgenerationen für verschiedene Merkmale aus den **genetischen** Varianzen von 30 Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Faktoriells mit *H. vulgare* x *H. spontaneum*, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Merkmal	BC ₁ : BC ₂	BC ₁ : BC ₃	BC ₁ : BC ₄	BC ₂ : BC ₃	BC ₂ : BC ₄	BC ₃ : BC ₄
Karyopsenertrag	0,36*	0,07	0,04	0,08	0,11	0,30
Tausendkornmasse	0,47**	0,16	0,16	0,36*	0,14	-0,12
Ähren je Pflanze	0,13	0,41*	-0,07	0,21	0,37*	0,31+
Karyopsen je Pflanze	-0,20	0,18	0,16	-0,10	0,02	0,27
Karyopsen je Ähre	-0,24	-0,24	-0,11	0,18	0,13	0,30
Stroh	0,01	0,05	0,18	0,32+	0,36*	0,42*
Ernteindex	-0,02	0,35+	0,22	0,27	0,06	0,02
Pflanzenhöhe	0,45*	0,31+	0,08+	0,188	0,163	0,23
Grannenlänge	-0,145	0,1	-0,08	0,17	-0,08	-0,05
veg. Wachstumsdauer	-0,29	-0,07	0,20	-0,3	0,04	0,34+
gen. Wachstumsdauer	-0,18	-0,23	-0,09	-0,20	0,26	0,18
ges. Wachstumsdauer	-0,36*	-0,22	0,06	0,37*	0,23	0,30
Wachstumsrate	0,04	-0,1	0,10	0,36+	0,26	0,19

Tab. 19: Korrelationskoeffizienten (Spearman) zwischen vier Rückkreuzungsgenerationen für verschiedene Merkmale aus den **phänotypischen** Varianzen von 30 Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Faktoriells mit *H. vulgare* x *H. spontaneum*, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Merkmal	BC ₁ : BC ₂	BC ₁ : BC ₃	BC ₁ : BC ₄	BC ₂ : BC ₃	BC ₂ : BC ₄	BC ₃ : BC ₄
Karyopsenertrag	0,08	0,33+	0,28	0,08	0,18	0,18
Tausendkornmasse	0,42*	0,3	0,22	0,12*	0,12	0,08
Ähren je Pflanze	-0,06	0,42*	0,03	0,04	0,52**	0,1
Karyopsen je Pflanze	0,05	0,21	0,35+	-0,05	0,11	0,18
Karyopsen je Ähre	-0,2	-0,23	-0,02	0,22	-0,1	0,2
Stroh	0,04	-0,07	0,2	-0,13	0,3	0,18
Ernteindex	-0,15	0,23	0,21	0,17	-0,01	0,01
Pflanzenhöhe	0,47**	0,3	0,12	0,26	0,37	0,47**
Grannenlänge	-0,33+	-0,11	-0,18	0,16	0,14	0,23
veg. Wachstumsdauer	-0,22	0,06	0,16	-0,04	0,34+	0,51**
gen. Wachstumsdauer	-0,03	0,14	0,43*	0,05	0,36+	0,29
ges. Wachstumsdauer	-0,02	0,25	0,22	0,34+	0,24	0,45*
Wachstumsrate	0,25	0,24	0,26	-0,12	0,31+	0,18

Die Beziehungen zwischen den einzelnen Rückkreuzungsgenerationen sind in der Regel weder für die phäno-, noch für die genotypischen Varianzen signifikant. Die Korrelationskoeffizienten sind in beiden Fällen meist niedrig und häufig negativ. Für die genotypischen Varianzen liegen die Koeffizienten zwischen $-0,36$ und $0,47$, für die phänotypischen zwischen $-0,33$ und $0,52$. Im Gegensatz zu den Mittelwerten kann für die Varianzen keine Zunahme der Koeffizienten mit steigender Rückkreuzungsgeneration festgestellt werden.

4.2.3 Allgemeine und spezifische Kombinationseignung

Die allgemeine und spezifische Kombinationseignung (GCA bzw. SCA) von Kreuzungen stellt eine wichtige Kenngröße für den Züchter dar. Mit Hilfe der GCA und SCA kann die relative Vorzüglichkeit einzelner Eltern bzw. Kreuzungskombinationen erfasst werden und somit die Auswahl der Kreuzungspartner erleichtert werden. Durch eine Varianzkomponentenschätzung kann darüber hinaus eine Aussage über die relative Bedeutung der verschiedenen Kombinationseignungen gemacht werden. Der Züchter erhält hierbei wertvolle Anhaltspunkte für die Auswahl eines Zuchtschemas.

Im folgenden Kapitel sollen zunächst Varianzkomponentenschätzungen für die verschiedenen Merkmale betrachtet werden. Im Anschluss sollen die allgemeinen Kombinationseignungen der Kultur bzw. Wildeltern, sowie die spezifische Kombinationseignung der einzelnen Kreuzungskombinationen näher untersucht werden. Da die Berechnung der GCA und SCA formal nur für die Berechnung einfacher Kreuzungen definiert ist und nicht für das hier untersuchte Rückkreuzungsschema, wurde die Berechnung für die einzelnen Rückkreuzungsgenerationen getrennt durchgeführt (s. Kap. 3.2.4). Zur Verdeutlichung werden die Begriffe GCA_{BC_g} bzw. allgemeine Kombinationseignung in der Rückkreuzungsgeneration BC_g und SCA_{BC_g} bzw. spezifische Kombinationseignung in der Rückkreuzungsgeneration BC_g verwendet.

In den folgenden Tabellen (Tab. 20 - Tab. 23) sind die Varianzkomponentenschätzungen für die untersuchten Merkmale dargestellt. In Tab. 20 finden sich die Merkmale Höhe und Grannenlänge. Bei beiden Merkmalen hat die allgemeine Kombinationseignung ($GCA_{BC_{1-4}}$) der Kultureltern in allen Rückkreuzungsgenerationen, mit Ausnahme der Grannenlänge in der BC_1 , den stärksten Einfluss. Die $SCA_{BC_{1-4}}$ hat auf das Merkmal Höhe in allen Generationen deutlich größere Auswirkungen als die $GCA_{BC_{1-4}}$ der Wildeltern. Auffällig ist, dass die Bedeutung der $SCA_{BC_{1-4}}$ von der BC_1 bis zur BC_4 abnimmt, die der $GCA_{BC_{1-4}}$ der Kultureltern aber keine klare Entwicklung zeigt. Der Einfluss der Wildeltern ist für dieses Merkmal in allen Generationen vergleichsweise gering.

Im Merkmal Grannenlänge weist die SCA_{BC1-4} in der BC_1 den größten Einfluss auf. In allen übrigen Rückkreuzungsgenerationen ist die Bedeutung der GCA_{BC1-4} der Kultureltern höher. Auch für dieses Merkmal zeigt die GCA_{BC1-4} der Wildeltern nur eine geringe Bedeutung.

Tab. 20: Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzungen für die allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen (GCA_{BC1-4} , SCA_{BC1-4}) in verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - * Wildgerste für die Merkmale **Höhe** und **Grannenlänge**, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Varianzursache	Höhe				Grannenlänge			
	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
Jahr	23,98	24,52	22,96	21,43	0,18	0,26	0,21	0,30
Wildelter (GCA_{BC1-4} , Wild)	0,60	2,46	0,87	0,37	0,03	0,09	0	0
Kulturelter (GCA_{BC1-4} , Kultur)	12,33	17,96	11,76	13,71	0,11	0,13	0,23	0,28
Kulturelter * Wildelter (SCA_{BC1-4})	10,44	9,95	4,72	0,71	0,15	0	0	0,02
Jahr * Kulturelter	2,07	0,93	2,27	2,76	0,01	0,09	0	0,02
Jahr * Wildelter	0	0,44	0	0,29	0	0,02	0	0,01
Jahr * Kulturelter * Wildelter	0	1,20	0,03	0,32	0,09	0	0,13	0,06
Innerhalb Kombinationen	107,76	54,00	29,37	14,36	1,31	0,98	0,13	0,06
Fehler	18,20	18,20	18,23	18,20	2,40	2,40	2,38	2,38

In Tab. 21 sind die Varianzkomponentenschätzungen für die Merkmale Karyopsenertrag und Stroh aufgeführt. Ähnlich wie bei den zuvor besprochenen Merkmalen, ist die Bedeutung der allgemeinen Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) der Wildeltern durchgängig gering bis nicht nachweisbar. Mit Ausnahme der BC_3 hat die spezifische Kombinationseignung (SCA_{BC1-4}) in allen Rückkreuzungsgenerationen den stärksten Einfluss auf den Karyopsenertrag. Im Merkmal Stroh zeigt sich dagegen die vergleichsweise einflussreichere Rolle der GCA_{BC1-4} der Kultureltern in allen Generationen, außer der BC_1 . Bei beiden Merkmalen ist weder eine deutliche Ab - noch Zunahme der Kombinationseignungen von der BC_1 zur BC_4 auszumachen.

Tab. 21: Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzungen für die allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen (GCA_{BC1-4} , SCA_{BC1-4}) in verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - * Wildgerste für die Merkmale **Karyopsenertrag** und **Stroh**, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Varianzursache	Karyopsenertrag				Stroh			
	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
Jahr	0,04	0,02	0	0	0	0	0	0
Wildelter (GCA_{BC1-4} , Wild)	0	0	0,01	0,00	0	0	0	0,02
Kulturelter (GCA_{BC1-4} , Kultur)	0,03	0,07	0,06	0	0,05	0,17	0,10	0,04
Kulturelter * Wildelter (SCA_{BC1-4})	0,10	0,11	0	0,05	0,05	0,15	0	0
Jahr * Kulturelter	0,07	0,05	0,04	0,04	0,06	0,09	0,01	0,08
Jahr * Wildelter	0	0	0	0	0,01	0	0	0
Jahr * Kulturelter * Wildelter	0	0,03	0,05	0,05	0,05	0,06	0,10	0,05
Innerhalb Kombinationen	0	0	0	0	1,86	1,38	0,80	0,49
Fehler	2,84	2,77	2,84	2,85	2,64	2,65	2,67	2,70

Die Ertragsstrukturmerkmale Tausendkornmasse und Ähren je Pflanze sind in der nachfolgenden Tab. 22 dargestellt. Auch für diese Merkmale zeigt sich der Einfluss der allgemeinen Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) der Kultureltern. Lediglich im Merkmal Ähren je Pflanze in der BC_1 , ist die Bedeutung der spezifischen Kombinationseignung (SCA_{BC1-4}) größer. Die Auswirkungen der GCA_{BC1-4} der Wildeltern können auch für diese Merkmale weitgehend vernachlässigt werden. Im Merkmal TKM kann von der BC_1 bis zur BC_4 ein kontinuierlicher Anstieg der Bedeutung der Varianzkomponente GCA_{BC1-4} der Kultureltern festgestellt werden.

Tab. 22: Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzungen für die allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen (GCA_{BC1-4} , SCA_{BC1-4}) in verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - * Wildgerste für die Merkmale **Tausendkornmasse und Ähren je Pflanze**, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Varianzursache	TKM				Ähren je Pflanze			
	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
Jahr	2,04	2,76	2,73	2,61	0	0	0	0
Wildelter (GCA_{BC1-4} , Wild)	2,08	0	0,25	0	0,01	0,00	0,01	0,04
Kulturelter (GCA_{BC1-4} , Kultur)	5,09	6,98	7,55	9,90	0	0,14	0,15	0,15
Kulturelter * Wildelter (SCA_{BC1-4})	0,64	1,58	0,78	0,61	0,13	0,08	0	0,04
Jahr * Kulturelter	1,23	1,37	1,42	1,37	0,02	0,02	0	0,01
Jahr * Wildelter	0	0	0	0	0	0	0	0
Jahr * Kulturelter * Wildelter	0	0,06	0	0	0,03	0,01	0,02	0,02
Innerhalb Kombinationen	15,44	12,23	6,21	4,02	0,57	0,41	0,42	0,06
Fehler	14,96	14,98	14,95	14,96	2,62	2,62	2,63	2,65

Tab. 23: Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzungen für die allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen (GCA_{BC1-4} , SCA_{BC1-4}) in verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - * Wildgerste für die Merkmale **Karyopsen je Ähre und Karyopsen je Pflanze**, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Varianzursache	Karyopsen je Ähre				Karyopsen je Pflanze			
	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
Jahr	0	0	0	0	0	0	0	0
Wildelter (GCA_{BC1-4} , Wild)	0,19	0	0	0,25	0	0	0	0
Kulturelter (GCA_{BC1-4} , Kultur)	0,53	0,60	1,32	1,20	6,10	30,75	47,24	26,34
Kulturelter * Wildelter (SCA_{BC1-4})	0,63	0,56	0,75	0,08	50,42	49,43	0	13,46
Jahr * Kulturelter	0,15	0,06	0,08	0,12	18,17	12,76	6,95	0,55
Jahr * Wildelter	0	0	0	0,07	1,42	0	0	0
Jahr * Kulturelter * Wildelter	0	0	0,09	0,04	3,02	5,55	16,70	23,72
Innerhalb Kombinationen	8,87	5,46	6,50	3,93	0	0	13,41	18,49
Fehler	9,81	9,86	9,82	9,85	1317,3	1300,6	1357,5	1368,0

Für die Ertragsstrukturmerkmale Karyopsen je Ähre und Karyopsen je Pflanze nimmt die Bedeutung der spezifischen Kombinationseignung (SCA_{BC1-4}) in späteren Generationen stark ab. In diesen Rückkreuzungsgenerationen wird wiederum die Rolle der allgemeinen

Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) der Kultureltern größer. Auch in diesen Merkmalen zeigt die Varianzkomponentenschätzung, dass die GCA_{BC1-4} der Wildeltern wenig zur Varianz beiträgt.

Die Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzungen für die übrigen untersuchten Merkmale finden sich im Anhang (Tab. A44 - Tab. A46). In allen Fällen ist die Bedeutung der allgemeinen Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) der Wildeltern gering. Den größten Einfluss hat die allgemeine Kombinationseignung der Kultureltern (GCA_{BC1-4}) und in den frühen Rückkreuzungsgenerationen spielt die spezifische Kombinationseignung (SCA_{BC1-4}) zum Teil eine Rolle.

Deutliche Entwicklungen der Kombinationseignungen (GCA_{BC1-4} , SCA_{BC1-4}) von frühen zu späten Rückkreuzungsgenerationen für alle untersuchten Merkmale zeigen sich nicht. Hierbei muss zudem berücksichtigt werden, dass der Vergleich der unterschiedlichen Rückkreuzungsgenerationen nur bedingt aussagekräftig ist, da die Generationen aufgrund der unterschiedlichen Genomanteile der Eltern getrennt verrechnet wurden und die Kombinationseignungen nur für einfache Kreuzungen definiert sind.

Über die übrigen Varianzursachen, auf die hier nicht näher eingegangen werden soll, bleibt festzustellen, dass für etliche Merkmale ein bedeutender Einfluss der Varianzursache „Jahr“ vorliegt. Für viele Merkmale spielt auch die Varianzursache „innerhalb Kombination“ die größte Rolle. „Innerhalb Kombination“ beschreibt hierbei die Variation zwischen den bis zu 28 Linien, die je Kreuzungskombination und Rückkreuzungsgeneration untersucht wurden. Auffällig ist die relative Abnahme der Bedeutung dieser Varianzkomponente für viele Merkmale z.B. Pflanzenhöhe, Tausendkornmasse oder Karyopsen je Ähre von der BC_1 zur BC_4 .

Da das Datenmaterial in diesem Versuch ausgesprochen umfangreich ist, soll zunächst anhand von zwei Merkmalen mit unterschiedlicher Heritabilität beispielhaft die allgemeine Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) für die untersuchten Kultur- und Wildeltern betrachtet werden. Im Anschluss wird mit Hilfe einer Rangkorrelation überprüft, inwieweit die Ergebnisse für einzelne Eltern konsistent über alle untersuchten Rückkreuzungsgenerationen sind.

In der folgenden Grafik sind die GCA_{BC1-4} -Effekte der untersuchten Kultureltern für das Merkmal Karyopsenertrag dargestellt. Die einzelnen Rückkreuzungsgenerationen wurden jeweils getrennt berechnet und dargestellt, da die Kombinationseignungen formal nur für einfache Kreuzungen definiert sind. Dieser Umstand muss bei der Interpretation der Ergebnisse berücksichtigt werden.

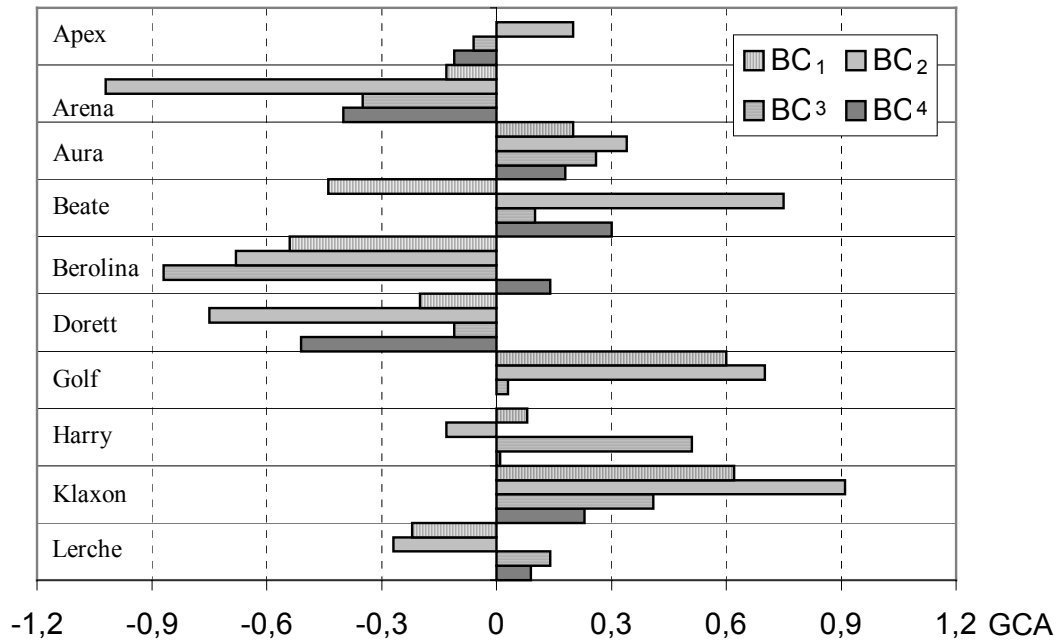


Abb. 18: GCA_{BC1-4} - Effekte der Kultureltern in vier Rückkreuzungsgenerationen für das Merkmal Karyopsenertrag, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

In Abb. 18 erkennt man, dass die GCA_{BC1-4} - Effekte bei den einzelnen Eltern unterschiedlich groß sind. Der Vergleich der einzelnen Rückkreuzungsgenerationen ist nur eingeschränkt zulässig. Durch die getrennte Verrechnung liegt der allgemeinen Kombinationseignung in jeder Generation eine andere Basis zugrunde. Es fällt allerdings auf, dass selbst die Richtung des GCA_{BC1-4} - Effekts nur bei der Hälfte der Eltern gleichgerichtet, d.h. in allen Rückkreuzungsgenerationen entweder positiv oder negativ ist. Insgesamt zeigen sich bei diesem Merkmal die größten negativen Abweichungen bei Arena, Berolina und Dorett. Positive GCA_{BC1-4} - Effekte zeigen vor allem Klaxon, Golf und Beate.

In Abb. 19 sind die GCA_{BC1-4} - Effekte der Kultureltern für das Merkmal Tausendkornmasse dargestellt. Auch hier zeigen die verschiedenen Eltern unterschiedlich stark ausgeprägte GCA_{BC1-4} - Effekte. Für dieses Merkmal weisen allerdings schon sechs der zehn Kultureltern gleichgerichtete Effekte über alle vier Rückkreuzungsgenerationen auf. Bei den Eltern, bei denen sowohl positive, als auch negative Effekte auftreten, sind die GCA_{BC1-4} - Effekte nicht so stark ausgebildet. Ausgeprägt negative GCA_{BC1-4} - Effekte weisen die Sorten Arena, Dorett und Lerche auf. Positive Effekte zeigten sich vor allem bei Harry und Apex, sowie bei dem Kulturelter Golf, hier allerdings nicht so ausgeprägt.

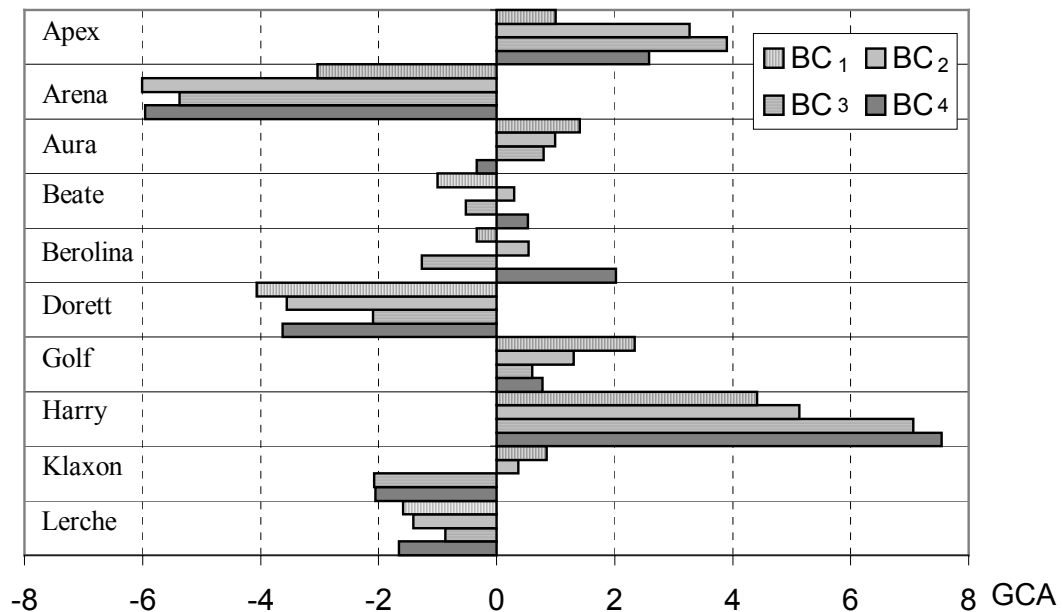


Abb. 19: GCA_{BC1-4} - Effekte der Kultureltern in vier Rückkreuzungsgenerationen für das Merkmal Tausendkornmasse, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Betrachtet man die GCA_{BC1-4} - Effekte der übrigen, in Tab. A47 - Tab. A48 dargestellten Merkmale, zeigt sich, dass die Stärke der Effekte bei den einzelnen Eltern durchaus unterschiedlich ist. Der Anteil der Kultureltern, deren GCA_{BC1-4} - Effekte in allen Rückkreuzungsgenerationen gleichgerichtet sind, liegt bei den Merkmalen Karyopsen je Ähre, Karyopsen je Pflanze, Stroh, Grannenlänge, vegetative, generative und gesamte Wachstumsdauer bei je fünf von zehn Eltern. Abgesehen von der Tausendkornmasse ist die Richtung der Effekte der allgemeinen Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) für die Merkmale Ähren je Pflanze, und Höhe bei je sechs, für das Merkmal Wachstumsrate bis zur Ernte sogar bei sieben Eltern gleich. Der Ernteindex fällt hier auf, da nur in drei Fällen das Vorzeichen der GCA_{BC1-4} - Effekte in allen Rückkreuzungsgenerationen gleich ist.

Wie bereits erwähnt, erfolgte die Berechnung der allgemeinen Kombinationseignung für die vier Rückkreuzungsgenerationen getrennt. Um zu überprüfen, ob die GCA_{BC1-4} eines Elters in einer beliebigen Rückkreuzungsgeneration Rückschlüsse auf die folgenden Rückkreuzungsgenerationen zulässt und so eine Prognose über die Eignung einer Sorte oder Linie als Elter erlaubt, wurden Rangkorrelationen nach Spearman berechnet. Die Ergebnisse der Berechnung der Rangkorrelationen der allgemeinen Kombinationseignungen (GCA_{BC1-4}) der Kultureltern sind in der nachfolgenden Tabelle (Tab. 24) dargestellt.

Tab. 24: Rangkorrelationen nach Spearman zwischen den GCA_{BC1-4} - Effekten der Kultureltern in den vier Rückkreuzungsgenerationen $BC_1 - BC_4$ aus einem unvollständigen Faktoriell von Kultur - x Wildgerste für verschiedene Merkmale, basierend auf zweijährigen Ergebnissen.

	GCA_{Kultur} in BC_2	GCA_{Kultur} in BC_3	GCA_{Kultur} in BC_4
GCA_{Kultur} in BC_1			
Karyopsenertrag	0,52	0,56 +	- 0,01
Karyopsen je Pflanze	0,47	0,54	0,42
Karyopsen je Ähre	0,22	0,40	0,49
Ähren je Pflanze	0,90 ***	0,62 +	0,72 *
TKM	0,94 ***	0,83 **	0,75 *
Stroh	0,72 *	0,27	0,52
Ernteindex	0,38	0,36	- 0,08
Höhe	0,56 +	0,75 *	0,62 +
Grannenlänge	0,92 ***	0,59 +	0,55 +
Veg. Wachstumsdauer	0,64 *	0,37	0,43
Gen. Wachstumsdauer	0,59 +	0,36	0,39
Gesamte Wachstumsdauer	0,44	0,56 +	0,64 *
Wachstumsrate bis zur Ernte	0,67 *	0,37	0,52
GCA_{Kultur} in BC_2			
Karyopsenertrag		0,61 +	0,70 *
Karyopsen je Pflanze		0,61 +	0,62 +
Karyopsen je Ähre		0,67 *	0,66 *
Ähren je Pflanze		0,75 *	0,77 **
TKM		0,89 ***	0,89 ***
Stroh		0,68 *	0,72 *
Ernteindex		0,52	0,40
Höhe		0,62 +	0,63 *
Grannenlänge		0,72 *	0,68 *
Veg. Wachstumsdauer		0,82 **	0,89 ***
Gen. Wachstumsdauer		0,92 ***	0,94 ***
Gesamte Wachstumsdauer		0,70 *	0,54
Wachstumsrate bis zur Ernte		0,53	0,75 *
GCA_{Kultur} in BC_3			
Karyopsenertrag			0,49
Karyopsen je Pflanze			0,89 ***
Karyopsen je Ähre			0,75 *
Ähren je Pflanze			0,85 **
TKM			0,84 **
Stroh			0,58 +
Ernteindex			0,66
Höhe			0,92 ***
Grannenlänge			0,92 ***
Veg. Wachstumsdauer			0,96 ***
Gen. Wachstumsdauer			0,95 ***
Gesamte Wachstumsdauer			0,85 **
Wachstumsrate bis zur Ernte			0,52

Die Rangkorrelationen der GCA_{BC1-4} der Kultureltern zeigen in vielen Fällen sehr hoch signifikante und sehr enge Beziehungen zwischen den einzelnen Rückkreuzungsgenerationen. Erwartungsgemäß sind die Beziehungen im Allgemeinen enger zwischen aufeinanderfolgenden Generationen und in späteren Rückkreuzungsgenerationen. Zwischen der BC_1 und der BC_2 zeigen sich sehr hoch signifikante Beziehungen mit Korrelationskoeffizienten von mindestens 0,9 bei den Merkmalen Ähren je Pflanze, Tausendkornmasse und Grannenlänge. Weniger straffe, aber dennoch signifikante Beziehungen zeigen sich für die Merkmale Stroh, vegetative Wachstumsdauer und für die Wachstumsrate bis zur Ernte. Die Korrelationskoeffizienten, die die Beziehungen zwischen BC_1/BC_3 und BC_1/BC_4 beschreiben, sind niedriger und konnten nicht so häufig statistisch abgesichert werden. Dennoch liegen beispielsweise die Korrelationskoeffizienten BC_1/BC_4 für die Merkmale Ähren je Pflanze und Tausendkornmasse über 0,7 und sind signifikant. Für das agronomisch wichtige Merkmal Karyopsenertrag zeigen sich bei der Betrachtung der Beziehung BC_1/BC_2 und BC_1/BC_3 Korrelationskoeffizienten $>0,5$, zwischen der BC_1 und der BC_4 liegt allerdings nur noch eine sehr schwache nicht signifikante Beziehung vor.

Die Rangkorrelationskoeffizienten BC_2/BC_3 sind insgesamt höher, als die, die sich in Bezug auf die BC_1 ergeben. Die niedrigsten Werte ergeben sich hier für den Ernteindex (0,52) und die Wachstumsrate bis zur Ernte (0,53). Beim Vergleich der BC_2/BC_3 und BC_2/BC_4 zeigt sich, dass die Korrelationskoeffizienten der letzteren zum Teil gleich oder höher sind, die vegetative Wachstumsdauer steigt beispielsweise von 0,82 auf 0,89 und der Karyopsenertrag von 0,61 auf 0,70.

Bei der Betrachtung der BC_3/BC_4 zeigen sich erwartungsgemäß die meisten sehr hoch signifikanten und gleichzeitig hohen Rangkorrelationskoeffizienten. Hierbei fällt der Karyopsenertrag mit dem vergleichsweise niedrigen Wert von 0,49 (n.s.) auf.

In der folgenden Abbildung (Abb. 20) sind die GCA_{BC1-4} - Effekte der Wildeltern im Merkmal Karyopsenertrag für die einzelnen Rückkreuzungsgenerationen dargestellt. Die Stärke der GCA_{BC1-4} - Effekte ist für die einzelnen Wildeltern durchaus unterschiedlich, insgesamt ist die Anzahl der Werte, die sehr starke Effekte ($> 0,6$ bzw. $< -0,6$) aufweisen, deutlich geringer als bei den Kultureltern. Auffällig ist auch, dass deutlich weniger Eltern in allen vier Rückkreuzungsgenerationen GCA_{BC1-4} - Effekte mit gleichem Vorzeichen zeigen, beim Karyopsenertrag sind es lediglich zwei gegenüber fünf bei den Kultureltern. Die Wildformen 41929, 1 - B - 86 und 1 - B - 30 weisen die stärksten negativen GCA_{BC1-4} - Effekte

auf. Starke positive Effekte zeigen sich vor allem bei der Wildform 41923, aber auch bei den Wildeltern 41936, 42 - 6 und 41925.

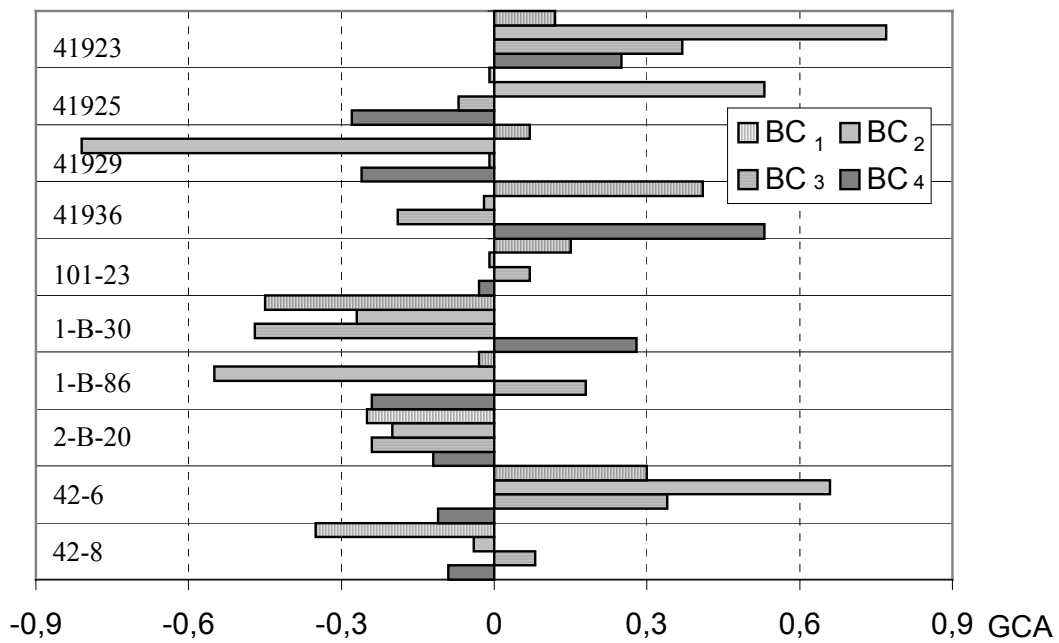


Abb. 20: GCA_{BC1-4} - Effekte der Wildeltern in vier Rückkreuzungsgenerationen für das Merkmal Karyopsenertrag, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

In der folgenden Grafik sind die GCA_{BC1-4} - Effekte der Wildeltern für das Merkmal Tausend-
kornmasse dargestellt.

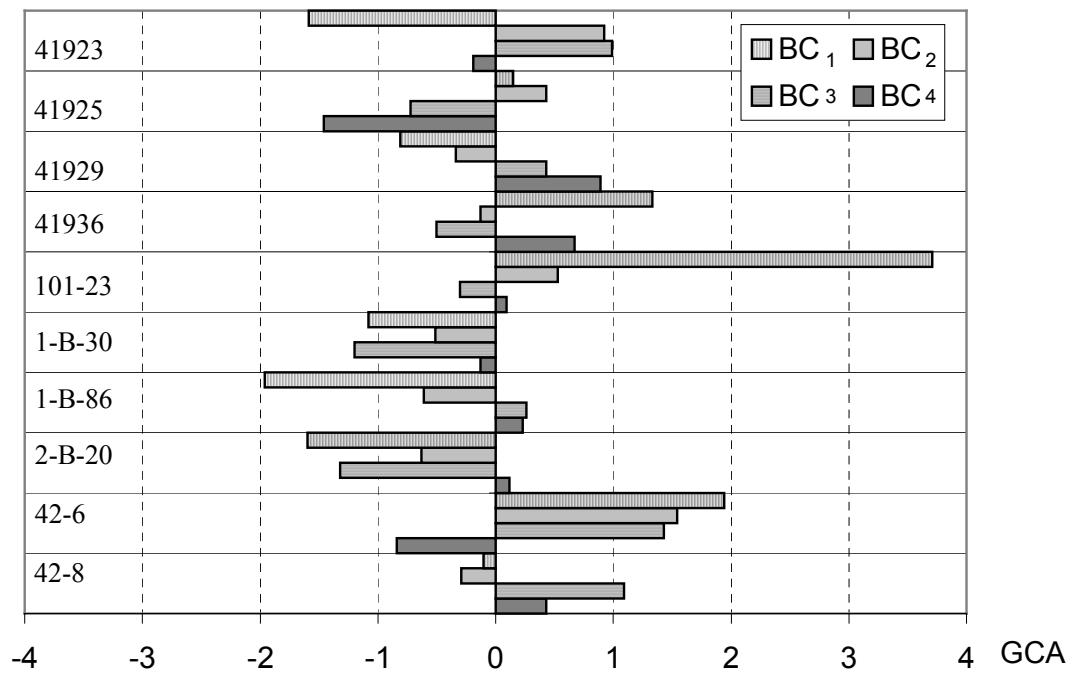


Abb. 21: GCA_{BC1-4} - Effekte der Wildeltern in vier Rückkreuzungsgenerationen für das Merkmal Tausendkornmasse, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Im Merkmal Tausendkornmasse liegt die Höhe der GCA_{BC1-4} - Effekte, ähnlich wie beim Karyopsenertrag, bei den Wildeltern deutlich unter der der Kultureltern. Außerdem fällt auf, dass nur ein Elter in allen Rückkreuzungsgenerationen gleichgerichtet GCA_{BC1-4} - Effekte zeigt (1 - B - 30, negativ). Ein hoher positiver GCA_{BC1-4} - Effekte zeigt sich nur bei der Linie 101 - 23 in der ersten Rückkreuzungsgeneration.

Die Betrachtung der hier nicht dargestellten Merkmale (s. Tab. A49, Tab. A50) zeigt, dass die Höhe der GCA_{BC1-4} - Effekte sich für die einzelnen Eltern zum Teil stark unterscheidet. Besonders auffällig ist, dass im Vergleich zu den Kultureltern der Anteil der Wildeltern, der in allen vier Rückkreuzungsgenerationen gleichgerichtete Effekte aufweist deutlich geringer ist. Die Merkmale Karyopsenertrag, Ähren je Pflanze, Karyopsen je Ähre und Grannenlänge weisen nur bei je zwei der Wildeltern Effekte auf, die in allen untersuchten Generationen das gleiche Vorzeichen haben. Bei den Merkmalen Tausendkornmasse, Stroh, Ernteindex, vegetative, generative und gesamte Wachstumsdauer zeigen sich GCA_{BC1-4} - Effekte, die in allen Rückkreuzungsgenerationen gleichgerichtet sind, sogar nur bei jeweils einem Elter. Eine Ausnahme bilden hier die Merkmale Höhe und Karyopsen je Pflanze, bei denen immerhin vier der untersuchten Eltern immer Effekte mit gleichem Vorzeichen haben.

Die häufigen Vorzeichenwechsel bei den allgemeinen Kombinationseignungen (GCA_{BC1-4}) der Wildeltern weisen daraufhin, dass die Beziehungen zwischen den einzelnen Rückkreuzungsgenerationen nicht sehr eng sind. In der folgenden Tabelle (Tab. 25) sind die Ergebnisse der Rangkorrelationen für die GCA_{BC1-4} - Effekte der Wildeltern dargestellt. Die Korrelationskoeffizienten sind insgesamt niedrig, vor allem im Vergleich zu den Kultureltern, in vielen Fällen negativ und es ist nur in wenigen Fällen möglich, sie statistisch abzusichern. Auffällig ist, dass die Beziehungen zwischen der BC_1 und der BC_4 und zwischen der BC_2 und der BC_4 für das Merkmal Ähren je Pflanze sehr straff (0,88 bzw. 0,78) und höchst - bzw. hoch signifikant sind. Gleichzeitig ist der Korrelationskoeffizient für dieses Merkmal für die BC_2/BC_3 negativ und sehr niedrig (- 0,26).

Tab. 25: Rangkorrelationen nach Spearman zwischen den GCA_{BC1-4} - Effekte der Wildeltern in den vier Rückkreuzungsgenerationen $BC_1 - BC_4$ aus einem unvollständigen Faktoriell von Kultur - x Wildgerste für verschiedene Merkmale, basierend auf zweijährigen Ergebnissen.

		GCA_{Wild} in BC_2	GCA_{Wild} in BC_3	GCA_{Wild} in BC_4
GCA_{Wild} in BC_1				
	Karyopsenertrag	0,53	0,36	0,2
	Karyopsen je Pflanze	0,18	0,33	0,09
	Karyopsen je Ähre	- 0,27	- 0,35	0,16
	Ähren je Pflanze	0,67 *	- 0,47	0,88 ***
	TKM	0,70 *	0,24	- 0,16
	Stroh	0,05	- 0,24	0,62 +
	Ernteindex	0,91	0,78	- 0,21
	Höhe	0,55 +	0,58 +	0,14
	Grannenlänge	0,10	- 0,32	- 0,24
	Veg. Wachstumsdauer	0,21	- 0,50	- 0,36
	Gen. Wachstumsdauer	- 0,01	- 0,61 +	- 0,38
	Gesamte Wachstumsdauer	0,27	0,67 *	0,31
	Wachstumsrate bis zur Ernte	0,07	0,20	0,30
GCA_{Wild} in BC_2				
	Karyopsenertrag		0,45	0,25
	Karyopsen je Pflanze		0,59 +	0,50
	Karyopsen je Ähre		0,38	- 0,56 +
	Ähren je Pflanze		- 0,26	0,78 **
	TKM		0,56 +	- 0,52
	Stroh		- 0,30	0,10
	Ernteindex		0,45	- 0,21
	Höhe		0,58 +	0,30
	Grannenlänge		0,55 +	0,59 +
	Veg. Wachstumsdauer		0,18	0,26
	Gen. Wachstumsdauer		0,33	0,44
	Gesamte Wachstumsdauer		0,28	- 0,30
	Wachstumsrate bis zur Ernte		0,12	0,21
GCA_{Wild} in BC_3				
	Karyopsenertrag			- 0,10
	Karyopsen je Pflanze			- 0,15
	Karyopsen je Ähre			0,35
	Ähren je Pflanze			- 0,26
	TKM			0,04
	Stroh			- 0,16
	Ernteindex			- 0,33
	Höhe			0,31
	Grannenlänge			0,89 ***
	Veg. Wachstumsdauer			0,66 *
	Gen. Wachstumsdauer			0,54
	Gesamte Wachstumsdauer			0,49
	Wachstumsrate bis zur Ernte			- 0,18

Die spezifische Kombinationseignung gibt die Abweichung einer ausgewählten Kreuzung von der, aufgrund der allgemeinen Kombinationseignungen und dem Populationsmittelwert, erwarteten Leistung an. Die Ergebnisse der Berechnung der spezifischen Kombinationseignungen (SCA_{BC1-4}) der untersuchten Kreuzungen sind im Anhang (Tab. A51 - Tab. A53) dargestellt.

In der folgenden Tabelle (Tab. 26) sind die Rangkorrelationen zwischen den spezifischen Kombinationseignungen (SCA_{BC1-4}) der vier Rückkreuzungsgenerationen zusammengefasst. Mit Ausnahme der BC_1/BC_4 und der BC_2/BC_4 können zwischen allen Rückkreuzungsgenerationen mindestens signifikante Beziehungen nachgewiesen werden. Die Beziehungen zwischen den untersuchten Generationen, die statistisch abgesichert werden können, werden mit zunehmender Rückkreuzungsgeneration straffer. Gleichzeitig sind die Beziehungen zwischen aufeinanderfolgenden Generationen im allgemeinen enger als zwischen weiter entfernten. Die straffste Beziehung ($r = 0,76$), die zudem sehr hoch signifikant ist, findet sich für das Merkmal Grannenlänge zwischen der BC_3 und BC_4 . Sämtliche Beziehungen zwischen der BC_1 und der BC_4 dagegen, lassen sich nur mit einer Irrtumswahrscheinlichkeit von $\alpha = 0,1$ absichern. Der Korrelationskoeffizient ist nie größer als $r = |0,35|$. Rangkorrelationen zwischen der BC_1 und BC_2 sind in einigen Fällen signifikant, der Koeffizient ist allerdings nie größer als $r = |0,42|$. Die Merkmale Karyopsenertrag, Ähren je Pflanze, Stroh, Ernteindex, Höhe, Grannenlänge, und gesamte Wachstumsdauer zeigen, jeweils in mehr als einem Fall, zumindest signifikante Beziehungen zwischen einzelnen Rückkreuzungsgenerationen. Hierbei sollte allerdings berücksichtigt werden, dass z.B. die Beziehung BC_1/BC_2 für das Merkmal Karyopsenertrag schwach negativ ist ($r = -0,37$), für die Generationen BC_1/BC_3 allerdings etwas straffer und positiv ($r = 0,49$).

Insgesamt zeigen sich zwar durchaus statistisch nachweisbare Beziehungen zwischen verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen für die meisten Merkmale, aufgrund der häufig schwachen Korrelationen und der Vorzeichenwechsel für die verschiedenen Korrelationskoeffizienten einzelner Merkmale ist es nicht möglich, klare Trends zu erkennen.

Tab. 26: Rangkorrelationen nach Spearman zwischen den $SCA_{BC_{1-4}}$ -Effekten der dreißig untersuchten Kreuzungskombinationen in den vier Rückkreuzungsgenerationen $BC_1 - BC_4$ aus einem unvollständigen Faktoriell von Kultur - x Wildgerste für verschiedene Merkmale, basierend auf zweijährigen Ergebnissen.

		SCA in BC_2	SCA in BC_3	SCA in BC_4
SCA in BC_1	Karyopsenertrag	- 0,37 *	0,49 **	0,12
	Karyopsen je Pflanze	- 0,35 +	0,27	- 0,02
	Karyopsen je Ähre	- 0,41 *	0,11	- 0,29
	Ähren je Pflanze	- 0,39 *	- 0,07	0,24
	TKM	- 0,06	0,31 +	0,17
	Stroh	0,37	0,09	0,14
	Ernteindex	0,04	0,57 **	0,29
	Höhe	0,44 *	0,10	- 0,18
	Grannenlänge	0,37 *	0,13	0,31 +
	Veg. Wachstumsdauer	0,19	0,11	- 0,27
	Gen. Wachstumsdauer	0,08	- 0,11	- 0,33 +
	Gesamte Wachstumsdauer	0,42 *	0,63 ***	0,35 +
	Wachstumsrate bis zur Ernte	0,04	0,06	0,20
SCA in BC_2	Karyopsenertrag		- 0,04	- 0,18
	Karyopsen je Pflanze		0,21	0,19
	Karyopsen je Ähre		- 0,02	0,22
	Ähren je Pflanze		0,42 *	- 0,18
	TKM		0,16	- 0,24
	Stroh		0,65 ***	0,18
	Ernteindex		0,59 ***	0,09
	Höhe		0,55 **	0,25
	Grannenlänge		0,48 **	0,31 +
	Veg. Wachstumsdauer		0,06	0,09
	Gen. Wachstumsdauer		- 0,09	0,22
	Gesamte Wachstumsdauer		0,22	0,07
	Wachstumsrate bis zur Ernte		0,33 +	0,01
SCA in BC_3	Karyopsenertrag			0,12
	Karyopsen je Pflanze			0,01
	Karyopsen je Ähre			0,04
	Ähren je Pflanze			0,42 *
	TKM			0,35 +
	Stroh			0,50 **
	Ernteindex			0,09
	Höhe			0,52 **
	Grannenlänge			0,76 ***
	Veg. Wachstumsdauer			0,41 *
	Gen. Wachstumsdauer			0,52
	Gesamte Wachstumsdauer			0,27
	Wachstumsrate bis zur Ernte			0,40 *

4.2.4 Transgressives Potential

Neben der Frage wie quantitative Merkmale in genetisch weiten Kreuzungen vererbt werden und ob es möglich ist, Prognosen über die Leistungsfähigkeit der Kreuzungsnachkommen in den verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen abzugeben, ist es von Interesse, inwieweit es möglich ist die Leistungsfähigkeit unserer heutigen Sorten durch die Introgression von Allelen aus Wildformen zu steigern. Im folgenden Kapitel wird das positive transgressive Potential der geprüften Linien für das Merkmal Karyopsenertrag, das wahrscheinlich am intensivsten züchterisch bearbeitete Merkmal, dargestellt. Hierbei wird zunächst festgestellt, inwieweit positive Transgression vorliegt. Im folgenden wird näher untersucht, ob Unterschiede beim Anteil transgressiver Linien verstärkt in einzelnen Rückkreuzungsgenerationen, bei einzelnen Wild- oder Kultureltern oder in bestimmten Kreuzungskombinationen auftreten.

Eine Linie galt als transgressiv, wenn ihr Karyopsenertrag eine (Selektionskriterium 1) bzw. zwei (Selektionskriterium 2) Standardabweichungen über dem Wert des entsprechenden Elters lag (s. Kapitel 3.2.4).

Die Berechnung des transgressiven Anteils wurde auch für die Kultureltern durchgeführt, die hier als Kontrollpopulation dienen. Anhand des Selektionskriteriums 1 wurden 14,07 % der Kulturelterlinien als positiv transgressiv eingestuft, nach Selektionskriterium 2 lagen noch 4,08 % der Linien zwei Standardabweichungen über dem Mittelwert.

In der nachfolgenden Tabelle (Tab. 27) ist der prozentuale Anteil der im Merkmal Karyopsenertrag positiv transgressiven Linien dargestellt. Grundsätzlich treten in allen Rückkreuzungsgenerationen Linien auf, die nach beiden Selektionskriterien als transgressiv einzustufen sind. Bei der Betrachtung über das gesamte Faktoriell zeigen sich zunächst deutliche Unterschiede zwischen den verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen. Sowohl bei Anwendung des Selektionskriteriums 1, als auch bei der des Selektionskriteriums 2 steigt der prozentuale Anteil transgressiver Linien unter den Kreuzungsnachkommen von der BC₁ bis zur BC₄ kontinuierlich an. In der BC₄ werden Anteile von 17,03 % (Selektionskriterium 1) bzw. 4,33 % (Selektionskriterium 2) erreicht.

Die Betrachtung der Nachkommenschaften der einzelnen Kultureltern zeigt, dass bei Anwendung von Selektionskriterium 1 alle Eltern in allen Rückkreuzungsgenerationen transgressive Nachkommen aufwiesen. Bei der Anwendung des Selektionskriteriums 2 zeigte sich, dass in der BC₁ Apex und Beate und in der BC₂ Dorett keine positiv transgressiven Nachkommen hatten.

Tab. 27: Prozentualer Anteil der im Merkmal Karyopsenertrag positiv transgressiven Linien innerhalb verschiedener Rückkreuzungsgenerationen für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern, das gesamte unvollständige Faktoriell und einer Kontrollpopulation (Kultureltern), berechnet anhand der Selektionskriterien 1 und 2.

Kreuzungskombinationen / Kultur - und Wildeltern <i>inter se</i>	Prozentualer Anteil transgressiver Linien für zwei Selektionskriterien in vier Rückkreuzungsgenerationen							
	Selektionskriterium 1				Selektionskriterium 2			
	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
Apex * 101-23	2,04	6,67	13,04	15,09	0,00	2,22	0,00	0,00
Apex * 1-B-30	3,85	5,56	0,00	23,08	0,00	0,00	0,00	5,77
Apex * 41936	3,85	11,11	4,17	12,96	0,00	1,85	2,08	0,00
Arena * 42-8	9,09	2,08	28,13	18,18	6,82	0,00	18,75	6,82
Arena * 41923	4,35	16,67	22,73	27,03	0,00	3,70	11,36	16,22
Arena * 41925	15,69	10,71	12,82	17,39	7,84	1,79	2,56	4,35
Aura * 1-B-30	6,38	7,84	1,96	25,64	4,26	1,96	0,00	7,69
Aura * 2-B-20	2,04	9,62	14,81	20,37	2,04	3,85	3,70	7,41
Aura * 41929	9,80	17,07	12,73	16,22	3,92	2,44	3,64	2,70
Beate * 1-B-86	0,00	12,96	9,38	20,00	0,00	1,85	6,25	0,00
Beate * 2-B-20	6,12	19,23	15,38	12,96	0,00	0,00	5,77	0,00
Beate * 41929	6,98	14,29	29,27	29,63	0,00	4,76	9,76	7,41
Berolina * 42-6	3,77	12,96	7,14	31,25	0,00	3,70	5,36	9,38
Berolina * 41923	7,69	7,89	9,52	32,35	0,00	2,63	2,38	14,71
Berolina * 41925	7,41	21,28	13,51	11,11	3,70	2,13	2,70	1,85
Dorett * 101-23	2,78	5,26	16,67	16,67	0,00	0,00	3,70	3,70
Dorett * 1-B-30	11,11	2,00	19,35	20,75	2,78	0,00	0,00	5,66
Dorett * 2-B-20	3,70	4,35	15,15	15,79	1,85	0,00	3,03	5,26
Golf * 1-B-86	9,52	14,58	9,62	5,56	0,00	2,08	3,85	0,00
Golf * 42-8	3,85	22,41	4,00	14,29	1,92	5,17	4,00	3,57
Golf * 41923	14,55	12,50	18,52	20,00	3,64	3,13	9,26	5,45
Harry * 101-23	6,38	2,27	9,52	6,67	0,00	2,27	4,76	0,00
Harry * 42-6	1,96	7,27	16,22	7,14	0,00	0,00	0,00	4,76
Harry * 41936	10,20	9,76	14,29	25,53	2,04	0,00	2,04	8,51
Klaxon * 1-B-86	13,04	12,82	27,59	19,61	0,00	2,56	6,90	1,96
Klaxon * 42-8	12,50	13,64	25,00	8,93	4,17	0,00	0,00	1,79
Klaxon * 41929	12,24	3,57	12,77	7,14	0,00	1,79	0,00	1,79
Lerche * 42-6	1,92	16,33	14,29	14,00	0,00	2,04	0,00	4,00
Lerche * 41925	3,92	7,69	14,81	9,26	1,96	1,92	0,00	1,85
Lerche * 41936	2,44	5,45	7,55	21,57	0,00	0,00	1,89	7,84
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	3,27	7,84	5,56	16,98	0,00	1,31	1,11	1,89
Arena * (42-8, 41923, 41925)	9,93	10,13	20,87	20,47	4,96	1,90	10,43	8,66
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	6,12	11,11	10,00	20,77	3,40	2,78	2,50	6,15
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	4,29	14,75	18,40	20,89	0,00	2,46	7,20	2,53
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	6,29	14,39	9,63	22,50	1,26	2,88	3,70	7,50
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	5,56	3,48	16,95	17,93	1,59	0,00	2,54	4,83
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	9,40	17,39	10,90	13,33	2,01	3,62	5,77	3,03
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	6,12	6,43	14,02	13,43	0,68	0,71	1,87	4,48
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	12,59	9,35	20,00	11,66	1,40	1,44	2,00	1,84
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	2,78	9,62	11,72	14,84	0,69	1,28	0,78	4,52
101-23 * Apex, Dorett, Harry	3,79	4,63	14,29	13,16	0,00	1,85	3,06	1,32
1-B-30 * Apex, Aura, Dorett	6,67	5,16	6,93	22,92	2,22	0,65	0,00	6,25
1-B-86 * Beate, Golf, Klaxon	7,35	13,48	14,16	14,84	0,00	2,13	5,31	0,65
2-B-20 * Aura, Beate, Dorett	3,95	9,68	15,11	16,44	1,32	1,61	4,32	4,11
42-6 * Berolina, Harry, Lerche	2,56	12,03	11,40	16,13	0,00	1,90	2,63	5,65
42-8 * Arena, Golf, Klaxon	8,33	13,33	16,04	13,46	4,17	2,00	7,55	3,85
41923 * Arena, Berolina, Golf	9,15	12,90	17,14	25,40	1,31	3,23	7,86	11,11
41925 * Arena, Berolina, Lerche	8,97	12,90	13,85	12,34	4,49	1,94	1,54	2,60
41929 * Aura, Beate, Klaxon	9,79	10,79	17,48	17,69	1,40	2,88	4,20	4,08
41936 * Apex, Harry, Lerche	5,63	8,67	8,67	19,74	0,70	0,67	2,00	5,26
gesamtes Faktoriell Ø	6,63	10,47	13,61	17,03	1,59	1,85	3,89	4,33
Kontrolle (Kultureltern per se) Ø		14,07				4,08		

In den späteren Rückkreuzungsgenerationen traten bei allen Sorten Nachkommen auf, die das Selektionskriterium 2 erfüllten. Bei den meisten Sorten stieg der Anteil transgressiver Linien in den späteren Rückkreuzungsgenerationen an. Die Nachkommenschaften der einzelnen Sorten erreichten mit einer Ausnahme (Golf, Selektionskriterium 1) in allen Fällen den höchsten Anteil transgressiver Linien entweder in der BC₃ oder BC₄.

Innerhalb der Rückkreuzungsgenerationen zeigten sich deutliche Unterschiede zwischen den Sorten, z.B. wurden nach Selektionskriterium 2 in der BC₄ bei den Nachkommen der Sorte Lerche nur 0,78 % der Linien als transgressiv eingestuft, bei der Sorte Arena waren es mit 10,43 % deutlich mehr. Obwohl deutliche Unterschiede zwischen den Sorten innerhalb einzelner Rückkreuzungsgenerationen vorliegen, zeigen sich die Sorten nicht durchgängig über - oder unterlegen. Die Kreuzungsnachkommenschaften der Sorte Klaxon haben z.B. in der BC₁ den höchsten Anteil transgressiver Nachkommen und sind in den Folgegenerationen durchschnittlich bis sie dann in der BC₄ den niedrigsten Anteil aller untersuchten Nachkommenschaften aufweisen.

Mögliche Zusammenhänge zwischen der Höhe der prozentualen Anteile transgressiver Linien für die Nachkommenschaften einzelner Teilpopulationen des unvollständigen Kreuzungsfaktoriells in den einzelnen Rückkreuzungsgenerationen, wurden mit Hilfe einer Rangkorrelation nach Spearman überprüft. Auf der Ebene der Nachkommen einzelner Kultureltern ergaben sich Korrelationskoeffizienten zwischen -0,18 und 0,39 für den Anteil transgressiver Linien nach Selektionskriterium 1 und entsprechend nach Selektionskriterium 2 Korrelationskoeffizienten zwischen 0,14 und 0,58 (s. Tab. A54). Für die Berechnung nach Selektionskriterium 2 konnte in zwei Fällen eine Tendenz ($\alpha \leq 0,1$) statistisch abgesichert werden. In allen übrigen Fällen waren die Korrelationskoeffizienten für beide Selektionskriterien nicht signifikant.

Bei der Betrachtung der Nachkommenschaften der einzelnen Wildeltern zeigte sich bei der Entwicklung von den frühen bis zu den späteren Generationen ein ähnliches Bild wie bei den Linien, die von den einzelnen Kultureltern abstammen. In der BC₃ bzw. BC₄ war der prozentuale Anteil transgressiver Linien meist höher als in den früheren Rückkreuzungskombinationen. Innerhalb der Rückkreuzungsgenerationen traten auch hier deutliche Unterschiede zwischen den Sorten auf. Die Ergebnisse der Rangkorrelationen nach Spearman zeigten auch bei den Nachkommenschaften der Wildeltern schwache bis mäßige Beziehungen zwischen den Rückkreuzungsgenerationen, die selten statistisch abgesichert werden konnten. Zwischen der BC₁ und der BC₃ (nach Selektionskriterium 2) konnte eine signifikante Beziehung mit einem Korrelationskoeffizienten von -0,17 gefunden werden (s. Tab. A54).

Auf der Ebene einzelner Kreuzungskombinationen zeigen sich innerhalb der einzelnen Rückkreuzungsgenerationen große Unterschiede (Tab. 27). In der BC₄ gibt es sowohl Kreuzungskombinationen, bei denen nach Selektionskriterium 2 keine einzige Linie als transgressiv für das Merkmal Karyopsenertrag gelten kann, als auch Kombinationen, die einen Anteil von 16,22 % transgressiver Linien aufweisen. Beim Vergleich der drei Kreuzungen mit der Sorte Berolina als Kulturelter zeigen sich ebenfalls unterschiedlich hohe Anteile, zwischen 1,85 % und 14,71 % transgressiver Linien (nach Selektionskriterium 2) innerhalb der BC₄. Betrachtet man die drei Kreuzungen, die mit dem Wildelter 41923 erstellt wurden, liegen ebenfalls Unterschiede von über 10 % für das Selektionskriterium 2 in der BC₄ vor.

Die Berechnung der Rangkorrelation nach Spearman zeigte schwache bis mäßige Beziehungen, die sowohl positiv, als auch negativ sind (s. Tab. A54). Eine signifikante Beziehung zwischen der BC₂ und BC₃ konnte für den Anteil transgressiver Linien nach Selektionskriterium 2 mit einem Korrelationskoeffizienten von 0,44 nachgewiesen werden.

Zur Überprüfung der Beziehung der Elterneigenleistung zum prozentualen Anteil transgressiver Linien je Kreuzungskombination wurden ebenfalls Rangkorrelationen nach Spearman berechnet. Die Korrelationskoeffizienten für die Beziehung zwischen Eigenleistung der Eltern und transgressivem Anteil waren grundsätzlich sehr niedrig, nie signifikant und zum Teil negativ. Bei den Wildeltern war bereits die Beziehung der Eigenleistung zum empirischen Mittel sehr schwach ausgeprägt.

Tab. 28: Rangkorrelationen zwischen der Eigenleistung der Kultur- bzw. Wildeltern und dem prozentualen Anteil transgressiver Linien je Kreuzungskombination (trans) bzw. den Mittelwerten der Kreuzungskombinationen (emp) für 30 Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Kreuzungsfaktoriells von Kultur- * Wildgerste in vier Rückkreuzungsgenerationen.

	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	trans	emp	trans	emp	trans	emp	trans	emp
Eigenleistung der Kultureltern	-0,26	0,53**	-0,01	0,44*	-0,42*	0,50**	-0,27	0,36 ⁺
Eigenleistung der Wildeltern	-0,004	-0,14	0,29	-0,01	0,09	-0,14	0,17	-0,10

Neben der Feststellung, welche und wie viele Linien für das Merkmal Karyopsenertrag Transgression aufweisen, ist von Interesse, wie diese Linien sich im Hinblick auf das agronomische Erscheinungsbild von den ihnen unterlegenen Kultureltern unterscheiden. In der nachfolgenden Grafik sind für die transgressiven Linien (Selektionskriterium 2) die Ausprägungen der erhobenen Merkmale relativ zu den Mittelwerten der Kultureltern dargestellt.

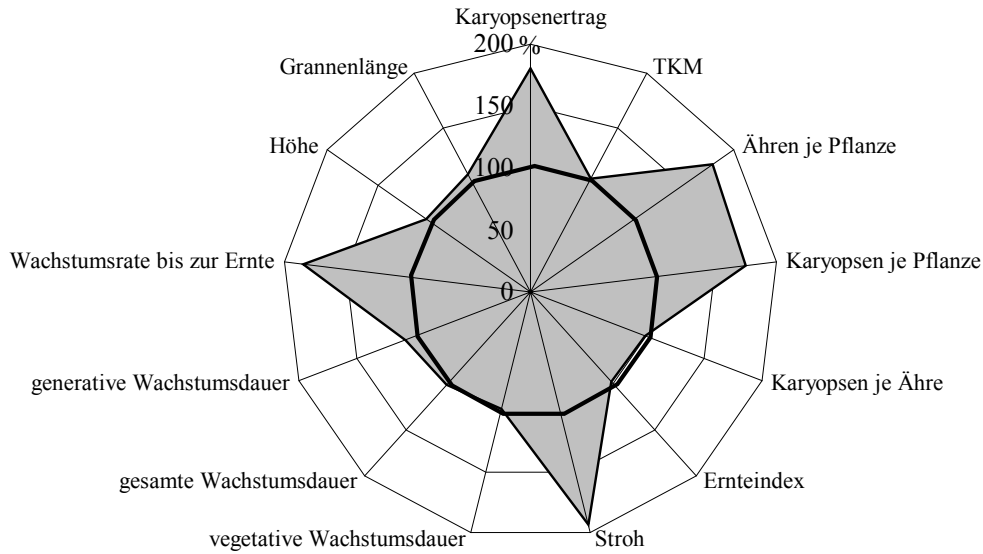


Abb. 22: Darstellung der erhobenen Merkmale für das Mittel der im Merkmal Karyopsenertrag transgressiven Linien (mehr als zwei Standardabweichungen über den rekurrenten Kultureltern), als Relativwert bezogen auf das Mittel der Kultursorten (Mittelwert der Kultursorte = 100 %) für die Versuchsjahre 1999 und 2000.

Neben einem deutlich höheren Karyopsenertrag fallen die transgressiven Linien durch im Vergleich zu den Kultureltern deutlich erhöhte Stroherträge und Wachstumsraten bis zur Ernte auf. Außerdem sind fast doppelt so viele Ähren je Pflanzen und dadurch auch Karyopsen je Pflanze vorhanden. Die übrigen Merkmale bewegen sich auf dem Niveau der Kultureltern.

Sowohl die Mittelwerte als auch die Variationskoeffizienten wurden für alle Kultursorten und für alle Kreuzungsnachkommen, die im Merkmale Karyopsenertrag als transgressiv eingestuft wurden, für die untersuchten Merkmale berechnet (Tab. 29). Neben den Mittelwerten, die in Abb. 22 dargestellt wurden, ist die Schwankungsbreite der Merkmalsausprägung bei den einzelnen Linien im Vergleich zu den Kultursorten von Interesse.

Das Merkmal Karyopsenertrag wird in der Tabelle nicht berücksichtigt, da es als Auswahlkriterium für die transgressiven Linien in der Kreuzungsnachkommenschaft gedient hat. Hierdurch sind sowohl der Mittelwert als auch der Variationskoeffizient vom Auswahlkriterium abhängig und nicht geeignet die ausgewählten Linien zu charakterisieren.

Tab. 29: Mittelwerte und Variationskoeffizienten der erhobenen Merkmale für die Kultursorten und die im Merkmal Karyopsenertrag transgressiven Linien (mehr als zwei Standardabweichungen über den rekurrenten Kultureltern) für die Versuchsjahre 1999 und 2000.

Merkmal	Kultursorten		Transgressive Nachkommen	
	Mittelwert	Variationskoeffizient	Mittelwert	Variationskoeffizient
TKM (g)	43,81	11,89	45,32	11,22
Ähren je Pflanze (Anz.)	5,48	30,56	9,84	20,44
Karyopsen je Pflanze (Anz.)	121,42	31,03	212,98	15,28
Karyopsen je Ähre (Anz.)	22,31	15,13	22,04	13,85
Wachstumsrate bis zur Ernte (GDD)	0,01	31,19	0,02	20,16
Stroh (g/Pfl.)	5,19	32,15	10,06	29,16
Ernteindex	0,47	10,11	0,46	10,54
Höhe (cm)	80,47	8,65	82,51	12,89
Grannenlänge (cm)	9,96	17,46	10,74	20,56
vegetative Wachstumsdauer (GDD)	802	11,18	779	14,21
gesamte Wachstumsdauer (GDD)	1205	2,62	1214	2,65
generative Wachstumsdauer (GDD)	403	20,88	435	23,44

Die Mittelwerte und Variationskoeffizienten wurden über alle Kultursorten gebildet, um das Spektrum verschiedener Ideotypen moderner Hochleistungssorten darzustellen. Hohe Variationskoeffizienten weisen daraufhin, dass verschiedene Kombinationen von Merkmalsausprägungen zu hohen Karyopsenerträgen führen können.

Die Kultursorten weisen für die Ertragsstrukturmerkmale, die Wachstumsrate bis zur Ernte und den Strohertrag höhere Variationskoeffizienten auf, als die transgressiven Linien, die in den Kreuzungsnachkommenschaften gefunden wurden.

Bei den übrigen Merkmalen sind die Variationskoeffizienten der züchterisch intensiv bearbeiteten Kultursorten niedriger als die der ausgewählten Kreuzungsnachkommen.

5 Diskussion

Im folgenden Kapitel sollen die Fragen, die im Kapitel Ziele der Arbeit (Kap. 2.10) formuliert wurden, diskutiert werden. Zunächst soll das Leistungspotential der Wildformen unter Feldbedingungen erörtert werden. Die Charakterisierung der Mittelwerte und Varianzen der Kreuzungsnachkommen in den Rückkreuzungsgenerationen und der Versuch der empirischen Verifizierung der theoretischen Modelle nach Cox schließen sich an. Möglichkeiten zur Auswahl eines geeigneten Zuchtschemas werden anhand der spezifischen und allgemeinen Kombinationsfähigkeiten der Kreuzungskombinationen in den einzelnen Rückkreuzungsgenerationen diskutiert. Nach der Beantwortung der Frage, ob moderne Sorten im züchterisch intensiv bearbeiteten Merkmal Karyopsenertrag durch Allele aus exotischem Material verbessert werden können, soll geprüft werden, ob die besprochenen Ergebnisse Möglichkeiten zur gezielten Elternauswahl aufzeigen und Hinweise auf die geeignete Generation zur Selektion vielversprechender Nachkommen geben können.

Wie ist die Eigenleistung der Wildformen bei agronomisch wichtigen Merkmalen unter Feldbedingungen im Vergleich zu den Kultursorten zu charakterisieren?

Neben der Untersuchung von Nachkommen genetisch weiter Kreuzungen und der Vererbung quantitativer Merkmale in verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen ist es im Rahmen dieser Arbeit von Interesse, eine Evaluierung des exotischen Materials vorzunehmen. Im folgenden wird zunächst die Leistungsfähigkeit der *H. spontaneum* Linien im Vergleich zu den adaptierten Kultursorten hinsichtlich verschiedener agronomisch wichtiger Merkmale dargestellt. Im Anschluss werden die Unterschiede innerhalb der Gruppen der Wildformen und Kultursorten besprochen, wobei näher auf die Entwicklungsgeschwindigkeit der untersuchten Phänotypen eingegangen wird. Die Beziehungen zwischen den untersuchten Merkmalen werden für die beiden Gruppen getrennt dargestellt und verglichen.

Neben den Kreuzungsnachkommenschaften wurden sowohl die Kultur-, als auch die Wildeltern im Feldversuch in Parzellen angebaut und evaluiert. Wie in Kap.4.1 beschrieben, unterscheiden sich die Wildformen sehr stark von den Kultursorten. Die züchterische Bearbeitung hat bei den untersuchten Sorten zu einer Veränderung der agronomisch bedeutenden Merkmale geführt.

Merkmale, die den Ertrag verbessern, erreichen bei den Sorten höhere Werte. Merkmale die zu geringeren Erträgen führen, weisen niedrigere Werte bei den Kultursorten als bei den Wildformen auf (s. Abb. 4). Hierbei kommt es zu erheblichen Unterschieden. Die Zahl der Karyopsen je Ähre bzw. je Pflanze der Wildformen liegt beispielsweise bei weniger als der

Hälfte der Karyopsenzahl der Kultursorten. Die durchschnittliche Strohmenge der Wildformen erreicht 150 % der Menge der Kulturformen.

Insgesamt zeigten sich für fast alle Merkmale hoch oder höchst signifikante Unterschiede zwischen den Gruppen der Kultursorten und der Wildformen (Tab. 7). Eine Ausnahme bildete nur die generative Wachstumsdauer. Diese Ergebnisse stimmen mit den Ergebnissen von SCHACHT (1998) überein, der ebenfalls signifikante Unterschiede für die Ertragsstrukturmerkmale, die Pflanzenhöhe, den Ernteindex und weitere untersuchte Merkmale zwischen *H. vulgare* und *H. spontaneum* feststellen konnte.

Bei den *H. spontaneum* Linien trat grundsätzlich Spindelbrüchigkeit auf, die ein Charakteristikum von Wildformen ist (BOTHMER et al., 2003b). Entsprechend erreichten die Wildformen beim Merkmal Karyopsenertrag nur 34 % der Leistung der Kultursorten. SCHACHT (1998) fand beim Vergleich von Kultur- und Wildformen für *H. spontaneum* einen Ertrag, der bei nur 18 % der Kultursortenleistung lag. Eine Ursache hierfür ist wahrscheinlich die Spindelbrüchigkeit der Ähren, die eine Erfassung des Karyopsenertrages bei *H. spontaneum* erschwert.

In einer Untersuchung von RODGERS (1982) lag ein ähnlich niedriger Wert vor, die Wildformen erreichten nur 12 % des Kulturelternertrages, obwohl die Ähren eingetütet wurden, um Kornverluste durch Spindelbrüchigkeit zu verhindern.

Die häufig getroffene Aussage, dass *H. spontaneum* eine geringe agronomische Leistungsfähigkeit besitzt (VETELÄINEN, 1994b, RODGERS, 1982, SCHACHT, 1998, CORKE et al., 1989), bestätigt sich in den vorliegenden Untersuchungen.

Innerhalb der untersuchten Gruppen konnten, sowohl für die Kultursorten als auch für die Wildformen, für alle untersuchten Merkmale Unterschiede statistisch nachgewiesen werden (Tab. 8 - Tab. 11). Die Bewertung der Unterschiede zwischen den *H. spontaneum* Linien gestaltet sich bei den Ertragsstrukturmerkmalen, mit Ausnahme der Ähren je Pflanze, aufgrund der Spindelbrüchigkeit schwierig. Bei den ebenfalls untersuchten Wachstumsdauern spielt die Ausprägung dieses Merkmals keine Rolle. Bei den Kultursorten konnten Unterschiede zwischen den vegetativen, generativen und gesamten Wachstumsdauern nachgewiesen werden (Tab. 9). Beim Vergleich der Darstellung der Wachstumsdauern der Sorten (Abb. 5) und der Wildformen (Abb. 6), zeigt sich, dass die Wildformen für die Wachstumsdauern eine deutlich größere Spannbreite aufweisen. Sowohl die gesamte, als auch die vegetative und generative Wachstumsdauer schwanken bei den einzelnen Wildformen stark (Tab. 11, Abb. 6). Insgesamt sind die Wachstumsdauern für die Gruppe *H. spontaneum* deutlich länger.

Obwohl die Variabilität beim Blühzeitpunkt sicherlich von der fehlenden Adaption der israelischen Wildgersten an die photoperiodischen Bedingungen und Temperaturen in unseren geographischen Breiten beeinflusst wird und in einer weiteren Untersuchung ebenfalls nachgewiesen wurde (SCHACHT, 1998), konnte auch unter israelischen Bedingungen eine große Variabilität für die Länge der einzelnen Entwicklungsphasen nachgewiesen werden (NEVO et al., 1984). Der vergleichsweise späte Blühzeitpunkt konnte ebenfalls unter israelischen Bedingungen von CORKE et al. (1989) nachgewiesen werden (Tab. 12).

Um Beziehungen zwischen dem Karyopsenertrag und den übrigen Merkmalen aufzuzeigen, wurden die Korrelationskoeffizienten berechnet. Die Berechnung erfolgte für die Kultursorten und die Wildformen getrennt. Für die Kultursorten ergaben sich vor allem sehr straffe positive Beziehungen zwischen dem Karyopsenertrag und den Merkmalen Stroh, Ähren je Pflanze und Karyopsen je Pflanze; hohe Erträge werden in diesem Sortiment von einer hohen Wüchsigkeit der Pflanze begünstigt. Straffe negative Beziehungen konnten in keinem Fall nachgewiesen werden.

Bei den Wildformen zeigten sich andere Ergebnisse. Der Karyopsenertrag war ebenfalls straff positiv mit den Ähren je Pflanze und den Karyopsen je Pflanze, aber auch mit der Tausendkornmasse und den Karyopsen je Ähre korreliert. Gleichzeitig traten straffe negative Beziehungen zwischen vegetativen bzw. gesamten Wachstumsdauern und dem Karyopsenertrag auf. Je stärker die Ausprägung der Wildeigenschaften wie Spindelbrüchigkeit und später Blühzeitpunkt waren, desto geringer war der Ertrag (Tab. 12).

Neben der Beschreibung der phänotypischen Daten wurde die Heritabilität für die Kultur Eltern berechnet (Tab. 13). Hierbei ergaben sich hohe Heritabilitäten für die Merkmale generative und vegetative Wachstumsdauer, Karyopsen je Ähre, Höhe und TKM. Niedrige Heritabilitäten wurden für die Merkmale gesamte Wachstumsdauer, Ernteindex, Karyopsenertrag und Stroh gefunden. KEARSEY (2001) weist daraufhin, dass morphologische Merkmale wie Höhe oder Merkmale wie der Blühzeitpunkt, in der Regel höhere Heritabilitäten aufweisen, während Merkmale wie Ertrag niedrigere Werte erzielen, da ein großer Anteil der Variation durch Selektion verlorengegangen ist.

Die Heritabilität hängt stark von der Art des Versuchsaufbaus und der Präzision der Merkmalserfassung ab. KEARSEY (2001) bezeichnet die Heritabilität auch als Maß für die Wiederholbarkeit eines Versuchs. In diesem Versuch wurden Heritabilitäten zwischen 0,5 und 0,96 gefunden; unter Berücksichtigung der Tatsache, dass diese Werte auf Messungen an Einzelpflanzen zurückgehen, erscheinen diese Werte hoch und weisen auf eine hohe Präzision bei der Versuchsdurchführung hin. Einschränkend muss allerdings darauf hingewiesen

werden, dass die Feldversuche zweijährig aber nur an einem Ort durchgeführt wurden. Die Varianz der Genotyp – Ort – Interaktion kann also nicht von der genotypischen Varianz getrennt werden, wodurch es zu einer Überschätzung der Heritabilitäten kommt (BECKER, 1993).

Fazit: Die Wildformen unterscheiden sich deutlich von den heutigen Kultursorten und haben in der Regel negative agronomische Eigenschaften, die typischen Eigenschaften von Wildpflanzen entsprechen. Hierzu zählt vor allem die Spindelbrüchigkeit, aber auch weitere Eigenschaften, wie der späte Blütezeitpunkt oder die größere Pflanzenhöhe. Diese Eigenschaften erschweren zum Teil die Evaluierung erheblich. Die Prüfung der Wildformen, gerade bei der Erfassung der Ertragsstrukturkomponenten, bedeutet einen hohen Arbeitsaufwand. Die Eignung der Wildformen zur Verbesserung der modernen Sorten soll im Folgenden näher erörtert werden.

Wie sind die Mittelwerte und Varianzen der Nachkommen aus *H. vulgare* x *H. spontaneum* Kreuzungen im Vergleich zu den Elternsortimenten zu bewerten?

Nachfolgend soll die Merkmalsausprägung in Bezug auf die Mittelwerte und Varianzen bei den Nachkommen mit den Ergebnissen der Evaluierung der Elternsortimente verglichen werden. Im vorherigen Abschnitt konnte gezeigt werden, dass die Elterngruppen, *H. vulgare* und *H. spontaneum* sich im Hinblick auf die untersuchten Merkmale deutlich unterscheiden. Die Wildformen erreichten höhere Werte bei den Merkmalen Stroh, Höhe, gesamte Wachstumsdauer und Grannenlänge (Tab. 7). Erwartungsgemäß übertrafen die Kreuzungsnachkommen die rekurrenten Eltern in diesen Merkmalen. Nur für das Merkmal Höhe wurde der Wert der Kultureltern in der BC₄ unterschritten (Tab. 14).

Vergleichsweise große mittlere Pflanzenhöhen in Kreuzungsnachkommenschaften aus *H. spontaneum* und *H. vulgare* sind übereinstimmend auch von SCHACHT (1998), RODGERS (1982) und VETELÄINEN (1994b) gemessen worden. In einigen Untersuchungen (SCHACHT, 1998, RODGERS, 1982) waren bereits ab der BC₂ einzelne Nachkommenschaften zu identifizieren, die das Kulturelternniveau annähernd erreicht hatten. Bei ZACHARIAS (2001) lagen die Pflanzenhöhen der zwei untersuchten Kreuzungspopulationen (*H. spontaneum* x *H. vulgare*) in der BC₂ ebenfalls etwa auf dem Niveau der Kultureltern. VON KORFF (2005) fand in Kreuzungen zwischen Wild- und Kulturgersten mehrere QTL für das Merkmal Pflanzenhöhe. Bei einigen QTL führte das *H. spontaneum* Allel zu einer erwünschten Verringerung der Pflanzenhöhe.

Die, gegenüber den rekurrenten Kultureltern erhöhte Strohmenge, kann anhand der Literatur nicht beurteilt werden. Zahlreiche Autoren beziehen sich auf die Biomasse (SCHACHT, 1998, RODGERS, 1982, ZACHARIAS, 2001, PILLEN, 2001). Die Ergebnisse widersprechen sich zudem. ZACHARIAS (2001) fand in den Nachkommenschaften etwas niedrigere Werte für die oberirdische Biomasse, PILLEN (2001) höhere als bei den rekurrenten Eltern. SCHACHT (1998) fand deutlich höhere Biomassen bei den Nachkommen. Die oberirdische Biomasse setzt sich aus den Komponenten Karyopsenertrag und Stroh zusammen. In der vorliegenden Untersuchung tragen diese Parameter etwa gleich viel zur oberirdischen Biomasse bei, entwickeln sich aber entgegengesetzt. Die Strohmenge ist bei den Wildeltern und frühen Rückkreuzungsnachkommenschaften hoch, bei den Kultureltern und späten Generationen niedrig, beim Karyopsenertrag ist es umgekehrt (Tab. 14). Da beide Merkmale von zahlreichen Genen und Umwelteffekten beeinflusst werden, ist es denkbar, dass die Stärke der Merkmalsausprägung in den Versuchen variiert, sich zum Teil gegenseitig aufhebt und so zu kontroversen Ergebnissen führt.

Bei den Ertragsstrukturmerkmalen sind die züchterisch bearbeiteten Kultursorten den Wildformen grundsätzlich überlegen. Die Rückkreuzungsnachkommenschaften sind erwartungsgemäß für die Merkmale Karyopsenertrag, TKM, Karyopsen je Pflanze bzw. je Ähre in den frühen Generationen den rekurrenten Eltern unterlegen. Das Niveau der Kultureltern konnte aber in der BC₃ oder BC₄ zumindest annähernd erreicht bzw. sogar überschritten werden (Tab. 14). Diese Ergebnisse stimmen mit Angaben in der Literatur überein, nach denen das zunächst verringerte Leistungsniveau der Nachkommen aus *H. spontaneum* x *H. vulgare* Kreuzungen, sich im Verlauf der Rückkreuzungen bis zum Niveau der Kultursorten verbessert (SCHACHT, 1998, RODGERS, 1982). Auffällig zeigten sich die Ergebnisse für das Merkmal Ähren je Pflanze. Hier lag der Mittelwert der Wildformen unter dem Mittelwert der Kultursorten. Dies widerspricht Angaben von SCHACHT (1998). Die Nachkommen bewegten sich bei diesem Merkmal in allen Generationen außerhalb der Spannbreite der Eltern und hatten durchgängig mehr Ähren als beide Elternsortimente. Diese Ergebnisse bestätigen sich bei PILLEN (2001) und SCHACHT (1998). In der vorliegenden Arbeit wurde die Zahl der Ähren an den geernteten Pflanzen bestimmt. Bei den spindelbrüchigen Wildformen waren häufig nur Ährenbruchstücke vorhanden. Es wurden jeweils die Bruchstücke als Ähre gezählt, die durch den Halmquerschnitt als basaler Teil der Ähre zu erkennen waren. Möglicherweise wurde hierdurch die Anzahl der Ähren bei den Wildformen unterschätzt. In jedem Fall führt die mangelnde Synchronisation bei der Entwicklung, auch beim Übergang in die generative Phase und die fehlende Anpassung an die hiesigen

klimatischen Gegebenheiten dazu, dass das Potential der *H. spontaneum* Linien zur Bildung von Ähren nicht vollständig genutzt werden konnte.

Neben den Ähren je Pflanze bewegten sich die Wachstumsrate bis zur Ernte und die vegetative und generative Wachstumsdauer in allen Rückkreuzungsgenerationen außerhalb der Spannbreite beider Elterngruppen (Tab. 14). Die vegetative Wachstumsdauer war kürzer als bei den Eltern, die übrigen Merkmale lagen über den jeweiligen Elternmittelwerten. Von frühen Blühzeitpunkten im Vergleich zu den Kultureltern bei den Nachkommen interspezifischer Gerstenkreuzungen, wird in etlichen Untersuchungen berichtet (SCHACHT, 1998, RODGERS, 1982, PILLEN, 2001). VETELÄINEN und NISSILÄ (1997) fanden ebenfalls Nachkommenschaften, die früher als die Eltern blühten und im Anschluss eine längere generative Phase durchliefen. Für den Blühzeitpunkt wiesen GALLAGHER et al. (1987) auf spezifische Effekte von Majorgenen und auf die Bedeutung verschiedener in ihrer Wirkung maskierter Minorgene hin, die für bestimmte Kreuzungskombinationen zwischen adaptierten und nicht adaptierten Eltern deutliche epistatische Effekte unter Langtagsbedingungen bewirken. Hierdurch käme es entsprechend zu einer Beeinflussung der Wachstumsdauern.

Neben der Merkmalsausprägung an sich ist die Entwicklung der Mittelwerte im Verlauf der Rückkreuzungsgenerationen von Interesse. Die Entwicklung der Mittelwerte in den Rückkreuzungspopulationen und die Korrelationen zwischen den Rückkreuzungsgenerationen soll im nachfolgenden Unterkapitel bei der Diskussion der Möglichkeiten einer Prognose anhand theoretischer Modelle ausführlich besprochen werden.

Ein Ziel der Introgression von *H. spontaneum* war die Erhöhung der Variabilität gegenüber der Variabilität der als Eltern verwendeten Kultursorten. Die Variationskoeffizienten, die die phänotypische Varianz beschreiben, zeigen, dass auf der Ebene des gesamten Faktoriells ein Anstieg der Variabilität, der bis in die BC₄ vorhanden war, erreicht wurde (Abb. 12). Die Erhöhung der Variabilität in weiten Kreuzungen zwischen *H. vulgare* und *H. spontaneum* konnte von anderen Autoren ebenfalls festgestellt werden (RODGERS, 1982, SCHACHT, 1998). Die Variabilität sank für alle Merkmale mit Ausnahme der Tausendkornmasse, der vegetativen Wachstumsdauer und der Grannenlänge kontinuierlich von Generation zu Generation. Für etliche Merkmale fiel ein starker Rückgang der Variabilität von der BC₁ zur BC₂ auf. Dies betraf die Merkmale Karyopsenertrag, Karyopsen je Ähre und Pflanze, Ernteindex, vegetative Wachstumsdauer und die Wachstumsrate bis zur Ernte. SCHACHT (1998) berichtet von einer erheblichen Abnahme der genetischen Varianz von der BC₀ bis zur BC₁ und einer Verlangsamung der Abnahme von der BC₁ zur BC₂. Da in der vorliegenden Arbeit

die BC₀ nicht untersucht wurde, kann keine Aussage über die Veränderungen vor der BC₁ getroffen werden.

Fazit: Die Mittelwerte der Merkmale entwickelten sich im Allgemeinen von der BC₁ zur BC₄ kontinuierlich in Richtung des Kultureltermittels. Bei den meisten Merkmalen bewegten sich die Mittelwerte der Nachkommenschaften in den Rückkreuzungsgenerationen in der Spanne zwischen den beiden Elternsortimenten. Die Leistung des rekurrenten Elters konnte zumeist in späteren Rückkreuzungsgenerationen erreicht werden. Die Variabilität konnte durch die Kreuzung mit *H. spontaneum* Linien erhöht werden. Im Verlauf der Rückkreuzungen sank die Variabilität.

Ist eine empirische Verifizierung der theoretischen Erwartungen für Mittelwerte und Varianzen als Basis für eine Prognose der Nachkommenschaftsleistung und so zur Auswahl geeigneter Eltern bzw. Kreuzungskombinationen möglich?

Die Bewertung der Mittelwerte im vorangegangenen Abschnitt hat gezeigt, dass die Nachkommen der *H. vulgare* x *H. spontaneum* Kreuzungen für wichtige agronomische Eigenschaften, bereits nach wenigen Rückkreuzungen zumindest annähernd das Niveau der rekurrenten Kultureltern erreichen konnten. Nachfolgend soll überprüft werden, inwieweit die empirischen Werte mit den entsprechenden theoretischen Erwartungen übereinstimmen. Rückkreuzungsprogramme mit exotischem Material zeichnen sich durch einen hohen Arbeitsaufwand aus. Eine Übereinstimmung der theoretischen Werte mit den empirischen Werten, würde eine Prognose der Leistung später Rückkreuzungsgenerationen bereits in frühen Generationen und so eine frühzeitige Selektion auf gewünschte Merkmalsausprägungen ermöglichen. Eine frühe Verringerung der zu prüfenden Nachkommen würde dem Züchter eine optimale Allokation seiner Ressourcen ermöglichen. Die geringere Anzahl der Nachkommenschaften könnte in einer großzügigeren Dimensionierung weitergeführt werden. Der Verlust erwünschter Allele aus dem exotischen Material könnte hierdurch fast völlig vermieden werden (COX, 1984b).

Die theoretischen Erwartungen wurden unter Verwendung des Modells von COX (1984a) berechnet (s. Kapitel 3.2.4). Das Modell geht von einem linearen Anstieg bzw. Abfall des Generationsmittels im Verlauf der Rückkreuzungsgenerationen aus. Die Berechnung erfolgt auf Basis der Elternmittelwerte unter Berücksichtigung des Genomanteils des jeweiligen Elters. Das Modell basiert auf der Annahme, dass nur additive Vererbung relevant ist, Dominanz und Epistasie werden ausgeschlossen.

In der vorliegenden Studie wurden zunächst die empirischen Werte mit den theoretischen Erwartungen auf der Ebene des gesamten Faktoriells verglichen. Bei den Merkmalen, bei denen die Kultureltern ein höheres Leistungsniveau erreichten, waren die empirischen Werte meist über der theoretischen Erwartung, bei den Anderen in der Regel unter den Erwartungen (Abb. 7). Statistisch nachweisbare Abweichungen vom Modell lagen nur in einigen Fällen vor. Für die Tausendkornmasse und die generative Wachstumsdauer lagen die empirischen Nachkommenschaftsmittelwerte in der BC_1 und BC_2 signifikant über der theoretischen Erwartung. Unter der theoretischen Erwartung lagen die empirischen Ergebnisse der Merkmale Karyopsen je Ähre ($BC_1 - BC_4$), Höhe (BC_1), vegetative Wachstumsdauer ($BC_1 - BC_4$) und der gesamten Wachstumsdauer in der $BC_1 - BC_3$ (s. Tab. 14). Für die übrigen Merkmale waren Abweichungen von den theoretischen Erwartungen statistisch nicht nachweisbar. Wie bereits in der Untersuchung von SCHACHT (1998) fiel auf, dass die statistisch nachweisbaren Abweichungen zu den theoretischen Erwartungen, mit Ausnahme der Karyopsen je Ähre, zumeist in Richtung der Kultureltereigenleistung ausgerichtet waren. In früheren Rückkreuzungsgenerationen konnten mehr signifikante Abweichungen nachgewiesen werden, als in späteren.

Mögliche Ursachen für die Abweichungen stellen sowohl die problematische Merkmalerhebung bei den *H. spontaneum* Linien, als auch die fehlende Anpassung der israelischen Wildformen an die hiesigen klimatischen Gegebenheiten, die die Eigenleistung der *H. spontaneum* Linien beeinflusst hat, dar. Aus diesem Grund wurde ein modifiziertes theoretisches Modell zur Berechnung theoretischer Erwartungen verwendet. Hierbei wurde das Modell nach COX (1984a) mit einer veränderten Datenbasis angewandt. Statt die Berechnungen anhand der Daten der Wildformen durchzuführen, wurde die BC_1 als Datenbasis verwendet. Hierdurch stehen allerdings keine theoretischen Werte für die BC_1 , der Generation, in der die meisten signifikanten Abweichungen vom Modell nach COX (1984a) nachgewiesen werden konnten, zur Verfügung.

Bei der Betrachtung der Ergebnisse (s. Tab. 14) zeigt sich, dass in keiner Rückkreuzungsgeneration eine signifikante Abweichung der empirischen Werte von den theoretischen Erwartungen des modifizierten Modells nachgewiesen werden konnte. Das modifizierte Modell beschreibt demnach die Entwicklung der Mittelwerte in den Rückkreuzungsgenerationen besser als das ursprüngliche Modell nach COX (1984a).

Auf der Ebene der einzelnen Kreuzungseltern, d.h. der Nachkommenschaft eines Wild – bzw. Kultureltern in jeweils allen drei Kreuzungskombinationen, konnten, sowohl für das theoretische Modell nach COX (1984a), als auch für das modifizierte Modell zahlreiche

Abweichungen nachgewiesen werden. Wie auf der Ebene des gesamten Faktoriells nahm die Zahl der signifikanten Abweichungen von den frühen zu den späten Rückkreuzungsgenerationen ab (s. Tab. 15). Das modifizierte theoretische Modell beschreibt auch auf dieser Ebene die empirischen Werte besser. In den Generationen BC₂ – BC₄ konnten nur zwischen 38 und 44 % der Abweichungen statistisch nachgewiesen werden, die bei Anwendung des ursprünglichen Modells signifikant waren. Die relative Vorzüglichkeit des modifizierten Modells unterschied sich allerdings für die einzelnen Merkmalen. In einigen Fällen konnten sogar mehr Abweichungen als zuvor nachgewiesen werden.

Die vermehrt auftretenden Abweichungen zeigen, dass die Präzision des modifizierten Modells auf dieser Ebene nicht mehr ausreicht. Auf dieser Ebene befinden sich 55 – 84 Linien in jeder Elterngruppe und Rückkreuzungsgeneration. Die Anzahl der geprüften Linien ist hoch. Die Wahrscheinlichkeit, dass durch genetischen Drift verlorene Allele bei der Anzahl der geprüften Linien sich phänotypisch gleichgerichtet auswirken und zu einer signifikanten Abweichung vom Modell führen, ist als gering einzustufen. Obwohl ein Teil der signifikanten Abweichungen des Modells nach COX (1984a) auf der unzureichenden Evaluierung der Wildeltern beruht und von einem gewissen Allelverlust durch genetischen Drift ausgegangen werden kann, scheinen hier weitere Einflussgrößen vorzuliegen.

Da das Modell auf der Annahme beruht, dass nur additive Genwirkungen als relevant einzustufen sind, sind Abweichungen von den theoretischen Erwartungen, als Abweichungen von der Additivität einzustufen. Demnach ist die Ursache für Unterschiede zwischen empirischen und theoretischen Werten in Dominanz – bzw. in epistatischen Effekten zu suchen.

Bei der Berechnung der Koeffizienten für die genetischen Varianzkomponenten auf der Basis der hier gewählten Kreuzungsdimensionierung (s. Kap. 3.2.4), lagen die Koeffizienten für die Dominanzvarianz zwischen 0,001 und 0,023, der Koeffizient für die additiv – genetische Varianz zwischen 0,138 und 0,844. Durch die Abnahme der Heterozygotie ist der Einfluss der Dominanz vergleichsweise gering. Nach FEHR (1987) werden Genwirkungen, bei denen die Ausprägung eines Merkmals durch jedes zusätzliche Allel in additiver Weise beeinflusst wird, mit dem Begriff Additivität beschrieben. Eine intraallelische Interaktion an einem heterozygoten Locus, bei der ein Allel die Ausprägung eines anderen mehr oder weniger verdeckt, wird als Dominanz bezeichnet. Kommt es zu einer interallelischen Interaktion zwischen zwei oder mehr Loci, die ein Merkmal beeinflussen, liegt Epistasie vor. Epistasie kann auf der Interaktion mehrerer additiv wirkender bzw. dominant wirkender Allele beruhen. Grundsätzlich sind die möglichen epistatischen Beziehungen um so vielfältiger, je mehr Loci an der Merkmalsausprägung beteiligt sind.

In der vorliegenden Untersuchung schlossen sich an die ursprünglichen Kreuzungen einige Selbstungs- und Rückkreuzungsgenerationen an, wodurch ein hoher Homozygotiegrad vorliegt. Wie bereits anhand der berechneten Koeffizienten für die genetischen Varianzkomponenten deutlich wurde, sollte die Dominanz bzw. durch sie verursachte Wirkungen von untergeordneter Bedeutung sein (RODGERS, 1982, LÉON, 1991). Da additive Genwirkungen die Entwicklung der Merkmalsausprägung in den Rückkreuzungsgenerationen nicht hinreichend erklären und Dominanzeffekte einen geringen Einfluss aufweisen sollten, muss die Abweichung der theoretischen von den empirischen Werten auf epistatische Effekte zurückzuführen sein.

Nachfolgend soll die Vererbung, der in Kapitel 4.2.1 näher besprochenen Merkmale, Karyopsenertrag, Karyopsen je Pflanze und Pflanzenhöhe, auf der Ebene der einzelnen Kreuzungseltern im Hinblick auf den Einfluss epistatischer Wirkungen betrachtet werden. Die genannten Merkmale wurden aufgrund ihrer unterschiedlichen Heritabilitäten als Beispiele ausgewählt. Die Berechnung der Heritabilitäten ergab für die ausgewählten Merkmale eine unterschiedliche Einstufung, Karyopsenertrag (niedrig, 0,54), Karyopsen je Pflanze (mittel, 0,73) und Pflanzenhöhe (hoch, 0,93).

Für das Merkmal Karyopsenertrag konnte nur in zwei Fällen in der BC_1 eine statistisch nachweisbare Abweichung vom theoretischen Modell nach COX (1984a) und keine Abweichung vom modifizierten Modell nachgewiesen werden (Tab. 15, Abb. 9). Die bessere Anpassung des modifizierten Modells erklärt sich durch die problematische Evaluierung der Wildeltern durch die Spindelbrüchigkeit, die auf das Merkmal Karyopsenertrag einen hohen Einfluss hat. SCHACHT (1998), der ebenfalls empirische Daten aus vergleichbaren Rückkreuzungspopulationen ($BC_0 - BC_2$) mit dem theoretischen Modell nach COX (1984a) verglich, fand für das Merkmal Karyopsenertrag signifikante aber moderate Abweichungen, vor allem in der BC_1 und BC_2 . Er kam zu dem Schluss, dass für das Merkmal Karyopsenertrag eine vorwiegend additive Vererbung mit additiv * additiver Epistasie in Verbindung mit Attraktionskopplung vorliegt. Dies stimmt mit den Ergebnissen von RODGERS (1982) überein. Die lineare Regression der Populationsmittel auf die Rückkreuzungsgenerationen, welche die additive Vererbung beschreibt, erklärte dort rund 98 % der Varianz im Merkmal Karyopsenertrag.

Durch den Einsatz molekularer Marker konnten mittlerweile weitere Erkenntnisse über die Vererbung gewonnen werden. In *H. vulgare* x *H. spontaneum* Rückkreuzungspopulationen zeigte sich, dass epistatische Effekte bei der Vererbung des Merkmals Karyopsenertrag eine bedeutende Rolle spielen (VON KORFF, 2005). Hierbei führten Kombinationen aus Kultur –

und Wildgerstenallelen, für die epistatische Effekte statistisch nachgewiesen werden konnten, sowohl zu Steigerungen als auch zu Reduktionen des Ertragsniveaus.

SCHUTT et al. (1998) untersuchte Kreuzungen aus Kulturgerste F_4 -Linien, die von derselben F_2 -Pflanze abstammen. Er lehnte Ertragsprognosen für die F_4 -Nachkommen ab. Nach SCHUTT et al. (1998) ist ein Grund die Ungenauigkeit der Versuche in Kleinparzellen (3 Reihen, 1,5 m Länge), aber auch die Vorhersage der Nachkommenschaftsleistung anhand der mittleren Elternleistung in größeren Parzellen, kann die Zuverlässigkeit der Vorhersage nicht hinreichend verbessern, da epistatische Effekte und Kopplung zu Abweichungen führen. Obwohl Abweichungen vom theoretischen Modell und somit von der additiven Vererbung nur in zwei Fällen statistisch nachgewiesen werden konnten, zeigten sich für dieses Merkmal schwache Beziehungen bei der Berechnung der Korrelationskoeffizienten zwischen den Rückkreuzungsgenerationen (s. Tab. 17). Sowohl epistatische Effekte, als auch die Problematik der Ertragsprüfung in kleinen Parzellen beeinflussen die Ergebnisse.

Für das Merkmal Karyopsen je Pflanze konnten ebenfalls nur wenige Abweichungen vom theoretischen Modell nachgewiesen werden (Tab. 15, Abb. 10), in der BC_1 zum Modell von COX (1984a) zweimal, in der BC_2 zum modifizierten Modell einmal. SCHACHT (1998) fand für dieses Merkmal signifikante aber moderate Abweichungen, vor allem in der BC_1 und BC_2 . Die Abweichungen führte er auf eine vorwiegend additive Vererbung mit additiv * additiver Epistasie in Verbindung mit Attraktionskopplung zurück. Die Merkmale Ähren je Pflanze und Karyopsen je Ähre, die zusammen die Karyopsen je Pflanze ergeben, zeigen deutlich häufiger Abweichungen von den theoretischen Erwartungen (Tab. 15). Die Ähren je Pflanze zeigten insgesamt 16 signifikante Abweichungen auf der Ebene der Eltern, wovon 11 in der BC_1 Abweichungen vom Modell nach COX (1984a) sind und nur eine Abweichung vom modifizierten Modell nachgewiesen werden kann. Für die Karyopsen je Ähre konnten insgesamt 84 Abweichungen, davon 79 vom Modell nach COX (1984a), die gleichmäßig auf die Rückkreuzungsgenerationen verteilt waren, gefunden werden. Da die empirischen Werte für die Karyopsen je Ähre signifikant unter den theoretischen Erwartungen lagen und für die Ähren je Pflanze signifikant darüber lagen, haben sich hier die gegenläufigen Effekte im Merkmal Karyopsen je Pflanze aufgehoben, so dass es für das Merkmal selbst kaum zu Abweichungen kam. Für die drei genannten Merkmale sind somit wahrscheinlich ebenfalls epistatische Wirkungen zu berücksichtigen.

Das Merkmal Pflanzenhöhe wurde als Beispiel ausgewählt, da es zum einen eine hohe Heritabilität aufweist, zum anderen unabhängig von der Spindelbrüchigkeit ist. Für dieses Merkmal konnten einige Abweichungen der empirischen Werte von den theoretischen Werten

nachgewiesen werden (Tab. 15, Abb. 11). Im Gegensatz zu den zuvor besprochenen Merkmalen, zeigte sich das modifizierte Modell für dieses Merkmal nicht grundsätzlich überlegen. Die empirischen Werte liegen sowohl signifikant ober – als auch unterhalb der theoretischen Erwartungen. In der BC₁ traten die meisten Abweichungen auf. In späteren Generationen nahm die Zahl der Abweichungen ab. Als Ursache für die häufigeren Abweichungen, gerade in frühen Generationen, kommen epistatische Effekte in Frage, die einen größeren Einfluss haben, als beispielsweise für das Merkmal Ertrag. Dieses Ergebnis wird in der Literatur bestätigt. SCHACHT (1998) ging für dieses Merkmal ebenfalls von einer vorwiegend additiven Vererbung mit additiv * additiver Epistasie in Verbindung mit Repulsionskopplung aus. RODGERS (1982) dagegen konnte etwa 70 % der Varianz durch additive Vererbung erklären und erklärte die nicht – additiven Genwirkungen mit additiv * additiv epistatischen Effekten. VON KORFF (2005) fand für das Merkmal Pflanzenhöhe ebenfalls bedeutende epistatische Effekte. Kombinationen aus Kultur – und Wildgerstenallelen, für die epistatische Effekte statistisch nachgewiesen werden konnten, führten, in Abhängigkeit von Allelen auf anderen Loci, sowohl zu Steigerungen als auch zu Reduktionen der Pflanzenhöhe. Auch WANG (2005) vermutete für quantitative Merkmale starke epistatische Effekte zwischen den *H. spontaneum* Allelen und dem genetischen Hintergrund und führte darauf die geringe Reproduzierbarkeit detektierter QTL in verschiedenen Kreuzungspopulationen zurück.

Auffällig war die Entwicklung der Mittelwerte für die Merkmale, die mit der Umsteuerung in die generative Phase zusammenhängen, nämlich die generative und vegetative Wachstumsdauer. Für diese Merkmale bewegten sich die Mittelwerte in allen Rückkreuzungsgenerationen außerhalb der Spannbreite beider Eltern. Der Blühzeitpunkt war deutlich früher als der der Kultureltern und entsprechend sehr viel früher, als bei den spätblühenden Wildformen. Hier zeigten sich erwartungsgemäß zahlreiche Abweichungen vom theoretischen Modell nach COX (1984a). Das modifizierte Modell beschrieb die Entwicklung der Mittelwerte in den einzelnen Generationen erheblich besser, zeigt aber auch Abweichungen (Tab. 15). Abweichungen vom Modell sind als Abweichungen von einer additiven Vererbung aufzufassen. Da die Bedeutung der Dominanz zu vernachlässigen ist, basieren diese Abweichungen auf epistatischen Effekten.

Für den Blühzeitpunkt fanden auch andere Autoren eine gegenüber den Eltern sehr frühe Blüte in den Nachkommenschaften (SCHACHT, 1998, RODGERS, 1982, VETELÄINEN & NISSILÄ, 1997). SCHACHT (1998) führte dies auf bedeutende epistatische Effekte zurück. RODGERS (1982) begründete die negativen epistatischen Wirkungen mit einem Zusammenbruch durch das Aufbrechen coadaptierte Genkomplexe. GALLAGHER et al. (1987) wiesen

auf spezifische Effekte von Majorgenen und auf die Bedeutung verschiedener in ihrer Wirkung maskierter Minorgene hin, die für bestimmte Kreuzungskombinationen zwischen adaptierten und nicht adaptierten Eltern deutliche epistatische Effekte unter Langtagsbedingungen bewirken. VETELÄINEN & NISSILÄ (1997) führten die frühe Blüte auf Stress der Pflanzen durch Langtagsbedingungen, an die das exotische Material nicht angepasst ist, zurück.

Auf der Ebene der einzelnen Kreuzungskombinationen traten ebenfalls zahlreiche Abweichungen vom theoretischen Modell auf (Tab. 16). Die Zahl der Abweichungen nahm von der BC_1 zur BC_4 ab. Das modifizierte Modell zeigte sich auch auf dieser Ebene des Faktoriells überlegen. Dennoch traten auch beim modifizierten Modell zahlreiche statistisch nachweisbare Abweichungen auf, die als Abweichungen von der Additivität interpretiert werden müssen und die Ergebnisse auf der Ebene der Eltern bzw. des gesamten Faktoriells bestätigen.

Neben der Bewertung der theoretischen Erwartungen im Hinblick auf Abweichungen von den empirischen Werten, wurden für die 30 Kreuzungskombinationen Korrelationen zwischen den Rückkreuzungsgenerationen berechnet (Tab. 17). Hierdurch soll die Relevanz einer Vorhersage der Merkmalsausprägung spezifischer Kreuzungskombinationen bereits aufgrund ihrer Leistungsfähigkeit in den frühen Rückkreuzungsgenerationen überprüft werden. Eine enge Beziehung zwischen den Rückkreuzungsgenerationen würde eine frühzeitige Selektion ermöglichen.

In der vorliegenden Untersuchung zeigte sich, dass für die meisten Merkmale in den meisten Rückkreuzungsgenerationen signifikante bis sehr hoch signifikante Beziehungen abgesichert werden konnten. Von den insgesamt 78 berechneten Korrelationskoeffizienten lagen 21 zwischen 0,7 und 1, 45 zwischen 0,35 und 0,69 und nur 12 unter 0,35. Vor allem Merkmale, die bei der Berechnung der Heritabilitäten der Kultureltern als hoch heritabel eingestuft wurden, waren eng korreliert, z.B. die Tausendkornmasse mit sehr hoch signifikanten Korrelationskoeffizienten zwischen 0,79 und 0,9 in allen Generationen. SCHACHT (1998), der Rückkreuzungspopulationen aus *H. vulgare* x *H. spontaneum* in der BC_0 - BC_2 untersuchte, fand für die Beziehung zwischen der BC_1 und BC_2 ähnliche Ergebnisse. Die von ihm berechneten Korrelationskoeffizienten für die $BC_0:BC_1$ und $BC_0:BC_2$ waren selten signifikant und im Allgemeinen niedrig, so dass er nur der BC_1 zur Prognose der BC_2 eine Bedeutung zusprach. Nach den Ergebnissen der Korrelationen ist für viele Merkmale eine straffe Beziehung zwischen den Generationen vorhanden, so dass Prognosen, beispielsweise für die Tausendkornmasse oder die Pflanzenhöhe, anhand früher Generationen aussichtsreich

erscheinen. Das wichtigste agronomische Merkmal, der Karyopsenertrag, ist aber gleichzeitig das Merkmal mit den niedrigsten Korrelationskoeffizienten, die zudem häufig nicht signifikant sind.

Auch für die Varianzen wurden theoretische Erwartungswerte in Anlehnung an COX (1984a) bestimmt. Zunächst wurden Koeffizienten für die genetischen Varianzkomponenten berechnet. Anhand der Koeffizienten für die additiv-genetische Varianz wurden die theoretischen Erwartungen für die einzelnen Rückkreuzungsgenerationen ermittelt. Die additiv-genetische Varianz in der BC₁ wurde gleich 100 und die Erwartungen für die restlichen Rückkreuzungsgenerationen wurden in Relation dazu gesetzt. Wie bei den Mittelwerten gelten somit die theoretischen Erwartungen unter Ausschluss von Kopplung, Dominanz und Epistasie. Analog wurde für die phänotypischen Werte verfahren.

In der vorliegenden Arbeit zeigte sich auf der Ebene des gesamten Faktoriells, dass vor allem die Merkmale Karyopsen je Pflanze und Ähre, Ähren je Pflanze und Karyopsenertrag vom Verlauf der theoretischen Erwartungen abwichen. Hier kam es von der BC₂ zur BC₃ zu einem erheblichen Anstieg der genetischen Varianzen (Abb. 13). Die vegetative und generative Wachstumsdauer zeigte bis zur BC₃ einen ähnlichen Verlauf wie die theoretischen Erwartungen, sank in der BC₄ aber nicht weiter ab. Für die übrigen Merkmale verlief die Abnahme der genetischen Varianzen weitgehend parallel aber niveaushoch zu den theoretischen Erwartungen. Hierbei lagen die Merkmale Höhe, Ernteindex und gesamte Wachstumsdauer unterhalb der theoretischen Erwartungen, Tausendkornmasse und Stroh oberhalb. SCHACHT (1998), der ebenfalls die Entwicklung der Varianzen in vergleichbaren Rückkreuzungspopulationen mit theoretischen Erwartungen verglich, fand in den Generationen BC₀ bis BC₂ häufig einen weitgehend parallelen Verlauf. In seinen Untersuchungen lagen für fast alle Merkmale negative Abweichungen vom Modell vor, die er auf eine Überschätzung der Varianzen in der BC₀ zurückführte. Zudem wies er auf die Auswirkungen von im Verlauf der Rückkreuzungen aufbrechenden Attraktions- und Repulsionskopplungen hin. Das Aufbrechen von Repulsionskopplungen könnte die Abnahme der Varianzen im Verlauf der Rückkreuzungen verlangsamen oder sogar zu einem leichten Anstieg führen (COX, 1984a). In der vorliegenden Arbeit wurden bei den Mittelwerten epistatische Effekte und der Einfluss von Attraktions- bzw. Repulsionskopplung festgestellt. Die Abweichungen der genetischen Varianzen von den entsprechenden theoretischen Erwartungen sind vermutlich ebenfalls in diesen Effekten begründet.

Auf der Ebene der Nachkommenschaften der Kultur- bzw. Wildeltern konnte häufig keine genetische Varianz statistisch nachgewiesen werden. Daher wurde auf dieser Ebene die

phänotypische Varianz für die Merkmale Karyopsenertrag, Karyopsen je Pflanze und Höhe dargestellt (Abb. 14 - Abb. 16). Auf dieser Ebene weisen die Nachkommenschaften der einzelnen Eltern sowohl überproportionale Abnahmen, als auch, ab der BC₂, Zunahmen der phänotypischen Varianz auf. Der Verlauf unterschied sich somit deutlich von der theoretischen Erwartung.

Die phänotypische Varianz berücksichtigt auch die Umwelteinflüsse. Da nur die genetische Varianz durch die Rückkreuzungen beeinflusst wird, ist entsprechend nur für diesen Anteil mit einer Abnahme der Varianzen zu rechnen. Die Abnahme der phänotypischen Varianzen für die genannten Merkmale war erwartungsgemäß deutlich geringer als die Abnahme der theoretischen Erwartungen. Für das Merkmal Pflanzenhöhe konnten auf dieser Ebene genetische Varianzen statistisch nachgewiesen werden (Abb. 17), so dass phäno- und genotypische Varianzen einander gegenübergestellt werden konnten. Die genetischen Varianzen bewegen sich auf einem ähnlichen Niveau, wie die theoretischen Erwartungen. Die Abnahme der Varianzen entspricht insgesamt dem Rückgang der Erwartungen. Für die einzelnen Nachkommenschaften der Kultur- bzw. Wildeltern bestätigten sich aber die Ergebnisse der phänotypischen Varianzen, d.h. es kommt zu abrupten und z.T. überproportionalen Ab- und Zunahmen der Varianzen im Verlauf der Rückkreuzungen. Auch für den Verlauf bei einzelnen Nachkommenschaften ist eine gewisse Übertragbarkeit gegeben (Abb. 16, Abb. 17). Sowohl die genotypischen als auch die phänotypischen Varianzen der Nachkommenschaften der Wildform 1-B-86 beispielsweise sind in der BC₂ hoch, sinken zur BC₃ überproportional ab und steigen zur BC₄ wieder leicht an. Hier ist die Frage zu stellen, ob die phänotypischen Varianzen, deren Berechnung einen geringen Aufwand bedeutet, ausreichende Informationen für die praktische Züchtung zur Verfügung stellen, bzw. ob die Berechnung der genetischen Varianzen einen relevanten Informationsgewinn ergibt.

Um die Beziehungen der geno- und phänotypischen Varianzen zu den theoretischen Erwartungen zu überprüfen, wurde der Spearmansche Korrelationskoeffizient zwischen empirischen und theoretischen Werten getrennt für die Generationen berechnet (Tab. A43). Insgesamt waren die Beziehungen schwach, häufig negativ und selten signifikant. Die Beziehung der genetischen Varianzen zu den theoretischen Werten war nicht wesentlich straffer, als die der phänotypischen Varianzen. Im Mittel lagen die Korrelationskoeffizienten beim Vergleich der genetischen Varianzen mit den Erwartungen bei 0,11, die der phänotypischen bei 0,18.

Wie bei den Mittelwerten wurden die Korrelationskoeffizienten der Beziehungen zwischen den Rückkreuzungsgenerationen für die geno- bzw. phänotypischen Varianzen berechnet, um

die Möglichkeit einer Prognose abzuschätzen (Tab. 18, Tab. 19). Hier waren die Beziehungen ebenfalls schwach, häufig negativ und selten signifikant. Die Beziehungen waren allerdings für die genetischen Varianzen etwas straffer, im Mittel 0,15, als für die phänotypischen Varianzen, im Mittel 0,11.

Auch SCHACHT (1998) fand grundsätzlich marginale Beziehungen zwischen den genetischen Varianzen der geprüften Rückkreuzungsgenerationen. Er führte dies auch auf Schwierigkeiten bei der Berechnung der genetischen Varianzen zurück, es kam teilweise zu negativen Schätzwerten. Ähnliche Probleme traten in der vorliegenden Arbeit auf. Durch die Verwendung der REML-Schätzung waren negative Schätzwerte zwar ausgeschlossen, es konnte aber häufig keinerlei genetische Varianz nachgewiesen werden. Zum Teil beruhen diese Probleme auf Versuchsaufbau und Erntetechnik. Es sollten exemplarisch möglichst viele Eltern/Kreuzungskombinationen/Rückkreuzungsgenerationen geprüft werden, so dass naturgemäß die Anzahl der Linien je Nachkommenschaft gering war (max. 28) und die Evaluierung der Linien anhand von Einzelpflanzen stattfinden musste.

Insgesamt ist der Nachweis von Einflussgrößen auf die Entwicklung von Varianzen problematisch. SCHUTT und BOS (1998), die Kreuzungen aus Kultursorten in einer großzügigen Dimensionierung untersuchten, versuchten Einflüsse der elterlichen Verwandtschaftsbeziehungen, basierend auf Abstammung, morphologischen und agronomischen Daten sowie AFLP Markerdaten, auf die Varianz der Nachkommen festzustellen. Die genannten Deskriptoren elterlicher Verwandtschaftsbeziehungen sind nicht ausreichend präzise, um für die praktische Züchtung eine Vorhersage der Varianzen in den Nachkommenschaften zu ermöglichen. Abgesehen von Ungenauigkeiten der Schätzverfahren hängt dies mit der Vielzahl unterschiedlicher Genwirkungen, die die Varianz beeinflussen, zusammen. Neben Kopplungen ist vor allem die Unkenntnis über die Zahl der beteiligten Gene und die Stärke des Einflusses dieser Gene zu nennen, Aspekte, die bei genetisch weiten Kreuzungen sicherlich von Bedeutung sind. GEIGER & TOMERIUS(1997) sehen die Vorhersage der Abnahme von Varianzen unter Berücksichtigung von Selektion und genetischem Drift als wichtiges künftiges Forschungsgebiet der quantitativen Genetik. Hierbei eröffnen molekulare Marker neue Möglichkeiten, da sie direkte Einblicke in die genetische Struktur und Diversität der Zuchtpopulationen erlauben (GEIGER, 1999). Möglicherweise kann die genetische Basis der Varianzen mit Hilfe von Microarrays, die eine große Anzahl von Genen gleichzeitig zu berücksichtigen, künftig weiter aufgeklärt werden (CHEUNG & SPIELMAN, 2002).

In jedem Fall muss die Prognose von Varianzen in späten anhand früher Rückkreuzungsgenerationen nach den Ergebnissen der vorliegenden Arbeit abgelehnt werden.

Fazit: Der Vergleich der empirischen Mittelwerte mit dem theoretischen Modell nach COX (1984a) ergab bereits auf der Ebene des gesamten Faktoriells signifikante Abweichungen. Das modifizierte Modell, unter Verwendung der BC_1 als Datenbasis, beschreibt die Daten deutlich besser, da die problematische Evaluierung der *H. spontaneum* Linien keinen Einfluss hatte. Zur Erklärung der Abweichungen der empirischen Werte von den Modellen mussten epistatische Effekte und der Einfluss von Attraktions- und Repulsionskopplungen herangezogen werden, die Effekte, die im Modell ausgeschlossen werden.

Durch die Kreuzung exotischen Materials mit den Kultursorten konnte die Variabilität in den Nachkommenschaften erhöht werden. Die Entwicklung der Varianzen wich allerdings, vor allem für die Merkmale Karyopsen je Pflanze und Ähre, Ähren je Pflanze und Karyopsenertrag vom Verlauf der theoretischen Erwartungen ab. Ursachen sind vermutlich epistatische Effekte und der Einfluss von Attraktions- und Repulsionskopplungen. Zudem kam es zu Problemen bei der Berechnung der genetischen Varianzen, so dass zum Teil die Darstellung anhand der phänotypischen Werte vorgenommen werden musste.

Die Berechnung der Korrelationen zwischen den Rückkreuzungsgenerationen ergab für die Mittelwerte häufig straffe und sehr hoch signifikante Beziehungen. Es gab allerdings Unterschiede zwischen den Merkmalen. Als besonders schwach erwiesen sich die Beziehungen für das Merkmal Karyopsenertrag. Für einige Merkmale, meist mit hoher Heritabilität (z.B. Tausendkornmasse), erscheinen Prognosen später anhand früher Rückkreuzungsgenerationen durchaus aussichtsreich. Die Beziehungen der Varianzen zwischen den Rückkreuzungsgenerationen dagegen waren schwach, z.T. negativ und häufig nicht signifikant. Hier müssen Prognosen, sowohl anhand der geno- als auch anhand der phänotypischen Werte, grundsätzlich abgelehnt werden.

Ergibt die Berechnung allgemeiner und spezifische Kombinationseignungen (GCA_{BC1-4} , SCA_{BC1-4}) Hinweise auf ein geeignetes Zuchtschema?

Für den Züchter sind die allgemeine und spezifische Kombinationseignung (GCA bzw. SCA) wichtige Kenngrößen. Mit Hilfe der GCA und SCA kann die relative Vorzüglichkeit einzelner Eltern bzw. Kreuzungskombinationen erfasst und somit die Auswahl der Kreuzungspartner erleichtert werden (BOS & CALIGARI, 1995). Allgemeine Hinweise auf ein geeignetes Zuchtschema erhält der Züchter durch eine Varianzkomponentenschätzung, mit der die relative Bedeutung der allgemeinen bzw. spezifischen Kombinationseignungen bestimmt werden kann.

In der vorliegenden Arbeit wurde ein faktorielles Kreuzungsschema gewählt, das nach MELCHINGER (1984) die Berechnung der allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen und eine Abschätzung ihrer Varianzen ermöglicht.

Die Berechnung der Kombinationseignungen und die Varianzkomponentenschätzungen erfolgten getrennt nach Rückkreuzungsgenerationen, da Kombinationseignungen formal nur für einfache Kreuzungen definiert sind. Dies muss bei der Interpretation der Ergebnisse in den Rückkreuzungsgenerationen berücksichtigt werden. Zur Verdeutlichung wird der Begriff GCA bzw. SCA durch die Begriffe GCA_{BC1-4} und SCA_{BC1-4} ersetzt.

Bei der Auswertung der Varianzkomponentenschätzung zeigte sich, dass die Bedeutung der allgemeinen Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) der Wildeltern in allen Fällen gering war (Tab. 20 - Tab. 23, Tab. A44 - Tab. A46). Die GCA_{BC1-4} der Kultureltern dominierte in den meisten Fällen. Zum Teil übertraf die Bedeutung der SCA_{BC1-4} die der übrigen Kombinationseignungen, vor allem in den frühen Rückkreuzungsgenerationen. Bei einigen Merkmalen nahm die Bedeutung der GCA_{BC1-4} der Kultureltern in späteren Generationen zu, eine allgemeingültige Entwicklung der Kombinationseignungen im Verlauf der Rückkreuzungsgenerationen konnte aber nicht festgestellt werden.

Grundsätzlich wäre bei einer Dominanz der GCA_{BC1-4} der Wildeltern bzw. der Kultureltern der Topcross eines Kulturelterns mit möglichst vielen Wildeltern bzw. umgekehrt empfehlenswert. Eine Bedeutung der Wildeltern GCA_{BC1-4} konnte hier nicht nachgewiesen werden. Die GCA_{BC1-4} der Kultureltern spielte häufig eine große Rolle. Demnach sollte ein Wildelter mit möglichst vielen Kultureltern gekreuzt werden.

Die Bedeutung der allgemeinen Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) der Kultureltern sollte aber nicht überschätzt werden. Durch das hier angewandte Rückkreuzungsschema ist der Anteil der Wildeltern - Allele, gerade auch in späteren Rückkreuzungsgenerationen, gering. Der Einfluss der Kultureltern wird hierdurch sicherlich überschätzt. Die tendenzielle Zunahme der GCA_{BC1-4} der Kultureltern in späteren Rückkreuzungsgenerationen, weist ebenfalls auf einen erhöhten Einfluss der rekurrenten Eltern durch den Aufbau des Kreuzungsschemas hin. Hinzu kommt, dass die Zielsetzung einer Kreuzung mit Wildformen darin liegt, positive Allele in der Wildform zu finden. Die Evaluierung möglichst vieler Wildformen bei gegebenen Ressourcen ist von Bedeutung.

In einigen Fällen, beispielsweise beim Karyopsenertrag (Tab. 21), zeigte sich, dass die SCA_{BC1-4} , gerade in frühen Rückkreuzungsgenerationen, dominierte. Aufgrund des gewählten Versuchsdesigns muss der Einfluss genetischer Drift auf die Varianzen der spezifischen Kombinationseignung SCA_{BC1-4} berücksichtigt werden. Theoretische Annahmen von COX

(1984b) zur Drift in Rückkreuzungspopulationen zeigen, dass etwa zehn Pflanzen in der BC_1 und die anschließende Verdoppelung der BC_gF_1 - Pflanzen mit jeder weiteren Generation ausreichen, um Verluste von Allelen durch Drift zu vernachlässigen, hier kommt es dann zu einer Fixierung von Allelen an bis zu 2 % der Loci (COX, 1984b). In der vorliegenden Arbeit wurden 4 BC_1F_1 , 8 BC_2F_1 und 16 BC_3F_1 Pflanzen je Kreuzungskombination eingesetzt, auch bei dieser Anzahl liegt der Anteil der Loci der vom Drift betroffen ist bei weniger als 15 %. Über das gesamte Faktoriell haben Drifteffekte somit theoretisch geringe Auswirkungen. Auf der Basis einzelner Kreuzungskombinationen, auf denen die spezifischen Kombinationseignungen geschätzt werden, können Drifteffekte allerdings dazu geführt haben, dass in den einzelnen Kreuzungskombinationen unterschiedliche Majorgene derselben Wildform vorhanden sind. Hierdurch käme es zu einer Überschätzung der $SCA_{BC_{1-4}}$. Die geringere Bedeutung der $SCA_{BC_{1-4}}$ in späteren Generationen weist daraufhin, dass die unterschiedlichen Majorgene zum Teil durch Drifteffekte verloren gehen.

Bei einigen Merkmalen konnte ein bedeutender Einfluss beim Faktor Jahr festgestellt werden und auch die Varianzursache „innerhalb Kombination“, also die Variation zwischen den einzelnen Linien, die je Kreuzungskombination und Rückkreuzungsgeneration untersucht wurden, spielte bei vielen Merkmalen die größte Rolle. Auffällig war die relative Abnahme der Bedeutung dieser Varianzkomponente für viele Merkmale (z.B. Höhe oder TKM) von der BC_1 zur BC_4 . Möglicherweise waren auch in einzelnen Linien der Kreuzungskombinationen unterschiedliche Allele der Wildeltern vorhanden, die im Verlauf der Rückkreuzungen bzw. Selbstungen durch Drift verloren gingen.

RODGERS (1982) konnte keine signifikante Variation für die SCA im Merkmal Karyopsenertrag nachweisen. Er hielt die Nutzung von mehr als einem rekurrenten Kulturelter daher bei der Evaluierung von Wildgerstenlinien für unnötig.

Zusammenfassend sollten, wie oben erläutert, die Bedeutung der $GCA_{BC_{1-4}}$ der Kultureltern sowie der $SCA_{BC_{1-4}}$ nicht ausschlaggebend für die Auswahl eines geeigneten Zuchtschemas sein, zumal vorrangig die Eignung der Wildeltern zur Verbesserung quantitativer Merkmale von Interesse ist. Insgesamt ist, wie bereits von SCHACHT (1998) empfohlen, die Verwendung möglichst vieler Wildeltern und somit ein Topcross als Zuchtverfahren zu empfehlen.

Neben der Auswahl eines geeigneten Zuchtverfahrens stellt sich die Frage, ob Eltern bzw. Kreuzungskombinationen, die in frühen Rückkreuzungskombinationen eine hohe allgemeine oder spezifische Kombinationseignung ($GCA_{BC_{1-4}}$, $SCA_{BC_{1-4}}$) haben, diese in späteren Generationen noch aufweisen. Sollte dies zutreffen, wäre eine Prognose für spätere Rück-

kreuzungsgenerationen möglich. Eine Prognose würde eine Selektion geeigneter Kreuzungseltern bzw. Kreuzungskombinationen in frühen Generationen ermöglichen und so dem Züchter einen effizienten Einsatz seiner Ressourcen ermöglichen. In den Abbildungen Abb. 18 und Abb. 19 wurde die GCA_{BC1-4} der Kultureltern für ein Merkmal mit niedriger (Karyopsenertrag) und ein Merkmal mit hoher (Tausendkornmasse) Heritabilität dargestellt. Beim Karyopsenertrag ist die GCA_{BC1-4} der Kultureltern nur in der Hälfte der Fälle in allen Rückkreuzungsgenerationen gleichgerichtet, die Höhe des GCA_{BC1-4} - Effektes ist außerdem sehr unterschiedlich. Vergleichbare Ergebnisse zeigen sich für die meisten untersuchten Merkmale (Tab. A47 - Tab. A48). Die Tausendkornmasse, die eine hohe Heritabilität aufweist, zeigt eine einheitlicheres Bild. Hier ist die GCA_{BC1-4} etwas häufiger in allen Generationen gleichgerichtet und die Höhe der GCA_{BC1-4} - Effekte schwankt deutlich weniger. Um die Zusammenhänge zwischen der GCA_{BC1-4} der Kultureltern in den einzelnen Generationen zu beschreiben, wurden die Rangkorrelationen nach Spearman berechnet (Tab. 24). Bei der allgemeinen Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) der Kultureltern zeigten sich in vielen Fällen hoch signifikante und sehr enge Beziehungen zwischen den einzelnen Rückkreuzungsgenerationen. Erwartungsgemäß sind die Beziehungen im Allgemeinen enger zwischen aufeinanderfolgenden Generationen und in späteren Rückkreuzungsgenerationen. Gerade beim Karyopsenertrag fallen allerdings eher schwache und nicht signifikante Beziehungen auf. Hierbei ist aber auch zu beachten, dass der Karyopsenertrag anhand von Einzelpflanzen erhoben wurde und somit nur eingeschränkte Aussagekraft hat. Nach den Ergebnissen der Korrelationen wäre eine Auswahl des rekurrenten Kultureltern anhand der GCA_{BC1-4} ab der BC_2 für die jeweils nächste Rückkreuzungsgeneration möglich.

Die Varianzkomponentenschätzung zeigte für die allgemeine Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) der Wildeltern nur eine geringe Bedeutung. Bei der Betrachtung der GCA_{BC1-4} - Effekte zeigt sich, dass die Effekte im Vergleich zu den Kultureltern deutlich seltener gleichgerichtet sind (Tab. A49, Tab. A50, Abb. 20, Abb. 21). Bei sechs Merkmalen sind die GCA_{BC1-4} - Effekte sogar nur bei einem Elter gleichgerichtet. Die häufigen Vorzeichenwechsel der allgemeinen Kombinationseignungen (GCA_{BC1-4}) weisen daraufhin, dass die Beziehungen zwischen den einzelnen Rückkreuzungsgenerationen nicht sehr eng sind. Dies bestätigt sich bei der Betrachtung der Korrelationskoeffizienten (Tab. 25). Die Korrelationskoeffizienten sind insgesamt niedrig, in vielen Fällen negativ und es ist nur in wenigen Fällen möglich, sie statistisch abzusichern. Die Auswahl geeigneter Wildeltern anhand ihrer allgemeinen Kombinationseignungen (GCA_{BC1-4}) ist nicht zu empfehlen. Eine Prognose der Wildeltern GCA_{BC1-4} in späteren Generationen aufgrund der GCA_{BC1-4} in früheren, ist anhand der

Ergebnisse nicht zu befürworten. SCHACHT (1998) kommt zu ähnlichen Ergebnissen und empfiehlt die Auswahl der Wildeltern anhand anderer Eigenschaften, wie Resistenzen, vorzunehmen.

Die Berechnung der Korrelationskoeffizienten für die spezifischen Kombinationseignungen der Rückkreuzungsgenerationen (SCA_{BC1-4}) ergab meist schwache und nicht signifikante Beziehungen (Tab. 26). Es zeigen sich zwar durchaus statistisch nachweisbare Beziehungen zwischen verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen. Für die meisten Merkmale, aufgrund der schwachen Korrelationen und der Vorzeichenwechsel für die Korrelationskoeffizienten einzelner Merkmale war es nicht möglich klare Trends zu erkennen (Tab. A51 - Tab. A53). Auch hier könnten Majorgene aus den Wildeltern, die durch genetischen Drift verloren gehen, die Ursache sein.

Fazit: Die generationsweise Schätzung der Varianzkomponenten ergab in vielen Fällen eine Dominanz der allgemeinen Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) der Kultureltern. In den frühen Rückkreuzungsgenerationen dominierte z.T. die spezifische Kombinationseignung (SCA_{BC1-4}). In beiden Fällen kann es aufgrund des Kreuzungsschemas zu einer Überschätzung der Varianzkomponenten gekommen sein, bei der GCA_{BC1-4} der Kultureltern durch den erhöhten Genomanteil, bei der SCA_{BC1-4} durch genetischen Drift. Die allgemeine Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) der Wildeltern hat grundsätzlich keinen starken Einfluss. Da sowohl die Schätzung der SCA_{BC1-4} als auch der GCA_{BC1-4} der Kultureltern als problematisch einzustufen ist und die Eignung von Kultureltern nur von nachrangigem Interesse ist, wird ein Topcross mit vielen Wildeltern empfohlen.

Die GCA_{BC1-4} - und GCA_{BC1-4} - Effekte an sich sind häufig nicht in allen Generationen gleichgerichtet und schwanken in der Stärke ihrer Ausprägung in den Generationen. Korrelationen zwischen den Kombinationseignungen der verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen zeigen mit Ausnahme der Kultureltern GCA_{BC1-4} nur wenige straffe und statistisch nachweisbare Beziehungen. Eine Auswahl der Kultureltern anhand der GCA_{BC1-4} kann ab der BC_2 für die jeweils nächste Generation erfolgen. Eine Auswahl der Wildeltern aufgrund ihrer allgemeinen Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) oder von Kreuzungskombinationen aufgrund ihrer SCA_{BC1-4} , erscheint wenig zuverlässig.

Können moderne Kulturgersten durch Allele aus *H. spontaneum* im Merkmal Karyopsenertrag verbessert werden und wie unterscheiden sich transgressive Linien von den jeweiligen Kultureltern?

Neben der Frage, wie eine optimale Nutzung günstiger Allele in exotischem Material erfolgen kann, sollte in dieser Arbeit überprüft werden, inwieweit die Wildformen zur Verbesserung unserer modernen Hochleistungsarten beitragen können. Hierfür wurde untersucht, ob innerhalb der Nachkommenschaften positiv transgressive Linien für das züchterisch wahrscheinlich am intensivsten bearbeitete Material, dem Karyopsenertrag, gefunden werden können. Als transgressiv galten Linien, deren Karyopsenertrag ein bzw. zwei Standardabweichungen über dem Mittelwert der Kultureltern lagen.

In der vorliegenden Untersuchung konnten transgressive Linien für das Merkmal Karyopsenertrag gefunden werden (Tab. 27). Dies deckt sich mit Ergebnissen von VETELÄINEN et al. (1997), RODGERS (1982) und SCHACHT (1998). Auch nach dem strengeren Selektionskriterium, d.h. zwei Standardabweichungen über dem Kulturelternmittel, konnten in allen dreißig Kreuzungskombinationen transgressive Linien gefunden werden. Entsprechend konnte in den Nachkommenschaften aller Wildformen Transgression nachgewiesen werden. RODGERS (1982) untersuchte Möglichkeiten der Verbesserung von Kulturgerste durch die Introgression genetischen Materials aus *H. spontaneum*. Es zeigte sich, dass alle Wildgerstenlinien positive Allele für den Karyopsenertrag beitragen konnten. Auch bei SCHACHT (1998) konnte durch die Einkreuzung aller untersuchten Wildformen Transgression erzielt werden. In der Untersuchung von RODGERS (1982) stieg der Anteil, der bezüglich des Merkmals Karyopsenertrag transgressiver Linien, mit zunehmender Rückkreuzungsgeneration und erreichte in der BC₄ 9 % (Elternkontrolle: 3,5 %). In der BC₁, in der ein hoher Genomanteil der Wildeltern vorhanden ist, betrug der Anteil transgressiver Linien nur 1,2 %. Bei SCHACHT (1998) stieg der Anteil transgressiver Linien, definiert als Linien, die zwei Standardabweichungen über dem Mittel der Kultureltern lagen, von der BC₀ (1,5 %) zur BC₂ (6,3 %) an (Elternkontrolle: 2,3 %). In der vorliegenden Arbeit nahm der Anteil transgressiver Linien über das gesamte Faktoriell in den späteren Rückkreuzungsgenerationen zu, von 1,59 % in der BC₁ bis 4,33 % in der BC₄ (Elternkontrolle: 4,08 %).

Die Ergebnisse von RODGERS (1982), SCHACHT (1998) und der vorliegenden Untersuchung weisen daraufhin, dass der transgressive Anteil mit zunehmender Rückkreuzungsgeneration steigt. In einer Untersuchung von LAWRENCE (1974, zitiert bei RODGERS, 1982) zeigte sich jedoch, dass die transgressiven Anteile in der Nachkommenschaft einer interspezifischen Haferkreuzung von der BC₀ zur BC₄ auf 8,1 % anstiegen, um in der BC₅ auf

2,6 % zu sinken. REDDY und COMSTOCK (1976) berechneten in einer Simulation für Selektionsmethoden in Rückkreuzungsprogrammen, dass in einzelnen Rückkreuzungslinien maximal fünf Donorallele gemeinsam in die BC₆ überführt werden können. Bei quantitativ vererbten Merkmalen, an deren Ausprägung zahlreiche Merkmale beteiligt sind, ist die Zahl der Rückkreuzungen daher eher gering zu halten. Betrachtet man die Verteilung der transgressiven Anteile in den einzelnen Rückkreuzungsgenerationen (Tab. 27), zeigt sich häufig in der BC₃ ein höherer prozentualer Anteil transgressiver Linien, als in der BC₄. Der Anteil transgressiver Linien sinkt bei den Kreuzungsnachkommen Arena x 42 - 8 von 18,75 % in der BC₃ auf 6,82 % in der BC₄.

Kreuzungskombinationen mit hohen Anteilen transgressiver Linien, sind für den Züchter von Interesse. Eine Prognose der transgressiven Anteile später Generationen anhand der früheren, könnte den Arbeitsaufwand verringern. Um die Beziehungen zwischen den Anteilen transgressiver Linien in den Rückkreuzungsgenerationen zu überprüfen, wurde der Rangkorrelationskoeffizient nach Spearman berechnet (Tab. A54). Die Korrelationskoeffizienten waren nach Selektionskriterium 1 immer kleiner als 0,55, z.T. waren die Beziehungen negativ und konnten in der Regel nicht statistisch abgesichert werden. Die Korrelationskoeffizienten für Selektionskriterium 2 waren ebenfalls z.T. negativ und konnten in der Regel nicht statistisch abgesichert werden. Die Koeffizienten erreichten aber etwas höhere Werte. Die Beziehung zwischen der BC₂ und BC₃ auf der Ebene der Kultur-, der Wildeltern und der Kreuzungskombinationen lagen bei 0,56⁺, 0,70^{n.s.} und 0,44*. Die von SCHACHT (1998) gefundenen, vergleichsweise hohen Koeffizienten zwischen der BC₁ und BC₂, konnten hier nicht bestätigt werden. Die von ihm in Erwägung gezogene Prognose anhand der BC₁, muss aufgrund der Ergebnisse dieser Arbeit abgelehnt werden. Insgesamt sind Prognosen der transgressiven Anteile einzelner Teilpopulationen in späten, aufgrund der Anteile in frühen Rückkreuzungsgenerationen, nicht als zuverlässig einzustufen.

Das agronomische Erscheinungsbild der transgressiven Linien unterscheidet sich von den Kultureltern, neben einem deutlich höheren Karyopsenertrag durch erhöhte Stroherträge, Wachstumsraten zur Ernte Ähren je Pflanze und Karyopsen je Pflanze (Abb. 22). RODGERS (1982) fand bei den transgressiven Linien höhere Stroherträge und Wachstumsraten. SCHACHT (1998) fand für transgressive Linien in der BC₀ – BC₂ ebenfalls Veränderungen gegenüber dem Kulturelter. Hierzu gehörten, wie in dem vorliegenden Versuch, eine höhere Bestockung und eine erhöhte Biomassebildung. Gleichzeitig stellte SCHACHT (1998) für die transgressiven Linien schlechtere Ernteindizes und größere Pflanzenhöhen fest, die er auf unerwünschte Allele aus den Wildformen zurückführte. Durch die späteren Rückkreuzungs-

generationen, die in der vorliegenden Arbeit untersucht wurden, kommt diesen eher unerwünschten Veränderungen eine untergeordnete Rolle zu.

Die Variationskoeffizienten, die als Maß für die Streubreite der Ausprägung der übrigen Merkmale für die Kultursorten und die im Merkmal Karyopsenertrag transgressiven Linien berechnet wurden, weisen daraufhin, dass eine bestimmte Merkmalskombination sich bei den Kreuzungsnachkommen als besonders vorteilhaft für einen hohen Karyopsenertrag erwiesen hat. Die Variationskoeffizienten der Kultursorten, die das Spektrum der Merkmalsausprägung moderner Hochleistungssorten für die untersuchten Merkmale darstellen, waren für die Ertragsstrukturmerkmale, die Wachstumsrate bis zur Ernte und das Merkmal Stroh höher als die der transgressiven Kreuzungsnachkommen. Hohe Karyopsenerträge konnten demnach von Kreuzungsnachkommen realisiert werden, die für die Merkmale eine spezifische Ausprägung aufweisen. Hierzu gehören, wie bereits erwähnt, höhere Stroherträge, Wachstumsraten bis zur Ernte, mehr Ähren je Pflanze und Karyopsen je Pflanze.

Fraglich ist, ob ein „Ideotyp“ mit einer solchen Merkmalsausprägung der Schlüssel zu weiterem Zuchtfortschritt im Merkmal Karyopsenertrag darstellt oder ob die in den Wildformen vorhandenen Allele vor allem über diese Merkmalskombinationen eine Ertragserhöhung ermöglichen.

Fazit: Der Karyopsenertrag ist eines der züchterisch am intensivsten bearbeiteten Merkmale unserer heutigen Kultursorten. In der vorliegenden Untersuchung wurde das Potential von *H. spontaneum* Linien zur Verbesserung dieses Merkmals in Kreuzungen mit *H. vulgare* untersucht. Wie bei SCHACHT (1998) und RODGERS (1982) konnte gezeigt werden, dass alle verwendeten Wildformen für das Merkmal Karyopsenertrag positiv transgressive Linien in den Nachkommenschaften hatten. Auch bei Anwendung des Selektionskriteriums 2, d.h. Linien, die zwei Standardabweichungen größer als die Kultureltern waren, konnten in jeder Rückkreuzungsgeneration transgressive Nachkommen gefunden werden. Der Anteil transgressiver Linien war in den späteren Generationen BC₃ und BC₄ höher, als in den früheren. Eine Selektion sollte anhand der vorliegenden Ergebnisse in diesen Generationen stattfinden. Beziehungen zwischen den Rückkreuzungsgenerationen bezüglich der transgressiven Anteile sind schwach, z.T. negativ und selten statistisch nachweisbar. Eine Prognose der transgressiven Anteile der Nachkommenschaften in späten Generationen anhand der frühen, ist mit erheblichen Unsicherheiten behaftet und kann eingeschränkt nur für die Prognose der BC₄ anhand der BC₃ empfohlen werden.

Das agronomische Erscheinungsbild der transgressiven Linien unterschied sich vor allem durch eine höhere Bestockung und eine verbesserte Wüchsigkeit, d.h. höhere Stroherträge und Wachstumsraten zur Ernte. Die übrigen Merkmale lagen auf Kulturelternniveau. Unerwünschte Allele der Wildformen wurden durch die Rückkreuzungen bei diesen Linien weitgehend eliminiert.

Welche Konsequenzen ergeben sich für die Züchtung zur Verbesserung quantitativer Merkmale in genetisch weiten Kreuzungen?

Die Einschränkung der genetischen Diversität in unseren heutigen Kultursorten führt zunehmend zu der Befürchtung, dass bei unseren Kultursorten Probleme durch eine genetische Verarmung und eine schmale genetische Basis der Sorten auftreten werden (BOTHMER et al., 2003a). Zur langfristigen Sicherung des Züchtungsfortschritts ist eine grundlegende Verbreiterung der genetischen Basis unserer Kulturpflanzen notwendig (SPOOR & SIMMONDS, 2001). Zur Erhöhung der Diversität in Kultursorten sind pflanzengenetische Ressourcen von Interesse. Neben der Erhöhung der genetischen Diversität geben Erfolge bei der Verbesserung qualitativ vererbter Merkmale durch die Introgression von Wildallelen Anlass zu der Erwartung, dass exotisches Material ebenfalls zur Verbesserung quantitativer Merkmale beitragen kann.

Die vorliegende Untersuchung hat, in Übereinstimmung mit anderen Arbeiten (SCHACHT, 1998, RODGERS, 1982, PILLEN, 2001), das Potential von *H. spontaneum* Linien zur Verbesserung des Karyopsenertrags, dem vermutlich am intensivsten züchterisch bearbeiteten Merkmal, in Kreuzungen mit modernen Hochleistungsorten aufgezeigt.

Die Nutzung dieses Potentials stellt die praktische Züchtung vor erhebliche Probleme. Die Ursache hierfür ist neben der häufig unzureichenden Evaluierung und Dokumentation des exotischen Materials in Genbanken vor allem der hohe Arbeitsaufwand bei der Nutzung exotischen Materials. Der Umgang mit Wildformen wird durch genau die Eigenschaften erschwert, die durch die Züchtung in unseren Kultursorten eliminiert wurden, z.B. Spindelbrüchigkeit. Aufgrund des niedrigen agronomischen Leistungsniveaus der Wildformen müssen aufwendige Rückkreuzungsprogramme durchgeführt werden, um die unerwünschten Allele aus den Kreuzungsnachkommenschaften zu entfernen. Geeignete Strategien, die zur Reduzierung des Gesamtaufwands beitragen, sind eine notwendige Voraussetzung für die Integration exotischen Materials in Zuchtprogramme.

Nachfolgend sollen anhand der Ergebnisse der vorliegenden Arbeit die Konsequenzen für die Zuchtmethodik in genetisch weiten Kreuzungen am Beispiel Gerste zusammengefasst

werden. Wesentlich sind hier vor allem Hinweise zur gezielten Auswahl geeigneter Kreuzungseltern, sowie die Bestimmung der geeigneten Rückkreuzungsgenerationen, einerseits zur Auswahl vielversprechender Kreuzungen, die im Zuchtprogramm berücksichtigt werden, andererseits zur konkreten Auswahl verbesserter Linien zur Sortenerstellung.

Zur Beantwortung dieser Fragen wurden in den vorangegangenen Kapiteln verschiedene züchterische Kennzahlen im Hinblick auf ihre Eignung zur Bewertung der Eltern bzw. Nachkommenschaften in genetisch weiten Kreuzungen überprüft. Hierzu gehören die Eigenleistungen der Eltern, die allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen, die Entwicklung der Mittelwerte und Varianzen und theoretische Modelle zu ihrer Beschreibung bzw. Prognose, sowie die positive Transgression im Merkmal Karyopsenertrag.

Die Eigenleistung stellt ein mögliches Kriterium zur Auswahl der Kreuzungseltern dar. In der vorliegenden Arbeit hat sich bestätigt, dass die *H. spontaneum* Linien sich deutlich von den heutigen Kultursorten unterscheiden und in der Regel negative agronomische Eigenschaften haben. Diese Eigenschaften (z.B. Spindelbrüchigkeit) erschweren die Evaluierung der Wildformen erheblich und erhöhen den Arbeitsaufwand. Neben Unterschieden zwischen den Elternsortimenten, konnten auch Unterschiede innerhalb der Sortimente statistisch nachgewiesen werden (Tab. 7 - Tab. 11). Das unterschiedliche Leistungsniveau der Kultursorten und Wildformen zeigte keinen unmittelbaren Einfluss auf die jeweiligen Kreuzungsnachkommenschaften. Die Beziehung der Elterneigenleistung, sowohl zum transgressiven Anteil, als auch zum Mittel der Kreuzungsnachkommen, in den einzelnen Kreuzungskombinationen, war schwach ausgeprägt (Tab. 28). Nur für die Beziehung der Kulturelterneigenleistung zu den Mittelwerten der Nachkommen konnten Korrelationskoeffizienten zwischen $0,36^+$ und $0,53^{**}$ gefunden werden. Die Auswahl der Eltern, vor allem der Wildeltern, anhand der Eigenleistung für quantitative Merkmale muss somit abgelehnt werden.

In der Züchtung erfolgt die Auswahl der Kreuzungseltern auch anhand der allgemeinen und spezifischen Kombinationseignung. Diese Parameter beschreiben die relative Vorzüglichkeit einzelner Eltern bzw. Kombinationen von Kreuzungseltern gegenüber dem Gesamtsortiment. Die GCA_{BC1-4} - und SCA_{BC1-4} - Effekte an sich sind häufig nicht in allen Generationen gleichgerichtet und schwanken in der Stärke ihrer Ausprägung in den Generationen. Korrelationen zwischen den Kombinationseignungen der verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen zeigen, mit Ausnahme der Kultureltern GCA_{BC1-4} , nur wenige straffe und statistisch nachweisbare Beziehungen. GCA und SCA sind formal nur für einfache Kreuzungskombinationen definiert. Sie wurden für die einzelnen Rückkreuzungsgenerationen getrennt berechnet und werden in der vorliegenden Arbeit zur Verdeutlichung als GCA_{BC1-4} bzw. SCA_{BC1-4} bezeichnet. Hierbei

konnte allerdings der steigende Anteil des Kultureltergenoms, etwa 97 % in der BC_4 , in den Kreuzungsnachkommenschaften nicht berücksichtigt werden, der erwartungsgemäß einen entsprechend hohen Einfluss auf die Nachkommen hatte. Eine Auswahl der Kultureltern anhand der GCA_{BC1-4} kann ab der BC_2 für die jeweils nächste Generation erfolgen. Eine Auswahl der Wildeltern aufgrund ihrer allgemeinen Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) oder von Kreuzungskombinationen aufgrund ihrer SCA_{BC1-4} , erscheint wenig zuverlässig und muss abgelehnt werden.

Abgesehen von der Auswahl der einzelnen Kreuzungseltern ist zu klären, wie viele Eltern aus den jeweiligen Sortimenten zu verwenden sind. In der vorliegenden Arbeit wurden je zehn zufällig ausgewählte Kultur- und Wildeltern in einem unvollständigen Faktoriell mit 30 Kreuzungskombinationen untersucht. Dies geschah einerseits, um die Berechnung bestimmter züchterischer Kennzahlen zu ermöglichen, andererseits um die Übertragbarkeit der Ergebnisse zu gewährleisten. Eine Reduktion der Elternzahl würde es ermöglichen, die verbliebenen Kreuzungen in einer großzügigeren Dimensionierung zu prüfen. Hinweise auf die empfehlenswerte Anzahl von Eltern aus dem Sortiment der Kultur- bzw. Wildeltern kann der relativen Bedeutung der Kombinationseignungen entnommen werden.

Neben der Bewertung der Kombinationseignungen an sich, wurde deren relative Bedeutung mit Hilfe von Varianzkomponentenschätzungen überprüft. Die Bedeutung der GCA_{BC1-4} der Kultureltern war meist hoch und stieg erwartungsgemäß in späteren Rückkreuzungsgenerationen mit zunehmendem Anteil des Kultureltergenoms. Die GCA_{BC1-4} der Wildeltern war regelmäßig von untergeordneter Bedeutung. Überraschend war die große Bedeutung der SCA_{BC1-4} , vor allem in frühen Rückkreuzungsgenerationen. Möglicherweise waren hier in einzelnen Linien der Kreuzungskombinationen unterschiedliche Allele der Wildeltern vorhanden, die im Verlauf der Rückkreuzungen bzw. Selbstungen durch Drift verloren gingen.

Der Nachweis einer großen Bedeutung der allgemeinen oder spezifischen Kombinationseignung führt in der Regel dazu, dass der dazugehörige Einflussfaktor verstärkt berücksichtigt wird. Grundsätzlich wäre beispielsweise bei einer Dominanz der GCA der Wildeltern bzw. der Kultureltern der Topcross eines Kulturelterns mit möglichst vielen Wildeltern bzw. umgekehrt, empfehlenswert. Eine Bedeutung der Wildeltern GCA_{BC1-4} konnte hier nicht nachgewiesen werden. Die GCA_{BC1-4} der Kultureltern spielte häufig eine große Rolle. Demnach sollte ein Wildelter mit möglichst vielen Kultureltern gekreuzt werden. Da in diesem Fall die vermehrte Nutzung der Wildformen ein Ziel darstellt, ist diese Vorgehensweise nicht sinnvoll. Dagegen kann aus den Ergebnissen abgeleitet werden, dass für Kreuzungen mit Wildformen

vorrangig Kultureltern mit einer guten Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) ausgewählt werden sollten. Eine Nutzung der SCA Effekte kommt vor allem für Fremdbefruchter mittels Hybridzüchtung in Frage. Zudem sind die Ursachen für die relativ große Bedeutung der spezifischen Kombinationseignung (SCA_{BC1-4}) nicht bekannt. Somit erscheint es nicht sinnvoll die SCA_{BC1-4} bei der Auswahl eines geeigneten Zuchtschemas zu berücksichtigen.

Die Bestimmung der positiv transgressiven Linien für das Merkmal Karyopsenertrag zeigte, dass alle Wildeltern positive Allele für das Merkmal Karyopsenertrag in die Kreuzungsnachkommen eingebracht haben. Die Prüfung einer möglichst großen Zahl von Wildeltern erscheint somit vielversprechend.

Unter Berücksichtigung der in dieser Arbeit gewonnenen Erkenntnisse, ist ein Topcross weniger Kultureltern mit möglichst vielen Wildeltern zu empfehlen. Die Auswahl der Kultureltern kann anhand der allgemeinen Kombinationseignung (GCA_{BC1-4}) durchgeführt werden. Eine gezielte Auswahl der Wildeltern anhand der zuvor besprochenen Kenngrößen erscheint nicht möglich, weder die GCA_{BC1-4} noch die Eigenleistung der Wildeltern bieten Anhaltspunkte. Da aber alle hier untersuchten Wildformen transgressive Nachkommen haben, erscheint es nicht problematisch die Auswahl der Wildeltern anhand anderer Kriterien, z.B. Krankheitsresistenzen, zu treffen.

Eine Verringerung des Aufwands ist nicht nur über die gezielte Elternauswahl möglich, sondern kann ebenfalls über eine Verringerung der Zahl der geprüften Kreuzungen stattfinden. Hierzu ist es notwendig, vielversprechende Kreuzungskombinationen zu einem möglichst frühen Zeitpunkt im Rückkreuzungsprogramm zu erkennen. Eine Auswahl geeigneter Kreuzungen, beispielsweise in der BC_2 , würde einerseits dazu führen, dass in den Folgegenerationen weniger Kreuzungen weitergeführt werden müssten, andererseits würde die aufwendige Erstellung von Selbstungsgenerationen zur Prüfung und die Evaluierung der Nachkommenschaften in der BC_0 und BC_1 entfallen. Entsprechend ist es für den Züchter von Bedeutung, in welcher Generation eine fundierte Auswahl aussichtsreicher Kreuzungskombinationen stattfinden kann. Zu diesem Zweck wurden in der vorliegenden Arbeit die Möglichkeiten einer Prognose später Generationen anhand von früheren geprüft.

Das theoretische Modell nach COX (1984a) beschreibt die Entwicklung von Kreuzungsnachkommenschaften in Rückkreuzungspopulationen unter der Annahme, dass ausschließlich additive Genwirkungen eine bedeutende Rolle spielen. Dominanz und Epistasie werden ausgeschlossen. Um die Möglichkeiten einer Prognose anhand dieses Modells abzuschätzen, wurden die theoretischen Erwartungswerte mit den empirischen Werten verglichen. Da sich die Evaluierung der *H. spontaneum* Linien problematisch gestaltete, wurde zusätzlich ein

modifiziertes Modell mit der BC₁ als Datenbasis, anstelle der Kreuzungseltern, überprüft. Für das theoretische Modell nach COX (1984a) ergab der Vergleich mit den empirischen Werten bereits auf der Ebene des gesamten Faktoriells signifikante Abweichungen. Für das modifizierte Modell traten deutlich weniger statistisch nachweisbare Abweichungen auf, die Ergebnisse weisen aber daraufhin, dass die Annahme, nur additive Effekte seien bei der Vererbung quantitativer Merkmale in weitgehend homozygoten Selbstbefruchterpopulationen relevant, nicht bestätigt werden kann. Wie auch von anderen Autoren geschildert (SCHACHT, 1998, VON KORFF, 2005, RODGERS, 1982), haben epistatische Effekte je nach Merkmal einen mehr oder weniger ausgeprägten Effekt.

Zur Überprüfung der Möglichkeit einer Vorhersage später anhand früher Rückkreuzungsgenerationen, wurden Korrelationen zwischen deren Mittelwerten berechnet (Tab. 17). Es konnten in vielen Fällen straffe Beziehungen statistisch nachgewiesen werden. Hier traten aber deutliche Unterschiede zwischen den Merkmalen auf. Für das hoch heritable Merkmal Tausendkornmasse beispielsweise, traten Korrelationskoeffizienten zwischen 0,79*** und 0,90*** auf. Bei den agronomisch bedeutenden Ertragsstrukturmerkmalen und vor allem dem Karyopsenertrag, waren die Beziehungen, mit Ausnahme der Tausendkornmasse, eher schwächer und teilweise nicht statistisch abzusichern. Die Beziehungen waren in der Regel mit zunehmender Rückkreuzungsgeneration straffer. Für einzelne Merkmale kann eine Prognose ab der BC₂ in Erwägung gezogen werden, für die meisten Ertragsstrukturmerkmale, vor allem für den Karyopsenertrag, ist sie aber abzulehnen.

Neben einer engen Beziehung der Mittelwerte der einzelnen Rückkreuzungsgenerationen wäre der Anteil transgressiver Linien in den Nachkommenschaften ein Auswahlkriterium, sofern Kreuzungskombinationen oder Elternnachkommenschaften, die in frühen Rückkreuzungsgenerationen einen hohen Anteil transgressiver Linien aufweisen, dies in späten Generationen ebenfalls tun. Die Berechnung von Rangkorrelationen ergab für die Beziehung des transgressiven Anteils in den verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen grundsätzlich nur schwache Beziehungen, die selten statistisch abgesichert werden konnten. Die Auswahl vielversprechender Teilpopulationen anhand ihres Anteils transgressiver Linien in frühen Rückkreuzungsgenerationen, ist grundsätzlich abzulehnen.

Da die Evaluierung der Kreuzungsgenerationen zur Auswahl geeigneter Teilpopulationen in frühen Generationen einen zusätzlichen Arbeitsaufwand bedeutet, muss sorgfältig erwogen werden, ob die Präzision der Vorhersage eine hinreichende Reduktion der Population ermöglicht. Da die hier bewerteten Prognoseverfahren gerade im Hinblick auf die agronomisch bedeutenden Ertragsstrukturmerkmale nicht ausreichend erscheinen, ist die Auswahl vielver-

sprechender Kreuzungskombinationen bzw. Elternnachkommenschaften in frühen Generationen abzulehnen.

Ein weiterer Aspekt, der den Gesamtaufwand beeinflusst, ist die geeignete Rückkreuzungsgeneration zur Selektion einzelner Linien. Der Züchter benötigt für eine erfolgreiche Selektion einerseits ein hohes Leistungsniveau, andererseits muss die vorhandene Variabilität ausreichend hoch sein.

Sowohl die Mittelwerte, als auch der Anteil transgressiver Linien, sind Kriterien für die Leistungsfähigkeit. In der vorliegenden Arbeit hat sich, in Übereinstimmung mit anderen Studien (RODGER, 1982, SCHACHT, 1998), erwartungsgemäß gezeigt, dass die Mittelwerte der Teilpopulationen sich im Verlauf der Rückkreuzungsgenerationen zunehmend in Richtung des rekurrenten Elters entwickeln, also zu den agronomisch leistungsfähigeren Kultureltern. Für die meisten Merkmale wurde das Leistungsniveau der Kultursorten in der BC₃ oder BC₄ erreicht (Tab. 14). In den früheren Rückkreuzungsgenerationen zeigen sich häufig unerwünschte Eigenschaften der Wildformen. Auch SCHACHT (1998) weist daraufhin, dass in der BC₀ – BC₂ eine direkte züchterische Nutzung aufgrund ungünstiger Einflüsse der Wildeltern, z.B. größere Wuchshöhen und damit einer verschlechterten Standfestigkeit, unrealistisch erscheinen.

Der Anteil transgressiver Linien für das Merkmal Karyopsenertrag, ist ebenfalls in späteren Rückkreuzungsgenerationen günstiger zu bewerten. Der höchste Anteil transgressiver Linien konnte in der spätesten, in dieser Arbeit untersuchten Rückkreuzungsgeneration, der BC₄ gefunden werden. Dies wird auch durch Ergebnisse von RODGERS (1982) bestätigt, der ebenfalls in der BC₄ den höchsten Anteil transgressiver Linien fand. Ein weiterer Anstieg des transgressiven Anteils in späteren Rückkreuzungsgenerationen erscheint eher unwahrscheinlich, da in der BC₅ weniger als 2 % des Genoms aus den Wildformen stammen. REDDY und COMSTOCK (1976) berechneten in einer Simulation für Selektionsmethoden, dass maximal fünf Donorallele gemeinsam in einzelne Rückkreuzungslinien in der BC₆ überführt werden können, und empfahlen bei der Bearbeitung quantitativer Merkmale, an deren Ausprägung häufig eine größere Anzahl von Allelen beteiligt ist, eher weniger Rückkreuzungsgenerationen durchzuführen.

Ein weiterer Aspekt, der bei der Auswahl einer geeigneten Rückkreuzungsgeneration zur Selektion zu berücksichtigen ist, ist die Variabilität der Population. Die vorliegenden Ergebnisse haben bestätigt, dass die genetisch weiten Kreuzungen zu einer Erhöhung der Variabilität geführt haben. COX (1984a) hat für die Entwicklung der genetischen Varianzen in Rückkreuzungspopulationen ein theoretisches Modell entwickelt. Wie bei den Mittelwerten

wurden in der vorliegenden Arbeit die empirischen Werte zur Verifizierung des Modells eingesetzt. Die Entwicklung der Varianzen wich allerdings, vor allem für die Merkmale Karyopsen je Pflanze und Ähre, Ähren je Pflanze und Karyopsenertrag, vom Verlauf der theoretischen Erwartungen ab. Ursache sind vermutlich epistatische Effekte und der Einfluss von Attraktions- und Repulsionskopplungen. Die Berechnung von Rangkorrelationskoeffizienten zwischen den Rückkreuzungsgenerationen ergab schwache, z.T. negative und häufig nicht signifikante Beziehungen. Prognosen der genetischen Varianz später Rückkreuzungsgenerationen anhand früherer müssen abgelehnt werden. Die erwartete kontinuierliche Abnahme der genetischen Varianzen im Verlauf der Rückkreuzungsgenerationen wurde nicht mit den empirischen Werten bestätigt. Auf der Ebene des gesamten Faktoriells gab es für einige Merkmale einen z.T. ausgeprägten Anstieg der genetischen Varianzen in der BC₂ (Abb. 13), so dass auch in späten Generationen noch eine erhebliche Varianz festgestellt werden konnte.

Insgesamt ist das Leistungsniveau der Rückkreuzungspopulationen in späten Generationen am höchsten, gleichzeitig ist die Variabilität für viele Merkmale höher als erwartet. Nach den vorliegenden Ergebnissen ist eine Selektion in der BC₄ zu empfehlen.

Trotz der Empfehlungen, die aufgrund der Ergebnisse dieser Arbeit ausgesprochen werden konnten, bleibt der Aufwand bei der Nutzung exotischen Materials sehr hoch. Künftig sollten vermehrt Zuchtstrategien geprüft werden, die Methoden der klassischen Züchtung mit markergestützter Selektion kombinieren. Daneben sollte aber reinen Prebreedingstrategien mehr Aufmerksamkeit gewidmet werden. Die Inkorporation exotischen Materials in einem dynamischen Prozess nach den Vorgaben von SIMMONDS (1993), u.a. eine Verbreiterung der genetischen Basis ohne intensive Selektion, während Populationen mit hinreichendem Leistungsniveau als Basismaterial erstellt werden, wie es von (Veteläinen, 1997) beschrieben wurde, könnte zu einer verstärkten Nutzung exotischen Materials führen. Die weitere Erforschung der Vererbung quantitativer Merkmale im Hinblick auf die Ausprägung und Entwicklung von Mittelwerten und Varianzen ist von großer Bedeutung für die moderne Pflanzenzüchtung. Langfristig muss eine Erhöhung der genetischen Diversität zur Sicherung des weiteren Zuchtfortschritts angestrebt werden.

6 Zusammenfassung

Die Bedeutung genetischer Ressourcen nimmt mit der Abnahme der genetischen Diversität unserer heutigen Kulturformen zu. Die Verbreiterung der genetischen Basis kann durch die Verwendung exotischen Materials, zu dem auch Wildformen gehören, erreicht werden. Zudem können Wildformen zur Verbesserung qualitativer und vermutlich auch quantitativer Merkmale beitragen. In der praktischen Züchtung werden Wildformen bisher kaum zur züchterischen Bearbeitung polygen vererbter Merkmale eingesetzt. Ihr niedriges agronomisches Leistungspotential zwingt den Züchter zur Durchführung aufwendiger Rückkreuzungen und erschwert die Evaluierung der Wildformen. Zielsetzung der vorliegenden Arbeit war eine Untersuchung der Vererbung quantitativer Merkmale in genetisch weiten Rückkreuzungsserien, die Anwendung der gewonnen Erkenntnisse zur optimalen Ressourcenallokation, sowie eine Evaluierung des Potentials der Wildformen zur Verbesserung züchterisch intensiv bearbeiteter quantitativer Merkmale wie dem Karyopsenertrag.

Hierzu wurden beispielhaft quantitative Merkmale in Rückkreuzungsserien (BC_1 - BC_4) in dreißig Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Kreuzungsfaktoriells aus *H. vulgare* ssp. *vulgare* x *H. vulgare* ssp. *spontaneum* untersucht. Anhand der in zweijährigen Feldversuchen gewonnen Daten wurden die allgemeine und spezifische Kombinationseignung in den Rückkreuzungsgenerationen (GCA_{BC_1-4} , SCA_{BC_1-4}), die Eigenleistung der Eltern und der Kreuzungsnachkommenschaften im Hinblick auf ihre Eignung zur gezielten Elternauswahl und zur Auswahl eines geeigneten Zuchtschemas überprüft. Die Entwicklung der Mittelwerte und Varianzen im Verlauf der Rückkreuzungsgenerationen wurde mit theoretischen Modellen verglichen, um Empfehlungen zur Möglichkeit einer Prognose der Leistungsfähigkeit einzelner Eltern bzw. Kreuzungskombinationen zu geben. Die Kreuzungsnachkommenschaften wurden auf positive Transgression im Merkmal Karyopsenertrag untersucht.

Die Evaluierung der Elternsortimente ergab erwartungsgemäß deutliche Unterschiede zwischen den Kultur- und Wildgersten. Die Wildgersten hatten ein niedriges agronomisches Leistungspotential und die Erhebung der Daten gestaltete sich aufgrund typischer Wildeigenschaften wie der Spindelbrüchigkeit äußerst problematisch. Die Elterneigenleistungen erwiesen sich als ungeeignet zur gezielten Auswahl vielversprechender Wildeltern.

Die Mittelwerte der Nachkommenschaften in den Rückkreuzungsgenerationen bewegten sich bei den meisten Merkmalen in der Spanne zwischen den beiden Elternsortimenten. Sie entwickelten sich im Allgemeinen von der BC_1 zur BC_4 kontinuierlich in Richtung des Kultureltermittels, wobei die Leistung des rekurrenten Elters zumeist in späteren Rück-

kreuzungsgenerationen erreicht werden konnte. Die Variabilität konnte durch die Kreuzung mit den Wildgersten erhöht werden.

Der Vergleich der empirischen Werte mit dem theoretischen Modell nach COX (1984a) ergab bereits auf der Ebene des gesamten Faktoriells signifikante Abweichungen. Das modifizierte Modell unter Verwendung der BC_1 als Datenbasis, beschrieb die Daten deutlich besser, da die problematische Evaluierung der Wildeltern keinen Einfluss hatte.

Die Entwicklung der Varianzen wich ebenfalls vom Verlauf der theoretischen Erwartungen ab. Die Berechnung der genetischen Varianzen erwies sich als problematisch, so dass zum Teil die Darstellung anhand der phänotypischen Werte vorgenommen werden musste.

Sowohl für die Mittelwerte als auch für die Varianzen mussten zur Erklärung der Abweichungen der empirischen Werte von den Modellen epistatische Effekte herangezogen werden, die Effekte, die im Modell ausgeschlossen werden.

Die Berechnung der Korrelationen zwischen den Rückkreuzungsgenerationen ergab für die Mittelwerte häufig straffe und sehr hoch signifikante Beziehungen. Hierbei zeigten sich Unterschiede zwischen den Merkmalen. Als besonders schwach erwiesen sich die Beziehungen für das Merkmal Karyopsenertrag. Für einige Merkmale, meist mit hoher Heritabilität (z.B. Tausendkornmasse), erscheinen Prognosen später anhand früher Rückkreuzungsgenerationen durchaus aussichtsreich. Die Beziehungen der Varianzen zwischen den Rückkreuzungsgenerationen dagegen waren schwach, z.T. negativ und häufig nicht signifikant. Hier müssen Prognosen, sowohl anhand der geno- als auch anhand der phänotypischen Werte, grundsätzlich abgelehnt werden.

Die Verwendung der GCA_{BC1-4} und SCA_{BC1-4} zur Auswahl geeigneter Eltern ist nur für die Kultureltern ab der BC_2 zu empfehlen. Die Bedeutung der Wildeltern GCA_{BC1-4} war durchgängig gering, die SCA_{BC1-4} war für einige Merkmale in frühen Rückkreuzungsgenerationen relevant. Die Effekte waren in der Regel nicht konsistent über die Rückkreuzungsgenerationen. Korrelationen zwischen den Kombinationseignungen der verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen zeigen mit Ausnahme der Kultureltern (GCA_{BC1-4}) nur wenige straffe und statistisch nachweisbare Beziehungen.

Das Potential von *H. vulgare* ssp. *spontaneum* zur Verbesserung des züchterisch intensiv bearbeiteten Karyopsenertrags in Kreuzungen mit Kulturgerste kann anhand der Ergebnisse dieser Arbeit positiv bewertet werden. Wie bei SCHACHT (1998) und RODGERS (1982) konnte gezeigt werden, dass in den Nachkommenschaften aller verwendeten Wildformen für das Merkmal Karyopsenertrag positiv transgressive Linien, d.h. Linien deren Ertrag zwei Standardabweichungen größer als der der Kultureltern war, gefunden werden konnten. Eine

Selektion vielversprechender Linien sollte in den späteren Generationen BC₃ und BC₄ stattfinden, da hier der Anteil transgressiver Linien am höchsten ist.

Das agronomische Erscheinungsbild der transgressiven Linien unterschied sich vor allem durch eine höhere Bestockung und eine verbesserte Wüchsigkeit, d.h. höhere Stroherträge und Wachstumsraten zur Ernte. Unerwünschte Allele der Wildformen wurden durch die Rückkreuzungen bei diesen Linien weitgehend eliminiert.

Eine gezielte Auswahl geeigneter Eltern bzw. Kreuzungskombinationen anhand der untersuchten züchterischen Kennzahlen kann nicht empfohlen werden. Da aber das Potential der Wildformen zur Verbesserung auch züchterisch intensiv bearbeiteter quantitativer Merkmale und zur Erhöhung der Variabilität nachgewiesen werden konnte, sollten künftig vermehrt Zuchtstrategien geprüft werden, die Methoden der klassischen Züchtung mit markergestützter Selektion kombinieren. Auch reinen Prebreedingstrategien sollte mehr Aufmerksamkeit gewidmet werden, da zur Sicherung des weiteren Zuchtfortschritts langfristig eine Erhöhung der genetischen Diversität notwendig ist.

7 Literaturverzeichnis

- Allard, D.C., 1988:** Genetic changes associated with the evolution of adaptedness in cultivated plants and their wild progenitors. *Journal of Heredity* 79: 225 - 238.
- Anikster Y., J.G. Moseman & I. Wahl, 1975:** Parasite specialisation of *Puccinia hordei* Othl. and sources of resistance in *Hordeum spontaneum* C. Koch. In: Gaul, G. (ed.) Proc 3rd International Barley Genetics Symposium. Verlag Karl Thiemig, München: 468 - 469.
- Anonymus, 1985:** Beschreibende Sortenliste für Getreide, Mais, Ölfrüchte, Leguminosen und Hackfrüchte 1985. Landbuch Verlag Hannover.
- Badr, A., K. Müller, R. Schäfer - Pregl, H. El Rabey, S. Effgen, H.H. Ibrahim, C. Pozzi, W. Rohde & F. Salamini, 2000:** On the origin and domestication history of barley (*Hordeum vulgare*). *Mol. Biol.* Vol. 17 (4): 499 - 510.
- Backes, G., J. Jensen, M. Herz & A. Jahoor, 2001:** Comparison between loci for malt quality traits in two related crosses. In Gallais, A., C. Dillmann & I. Goldringer (Eds.), 2001: Quantitative Genetics and breeding methods: the way ahead. Paris (France), August 30 - 31 - September 1, 2000. Proceedings of the 11th Meeting of the Eucarpia Section Biometrics in Plant Breeding, Inra Editions, France: 288 - 289.
- Baum, B. R., E. Nevo, D. A. Johnson & A. Beiles, 1997:** Genetic diversity in wild barley (*Hordeum spontaneum* C. Koch) in the Near East: a molecular analysis using Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 44: 147 - 157.
- Becker, H. C., 1993:** Pflanzenzüchtung. Eugen Ulmer Verlag, Stuttgart.
- Bekele, E.A., 1983:** Differential rate of regional distribution of barley flavonoid patterns in Ethiopia and a view on the centre of origin of barley. *Hereditas* 98: 269 - 280.
- Bernado, R., 2001:** What If We Knew All the Genes for a Quantitative Trait in Hybrid Crops? *Crop Sci.* 41: 1 - 4.
- Bhatty, R.S., 1993:** Nonmalting uses of barley. In MacGregor, A.W. & R.S. Bhatti (eds.), 1993: Barley Chemistry and Technology. American Association of Cereal Chemists, Unc., St.Paul, USA: 355 - 402.
- Binder, A.S., 2001:** Lokalisation von Genen für die Vererbung des (1 - 3) (1 - 4) - β - D - Glukangehalts bei Gerste. Dissertation, Rheinische - Friedrich - Wilhelms Universität Bonn.
- BML, 1996:** Nutzpflanzen, Vielfalt für die Zukunft. Bericht über die Erhaltung und nachhaltige Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen. Deutscher Bericht zur Vorbereitung der 4. Internationalen Technischen Konferenz der FAO über pflanzengenetische Ressourcen vom 17. - 23. Juni in Leipzig. Herausgeber: Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten (BML) Referat Öffentlichkeitsarbeit, Bonn.
- Bos, I. & P. Caligari, 1995:** Selection Methods in Plant Breeding. Verlag Chapman & Hall, London.

- Bothmer, R., von & N. Jacobsen, 1985:** Origin, taxonomy and related species. In: Rasmusson, D.C., (ed.) Barley. American Society of Agronomists: 19 - 56.
- Bothmer, R., von, R.B. Jørgenson & I. Linde - Laursen, 1986:** In : Yasuda, S. & T. Konishi (eds.): Natural variation Phylogeny and genetic resources in *Hordeum*. Proc. 5th Intern. Barley Genetics Symposium, Okayama, Japan; 23 - 33.
- Bothmer, R., von, N. Jacobsen, C. Baden, R.B. Jørgenson & I. Linde - Laursen, 1995:** An ecogeographical study of the genus *Hordeum*. 2nd edition. Systematic and ecogeographical studies on crop genepools. 7. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.
- Bothmer, R., von, T. Hintum, H. Knüpfer, K. Sato, 2003a:** Diversity in barley (*Hordeum vulgare*). In: Knüpfer, H. & J. Ochsmann: Rudolf Mansfield and Plant Genetic Resources. Schriften zu genetischen Ressourcen 22, Zadi Bonn, 2003: 129 - 136.
- Bothmer, R., von, K. Sato, T. Komatsuda, S. Yasuda & G. Fischbeck, 2003b:** The domestication of cultivated barley. In: Bothmer, R. von, T. van Hintum, H. Knüppfer & K. Sato, 2003 (Eds.): Diversity in Barley (*Hordeum vulgare*). Elsevier science B.V., Amsterdam, Netherlands: 9 - 28.
- Brown, A.H.D., D.F. Garvin, J.J. Burdon, D.C. Abbott & B.J. Read, 1996:** The effect of combining scald resistance genes on disease levels, yield and quality traits in barley. Theor Appl Genet 93: 361 - 366.
- Chen, F. & P.M. Hayes, 1989:** A comparison of *Hordeum bulbosum* - mediated haploid production efficiency in barley using in vitro floret and tiller culture. Theor. Appl - Genet. 78: 701 - 704.
- Cheung, V. G. & R. Spielman, 2002:** The genetics of variation in gene expression. Nature genetics supplement 32: 522-525.
- Cockerham, C. C., 1963:** Estimation of genetic variances. In: Statistical Genetics and Plant Breeding, 53 - 93. NASNRC Publ. 982.
- Collins, J. & F.M. Lappé, 1980:** Vom Mythos des Hungers. S. Fischer Verlag, Frankfurt.
- Comstock, R. E. & H. F. Robinson, 1952:** Estimation of average degree of dominance of genes. In Owen, J. W. (Ed.), 1952: Heterosis. Iowa State College Press, Ames: 494 – 516.
- Cooper, H.D., C. Spillane & T. Hodgkin, 2001:** Broadening the Genetic Base of Crops: an Overview. In Cooper, H.D., C. Spillane & T. Hodgkin, (eds.) 2001: Broadening the Genetic Base of Crop. IPGRI/FAO, CABI Publishing: 1 - 21.
- Corke, H., N. Avivi & D. Atsmon, 1989:** Pre - and post - anthesis accumulation of dry matter and nitrogen in wild barley (*Hordeum spontaneum*) and in barley cultivars (*H. vulgare*) differing in final grain size and protein content. Euphytica 40:127 - 134.
- Cox, D.J. & K.J. Frey, 1984a:** Expectations of means and genetic variances in backcross populations. Theor. Appl. Genet. 68: 35 - 41.

Cox, T. S, 1984b: Genetic variance and drift in selfed and intermated populations derived from backcrossing. *Theor. Appl. Genet.* 68: 183 - 186.

Crosatti C., E. Nevo, A.M. Stanca & L. Cattivelli, 1996: Genetic analysis of the accumulation of COR14 proteins in wild (*Hordeum spontaneum*) and cultivated (*Hordeum vulgare*) barley. *Theor Appl Genet* 93: 975 - 81.

Cyranoski, D., 2003: A recipe for revolution? *Nature* 422: 796 - 798.

Dangl, J.L. & J.D.G. Jones, 2001: Plant pathogens and integrated defence responses to infection. *Nature* 411: 826 - 833.

Dekkers, J. C. M. & F. Hospital, 2002: The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. *Nature reviews, Genetics* 3: 22-32.

Ellis, R.P., B.P. Forster, D. Robinson, L.L. Handley, D.C. Gordon, J.R. Russel & W. Powell, 2000: Wild barley: a source of genes for crop improvement in the 21st century? *Journal of Experimental Botany* Vol. 51, No. 342: 9 - 17.

Engels, J. M. M., 2002: Genebank management: an essential activity to link conservation and plant breeding. *Plant Genetic Resources Newsletter* 129: 17 - 24.

FAO, 1998: The State of the World's Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. Food and Agricultural Organisation of the United Nations, Rome.

FAO, 2003: FAOSTAT Agriculture data. (<http://apps.fao.org/default.jsp>).

Fehr, W.R., 1987: Principles of cultivar development. Vol 1, Theory and Technique. McGraw – Hill, Inc., New York.

Feuerstein, U., A.H.D. Brown & J.J. Burdon, 1990: Linkage of rust resistance genes from wild barley (*Hordeum spontaneum*) with isozyme markers. *Plant Breeding* 104: 318 - 324.

Figliuolo, G. & P.L. Spagnoletti Zeuli, 2000: A nested analysis to detect relationships between genetic markers and germplasm classes of durum wheat. *Plant Genetic Resources Newsletter* 124: 44 - 50.

Fischbeck G, E. Schwarzback , Z. Sobel , I. Wahl, 1976: Mehltaresistenz aus israelischen Populationen der zweizeiligen Wildgerste (*Hordeum spontaneum*). *Z. Pflanzenzüchtung* 76: 163 - 166.

Fischbeck, G., 1985: Gerste (*Hordeum vulgare* L.). In: Hoffmann, W., A. Mudra & W. Plarre (Eds.), 1985: Lehrbuch der Züchtung landwirtschaftlicher Kulturpflanzen. Band 2, Spezieller Teil, Verlag Paul Parey, Berlin und Hamburg.

Fischbeck G. & A. Jahoor, 1991: The transfer of genes for mildew resistance from *Hordeum spontaneum*. In: J.H. Jorgensen (ed.): Integrated control of cereal mildews: virulence patterns and their change. Riso National Laboratory, Denmark: 247 - 55.

- Fischbeck, G., 2002:** Contribution of barley to agriculture: a brief overview. In: Slafer, G.A., J.L. Molina - Cano, R. Savin, J.L. Araus, I. Romagosa (eds.), 2002: Barley Science: Recent advances from molecular biology to agronomy of yield and quality. The Hayworth Press, New York, London, Oxford: 1 - 14.
- Forster, B.P., J.R. Russell, R.P. Ellis, L.L. Handley, D. Robinson, C.A. Hackett, E. Nevo, R. Waugh, D.C. Gordon, R. Keith & W. Powell, 1997:** Locating genotypes and genes for abiotic stress tolerance in barley: A strategy using maps, markers and the wild species. *New Phytol* 137: 141 - 147.
- Forster, B. P., R. P. Ellis, W. T. B. Thomas, A. C. Newton, R. Tuberosa, D. This, R. A. El - Enein, M. H. Bahri & M. Ben Salem, 2000:** The development and application of molecular markers for abiotic stress tolerance in barley. *Journal of Experimental Botany* Vol. 51, No. 342: 19 - 27.
- Franke, W., 1997:** Nutzpflanzenkunde, Nutzbare Gewächse der gemäßigten Breiten, Subtropen und Tropen. 6. überarb. und erw. Aufl., Thieme, Stuttgart, New York.
- Frankel, O.H. & A.H.D. Brown, 1984:** Plant genetic resources today: a critical appraisal. In: J.H.W. Holden & J.T. Williams (eds.), 1984: Crop Genetic Resources: Conservation and Evaluation, George Allen & Unwin Ltd. London: 249 - 257.
- Gallagher, L.W., M. Belhadri & A. Zahour, 1987:** Interrelationships among three major loci controlling heading of spring barley when grown under short daylengths. *Crop Science* 27: 155-160.
- Garvin, D.F., A.H.D Brown & J.J Burdon, 1997:** Inheritance and chromosome locations of scald - resistance genes derived from Iranian and Turkish wild barley. *Theor Appl Genet* 94: 1086 - 1091.
- Geiger, H.H. & A. Tomerius, 1997:** Quantitative genetics and optimum breeding plans. In: Krajewski, P. & Z. Kaczmarek (eds.), 1997: Advances in Biometrical Genetics, Proc. of the 10 th Meeting of the EUCARPIA Section Biometrics in Plant Breeding, Poznań:15-26.
- Geiger, H.H., 1999:** Populationsgenetik und Pflanzenzüchtung – gestern, heute, morgen -. Bericht über die 50. Arbeitstagung 1999 der Vereinigung österreichischer Pflanzenzüchter, BAL Gumpenstein, 23. – 25. November: 89-95.
- Geldermann, H., 1975:** Investigations on inheritance of quantitative characters in animals by gene markers. *Theor. Appl. Genet.* 46:319 - 330.
- Grando S.& S. Ceccarelli 1995:** Seminal root morphology and coleoptile length in wild (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*) and cultivated (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*) barley. *Euphytica* 86: 73 - 80.
- Graner, A., S. Streng, A. Kellermann, A. Schiemann, E. Bauer, R. Waugh, B. Pellio & F. Ordon, 1999:** Molecular mapping and genetic fine - structure of the *rym5* locus encoding resistance to different strains of the barley yellow mosaic virus complex. *Theor. Appl. Genet.* 98: 285 - 290.

Graner, A., A. Bjørnstad, T. Konishi & F. Ordon, 2003: Molecular diversity of the barley genome. In: Bothmer, R. von, T. van Hintum, H. Knüppfer & K. Sato, 2003 (Eds.): Diversity in Barley (*Hordeum vulgare*). Elsevier science B.V., Amsterdam, Netherlands: 121 - 141.

Hadjichristodoulou, H., 1996: Wild barley for breeding in dry areas and for self-regenerating pasture barley. In: Scoles, G. & B. Rossnagel (eds.), Proc. V International Oat Conference & VII International Barley Genetics Symposium: 113 – 115.

Hallauer, A.R & J.B. Miranda, 1981: Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press, Ames.

Harlan, J.R, 1976a: Genetic Resources in wild relatives of crops. Crop Sci. 16: 329 - 333.

Harlan, J.R, 1976b: Barley *Hordeum vulgare* (Gramineae - Triticinae). In: Simmonds, N.W. (ed.) Evolution of crop plants, Longman, London, New York: 93 - 98.

Harlan, J.R. & D. Zohary, 1966: Distribution of wild wheats and barley. Science 153: 1074 - 1080.

Heyland, K. U., 1991: Integrierte Pflanzenproduktion: System und Organisation. Eugen Ulmer Verlag, Stuttgart.

Hillman, G.C., 1975: The plant remains from Abu Hureyra: a preliminary report. Proc Prehistoric Soc. 41: 70 - 73.

Hinkelmann, K., 1966: Unvollständige diallele Kreuzungspläne. Biometrische Zeitschrift 8: 242 – 265.

Hinkelmann, K. & K. Stern, 1960: Kreuzungspläne zur Selektionszüchtung bei Waldbäumen. Silvae Genetica 9: 121 – 133.

Hühn, M., 1998: persönliche Mitteilung. In Schacht, J., 1998: Beiträge zur Nutzung von Wildformen zur Verbesserung quantitativ vererbter Merkmale am Beispiel Gerste. Dissertation, Christian - Albrechts - Universität, Kiel.

Jähne, A., D. Becker, R. Brettschneider, H. Lorz, 1994: Regeneration of transgenic, microspore - derived, fertile barley. Theor. Appl. Genet. 89: 525 - 533.

Jana, S. & E. Nevo, 1991: Variation in response to infection with *Erysiphe graminis hordei* and *Puccinia hordei* in some wild barley populations in a centre of diversity. Euphytica 57: 133 - 140.

Johanssen, W., 1903: Über die Erblichkeit in Populationen und in reinen Linien. Gustav Fischer Verlag, Jena.

Johanssen, W., 1909: Elemente der exakten Erblichkeitslehre. Gustav Fischer Verlag, Jena.

Kascha, K.J. & K.N. Kao, 1970: High frequency haploid production in barley (*Hordeum vulgare* L.) Nature 225: 874 - 876.

- Kearsey, M.J., 2001:** Contribution of quantitative genetics to our understanding of genetic variation. In Gallais, A., C. Dillmann & I. Goldringer (Eds.), 2001: Quantitative Genetics and breeding methods: the way ahead. Paris (France), August 30 - 31 - September 1, 2000. Proceedings of the 11th Meeting of the Eucarpia Section Biometrics in Plant Breeding, Inra Editions, France: 13 - 26.
- Kislev, M.E., D. Nadel, I. Carmi, 1992:** Cereal and Fruit Diet at Ohala II, Sea of Galilee, Israel. Review of Palaeobotany and Palynology 73: 161 - 166.
- Kleinhofs, A., 2000:** The future of barley genetics. In Logue, S. (Ed.), 2000: 8th International Barley Genetics Symposium, Volume I, Adelaide, South Australia: 6-10.
- Knight, J., 2003:** A dying breed. Nature 421: 568 – 570.
- Koprek T., D. McElroy, J. Louwerse, R. Williams - Carrier, P.G. Lemaux, 2000:** An efficient method for dispersing *Ds* elements in the barley genome as a tool for determining gene function. The Plant Journal 24 (2): 253 - 263.
- Kramer, C.Y., 1956:** Extension of Multiple Range Tests to Group Means with Unequal Numbers of Replications, Biometrics, 12: 307 - 310.
- Lawrence, P. K., 1974:** Introgression of exotic germplasm into oat breeding populations. PhD. Dissertation. Iowa State University, Ames Iowa.
- Léon, J., 1991:** Pflanzenzüchterische Bedeutung von Wachstumsrate und Wachstumsdauer bei Getreide. Habilitationsschrift an der Agrarwissenschaftlichen Fakultät der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel.
- Lindhout, P., 2002:** The perspectives of polygenic resistance in breeding for durable disease resistance. Euphytica 124: 217 – 226.
- McGregor, A.W. & G.B.Fincher, 1993:** Carbohydrates of the Barley Grain. In MacGregor, A.W. & R.S. Bhatti (eds.), 1993: Barley Chemistry and Technology. American Association of Cereal Chemists, Unc., St.Paul, USA: 355 - 402.
- Melchinger, A.E., 1984:** Analysis of incomplete factorial mating designs. In Geiger, H.H. & P. Rückenbauer (eds.), 1984: Proc. of the 5th Meeting of the Eucarpia Section Biometrics in Plant Breeding. Vortr. Pflanzenzüchtung 7:131 - 150.
- Melchinger, A.E., 1990:** Use of molecular markers in breeding for oligogenic disease resistance. Plant Breeding 104: 1 - 19.
- Melchinger, A.E., H. Utz & C.C. Schön, 1998:** Quantitative trait locus (QTL) mapping using different testers and independent population samples in maize reveals low power of QTL detection and large bias in estimates of QTL effects. Genetics 149: 383 - 403.
- Mohammed, K.A.H., 2004:** Improving crop varieties of spring barley für drought and heat tolerance with AB - QTL - analysis. Dissertation, Rheinische - Friedrich - Wilhelms Universität Bonn.

- Molina - Cano, J.L., A.Sopena, J.S. Swanston, A.M. Casas, M.A. Moralejo, A. Ubieta, I. Lara, A.M. Perez - Vendrell, I. Romagosa, 1999:** A mutant induced in the malting barley cv Triumph with reduced dormancy and ABA response. *Theor. Appl. Genet.* 98: 347 - 355.
- Moseman, J.G., R.C.F. Macer, L.W. Greeley, 1965:** Genetic studies with cultures of *Erysiphe graminis* f.sp. *hordei* virulent on *Hordeum spontaneum*. *Trans. Brit. Mycol. Soc.* 48:479 – 489.
- Moseman, J.G., E. Nevo, M.A. El – Morshidy, 1990:** Reactions of *Hordeum spontaneum* to infection with two cultures of *Puccinia hordei* from Israel and United States. *Euphytica* 49: 169 - 75.
- Nevo, E., A. Beiles, Y. Gutterman, N. Storch & D. Kaplan, 1984:** Genetic resources of wild cereals in Israel and vicinity: II. Phenotypic variation within and between populations of wild barley, *Hordeum spontaneum*. *Euphytica* 33: 737 - 756.
- Nevo, E., 1992:** Origin, evolution, population genetics and resources for breeding of wild barley, *Hordeum spontaneum*, in the fertile crescent. In: Shewry, P.R. (ed.) *Barley: Genetics, biochemistry, molecular biology and biotechnology*. CAB International: 19 - 43.
- Nevo, E., B. Baum, A. Beiles & D. A. Johnson, 1998:** Ecological correlates of RAPD DNA diversity of wild barley, *Hordeum spontaneum*, in the Fertile Crescent. *Genetic Resources and Crop Evolution* 45: 151 – 159.
- Nevo, E., 1998:** Genetic diversity in wild cereals: regional and local studies and their bearing in conservation ex situ and in situ. *Genetic Resources and Crop evolution* 45: 355 – 370.
- Nilsson-Ehle, H., 1909:** Kreuzungsuntersuchungen an Hafer und Weizen. *Univ.Aarskr NF* 5: 111-122.
- Ordon, F., 1998:** Markergestützte Selektion in der Resistenzzüchtung beim Getreide unter besonderer Berücksichtigung des Pathosystems Gerste (*Hordeum vulgare* L.) – Bymoviren (BaMMV, BaYMV, BaYMV – 2). Habilitationsschrift der Universität Gießen, Shaker - Verlag, Aachen.
- Patel, M., J.S. Johnson , R.I.S. Brettell , J. Jacobsen , G. - P. Xue, 2000:** Transgenic barley expressing a fungal *xylanase* gene in the endosperm of the developing grains. *Mol Breeding* 6: 113 - 24.
- Piepho, H. P., 2002:** Buchstabendarstellung für alle paarweisen multiplen Vergleiche. *Mitt. Ges. Pflanzenbauwiss.* 14: 70-71.
- Pillen, K., R. Heller, P. Boudry, J. Schondelmaier, C. Jung, 1994:** RFLP - Marker für Einjährigkeit und Restorerereigenschaften in Zuckerrüben. *Votr. Pflanzenzüchtung* 28: 105 - 107.
- Pillen, K., M.W. Ganal, S.D. Tanksley, 1996:** Constuction of a high - resolution genetic map and YAC - contigs in the tomato TM - 2a region. *Theor. Appl. Genet.* 93: 228 - 233.
- Pillen, K., A. Zacharias, J. Léon, 1998:** AB - QTL - Analyse: Strategie und erste Ergebnisse für Gerste. *Votr. Pflanzenzüchtung* 43: 23 - 37.

- Pillen, K., A. Binder, B. Kreuzkam, L. Ramsay, R. Waugh, J. Förster & J. León, 2000:** Mapping new EMBL-derived barley microsatellites and their use in differentiating German barley cultivars. *Theor. Appl. Genet.* 101: 652-660.
- Pillen, K., 2001:** Der Einsatz von DNA - Markern in der Genomforschung der Gerste unter besonderer Berücksichtigung der AB - QTL - Analyse. Habilitation, Rheinische - Friedrich - Wilhelms Universität Bonn.
- Pillen, K., A. Zacharias & J. León, 2003:** Advanced backcross QTL analysis in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor Appl Genet* 107: 340 - 352.
- Presterl, T., D. Šimić, G. Seitz & H. H. Geiger, 1997:** Züchterische Integration quantitativ bestimmter Eigenschaften - Quantitativ-genetischer Ansatz. In: Begemann, F. (Hrsg.), 1997: Schriften zu genetischen Ressourcen, Band 8, Züchterische Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen - Ergebnisse und Forschungsbedarf-: 155 - 165.
- Rasmusson, D.C., 2001:** Learning about Barley Breeding. In: Vivar, H.E. & A. McNab (eds.), 2001: Breeding Barley in the New Millenium: Proceedings of an International Symposium. Mexiko, D.F.: CIMMYT: 1 - 6.
- Reddy, B.V.S. & R.E. Comstock, 1976:** Simulation of the backcross breeding method I. Effects of heritability and gene number on fixation of desired alleles. *Crop Science* 16: 825 – 830.
- Rodgers, D.M., 1982:** Improvement of cultivated barley (*Hordeum vulgare*) with germplasm introgressed from *H. spontaneum*. PhD dissertation. Iowa State University, Ames, Iowa, University Microfilm No. 82 - 21223.
- Russelle, M. P., W. W. Wilhelm, R. A. Olson & J. F. Power, 1984:** Growth analysis based on degree days. *Crop Science* 15: 544 – 547.
- Salamini, F., H. Özkan, A. Brandolini, R. Schäfer – Pregl & W. Martin, 2002:** Genetics and geography of wild cereal domestication in the Near East. *Nature Review* 3: 429 - 441.
- SAS Institute Inc, 1999:** The SAS system for Windows, release 8.0, online help. SAS Institute, Cary, N.C.
- SAS Institute Inc, 2003:** The SAS system for Windows, release 9.1, online help. SAS Institute, Cary, N.C.
- Sato, K. & K. Takeda, 1997:** Net blotch resistance in wild species of *Hordeum*. *Euphytica* 95: 179 - 185.
- Schacht, J., 1998:** Beiträge zur Nutzung von Wildformen zur Verbesserung quantitativ vererbter Merkmale am Beispiel Gerste. Dissertation, Christian - Albrechts - Universität, Kiel.
- Schönfeld M, A. Ragni, G. Fischbeck & A. Jahoor, 1996:** RFLP mapping of three new loci for resistance genes to powdery mildew (*Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*) in barley. *Theor Appl Genet* 93: 48 - 56.

- Schutt, J.W., C.J. Douleijn & I. Bos, 1998:** Cross and line prediction in barley using F₃ small – plot yield trials. In: Schutt, J.W., 1998: Prediction of cross performance in barley. Dissertation, Landbouwniversität Wageningen: 21- 43.
- Schutt, J.W. & I. Bos, 1998:** Prediction of progeny variation in barley crosses using parental relationship Measures. I. Measures based on pedigree, morphological, agronomic or AFLP data. In: Schutt, J.W., 1998: Prediction of cross performance in barley. Dissertation, Landbouwniversität Wageningen: 45- 62.
- Simmonds, N.W., 1962:** Variability in crop plants, its use and conservation. *Biological Reviews* 37: 442 - 465.
- Simmonds, N.W., 1993:** Introgression and incorporation. Strategies for the use of crop genetic resources. *Biological Reviews* 68: 539 - 562.
- Spagnoletti Zeuli, P.L. & C.O. Qualset, 1987:** Geographical diversity for quantitative spike characters in a world collection of durum wheat. *Crop Science* 27: 235 - 241.
- Spoor W., N.W. Simmonds, 2001:** Base - broadening: Introgression and Incorporation. In H.D. Cooper, C. Spillane & T. Hodgkin (eds.) Broadening the genetic base of crops. IPGRI/FAO 2001: 71 - 80.
- Tanksley, S.D. & J.C. Nelson, 1996:** Advanced backcross QTL analysis: A method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTL from unadapted germplasm into elite breeding lines. *Theor. App. Genet.* 92: 191 - 203.
- Tingay S., D. McElroy, R. Kalla, S. Fieg, M.B. Wang, S. Thorton, R. Brettell, 1997:** *Agrobacterium tumefaciens* - mediated barley transformation. *Plant Journal* 11: 1369 - 1376.
- Tukey, J.W., 1953:** The Problem of Multiple Comparisons, unpublished manuscript. In: Sas Online Help, SAS Institute, the SAS system for Windows, release 8.00. SAS Institute, Cary, N.C., USA.
- van Hintum, T. J. L., 1994:** Drowning in the genepool managing genetic diversity in genebank collections. Dissertation, Swedish University of Agricultural Sciences, Svalöv.
- van Hintum, T. J. L., 1997:** Concept and application of core collections in genebanks. In: Begemann, F. (Hrsg.), 1997: Schriften zu genetischen Ressourcen, Band 8, Züchterische Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen - Ergebnisse und Forschungsbedarf:-: 139-144.
- van Hintum, T. J. L. & F. Menting, 2000:** Barley genetic resources conservation – now and forever. In: Logue, S. (ed.) (th International Barley Genetics Symposium, Volume I, Adelaide, South Australia,): 13 - 20.
- van Hintum, T. & F. Menting, 2003:** Diversity in ex situ genebank collections of barley. In: von Bothmer R, Hintum T, Knüpfner H, Sato K (eds.) Diversity in barley (*Hordeum vulgare*). Elsevier Science, Amsterdam, the Netherlands: 247 - 258.
- Vavilov, N.I., 1940:** The new systematics of cultivated plants. In: J. Huxley (ed.) The new systematics. Oxford University Press, Oxford: 549 - 566.

- Veteläinen, M., 1994a:** Widening of Genetic Variation in Barley Breeding Programmes. Acta Agric. Scand., Sect B, Soil and Plant Sci. 44, Denmark: 139 – 135.
- Veteläinen, M., 1994b:** Exotic barley germplasm: variation and effects on agronomic traits in complex crosses. Euphytica 79: 127 - 136.
- Veteläinen, M., E. Nissilä, P.M.A. Tigerstedt & R. Bothmer, 1996:** Utilization of exotic germplasm in Nordic barley breeding and its consequences for adaption. Euphytica 92: 267 - 273.
- Veteläinen, M., 1997:** Dynamic Genepools of Barley. Utilisation of exotic germplasm in Nordic plantbreeding. Dissertation, Swedish University of Agricultural Sciences, Alnarp.
- Veteläinen, M., N. Suominen & E. Nissilä, 1997:** Agronomic performance of crosses between Nordic and exotic barleys. Euphytica 93: 293 - 248.
- Veteläinen, M. & E. Nissilä, 1997:** Exotic germplasm and recombination as tools for widening genetic variation in Nordic barley breeding. In: Veteläinen, M., 1997: Dynamic Genepools of Barley. Utilisation of exotic germplasm in Nordic plantbreeding. Dissertation, Swedish University of Agricultural Sciences, Alnarp: 1-11.
- von Korff, M., 2005:** Detektion of QTL for agronomic traits and disease resistance in two advanced backcross populations derived from a wild barley accession (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*). Dissertation, Rheinische - Friedrich - Wilhelms Universität Bonn.
- Walther, U., D. Kophanke, A. Habekuß, G. Proeseler, E. Schliephake, E. Griesbach & K. Richter, 1997:** Evaluierung und Nutzung genetischer Ressourcen zur Sicherung einer hohen Biodiversität bei landwirtschaftlichen Kulturpflanzen. Schriftenreihe des BML "Angewandte Wissenschaft", Heft 465 "Biologische Vielfalt in Ökosystemen": 29 - 41.
- Wan Y.C., P.G. Lemaux, 1994:** Generations of large numbers of independently transformed fertile barley plants. Plant Physiol 104: 37 - 48.
- Wang, H. 2005:** AB-QTL analysis for two populations of winter barley sharing the donor of *Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*. Dissertation, Rheinische - Friedrich - Wilhelms Universität Bonn.
- Wehling, P., 1997:** Nutzbarmachung biochemischer und molekularer Markermethoden für die praktische Züchtung. In: Begemann, F. (Hrsg.), 1997: Schriften zu genetischen Ressourcen, Band 8, Züchterische Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen - Ergebnisse und Forschungsbedarf: 81-91.
- Wehling, P., 2002:** Erschließung genetischer Ressourcen mit aktuellen Methoden der Züchtungsforschung zur Erhaltung der biologischen Vielfalt in landwirtschaftlichen Kulturarten. Schriftenreihe des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Landwirtschaft und Ernährung, Heft 494 „Biologische Vielfalt mit der Land - und Forstwirtschaft“: 43 –50.
- Weigel D., J.H. Ahn, M.A. Blázquez, J. Borevitz, S.K. Christensen, C. Fankhauser, C. Ferrándiz, I. Kardailsky, E.J. Malancharuvil, M.M. Neff, J.T. Nguyen, S. Sato, Z. Wang, Y. Xia, R.A. Dixon, M.J. Harrison, C.J. Lamb, M.F Yanofsky & J. Chory, 2000:** Activation tagging in *Arabidopsis*. Plant Physiol. 122: 1003 - 1014.

Wisman E., U. Hartmann, M. Sagasser, E. Baumann, K. Palme, K. Halbrock, H. Saedler & B. Weisshaar, 1998: Knock - out mutants from an *En - 1* mutagenized *Arabidopsis thaliana* population generate phenylpropanoid biosynthesis phenotypes. Proc. Nat. Acad. Sci. USA 95: 12432 - 12437.

Wricke, G., 1972: Populationsgenetik. Verlag Walter de Gruyter, Berlin, New York.

Wricke, G. & W.E. Weber, 1986: Quantitative genetics and selection in plant breeding. Verlag Walter de Gruyter, Berlin, New York.

Yau, S.K., 1997: Efficiency of alpha-lattice designs in international variety yield trials of barley and wheat. Journal of Agricultural Science, Cambridge, 128, 5-9.

Zacharias, A.K., 2001: AB - QTL - Analyse zur Introgression von Wildformallelen in Gerste. Dissertation, Rheinische - Friedrich - Wilhelms Universität Bonn.

Zadoks, J. C., T. T. Chang & C. F. Konzak, 1974: A decimal code for growth stages of cereals. Weed Research 14: 415 – 421.

Zeller, F. J, 1998: Nutzung des genetischen Potentials der *Hordeum* - Wildarten zur Verbesserung der Kulturgerste (*Hordeum vulgare L.*). J. Appl. Botany - Angewandte Botanik 72: 162 – 167.

Zhang J., V.K. Tiwari, T.J. Golds, N.W. Blackhall, E.C. Cocking, B.J. Mulligan, J.B. Power & M.R. Davey, 1995: Parameters influencing transient and stable transformation of barley (*Hordeum vulgare L.*) protoplasts. Plant Cell, Tissue and Organ Culture 41: 125 - 38.

Zohary, D. & M. Hopf, 1988: Domestication of plants in the old world. The origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe and the Nile valley. Clarendon Press, Oxford, UK.

8 Anhang

Tab. A1: Prüfumfang (Anzahl geprüfter Linien) innerhalb verschiedener Rückkreuzungs-generationen für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell in den Versuchsjahren 1999 und 2000.

Kreuzungskombinationen / Kultur - und Wildeltern <i>inter se</i>	Anzahl geprüfter Linien							
	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	1999	2000	1999	2000	1999	2000	1999	2000
Apex * 101-23	26	25	25	24	9	16	28	28
Apex * 1-B-30	27	27	28	28	6	14	27	27
Apex * 41936	27	27	28	28	25	25	28	28
Arena * 42-8	24	24	28	26	17	20	24	24
Arena * 41923	25	24	28	28	24	23	20	19
Arena * 41925	25	26	28	28	19	20	23	23
Aura * 1-B-30	26	24	26	25	26	25	21	18
Aura * 2-B-20	27	26	27	27	28	28	28	28
Aura * 41929	26	26	22	21	28	28	20	19
Beate * 1-B-86	25	24	27	27	16	17	25	25
Beate * 2-B-20	29	25	14	14	27	28	28	28
Beate * 41929	25	23	22	22	24	21	28	28
Berolina * 42-6	27	27	27	27	28	28	17	15
Berolina * 41923	26	26	19	19	21	21	17	17
Berolina * 41925	28	28	25	24	19	20	28	28
Dorett * 101-23	20	20	10	10	28	28	28	28
Dorett * 1-B-30	25	20	28	27	15	20	28	28
Dorett * 2-B-20	27	27	24	23	16	20	19	19
Golf * 1-B-86	25	23	26	25	28	27	28	28
Golf * 42-8	26	26	29	29	25	25	28	28
Golf * 41923	28	28	16	16	27	27	28	28
Harry * 101-23	26	26	24	23	4	19	24	24
Harry * 42-6	26	26	28	28	18	20	22	21
Harry * 41936	26	25	22	21	24	26	24	24
Klaxon * 1-B-86	27	26	22	22	15	20	28	28
Klaxon * 42-8	24	24	22	22	9	16	28	28
Klaxon * 41929	28	25	28	28	24	24	28	28
Lerche * 42-6	27	27	26	25	10	12	26	26
Lerche * 41925	27	27	28	27	28	28	28	28
Lerche * 41936	21	21	28	28	28	26	26	26
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	80	79	81	80	40	55	83	83
Arena * (42-8, 41923, 41925)	74	74	84	82	60	63	67	66
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	79	76	75	73	82	81	69	65
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	79	72	63	63	67	66	81	81
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	81	81	71	70	68	69	62	60
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	72	67	62	60	59	68	75	75
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	79	77	71	70	80	79	84	84
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	78	77	74	72	46	65	70	69
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	79	75	72	72	48	60	84	84
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	75	75	82	80	66	66	80	80
101-23 * Apex, Dorett, Harry	72	71	59	57	41	63	80	80
1-B-30 * Apex, Aura, Dorett	78	71	82	80	47	59	76	73
1-B-86 * Beate, Golf, Klaxon	77	73	75	74	59	64	81	81
2-B-20 * Aura, Beate, Dorett	83	78	65	64	71	76	75	75
42-6 * Berolina, Harry, Lerche	80	80	81	80	56	60	65	62
42-8 * Arena, Golf, Klaxon	74	74	79	77	51	61	80	80
41923 * Arena, Berolina, Golf	79	78	63	63	72	71	65	64
41925 * Arena, Berolina, Lerche	80	81	81	79	66	68	79	79
41929 * Aura, Beate, Klaxon	79	74	72	71	76	73	76	75
41936 * Apex, Harry, Lerche	74	73	78	77	77	77	78	78
gesamtes Faktoriell Ø	776	753	735	722	616	672	755	747

Tab. A2: Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal **Höhe** (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).

Höhe Varianzursache	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ
zwischen Genotypgruppen	2	27560	2	27846	2	29050	2	31332
Jahr	1	28053 +	1	24787	1	24351	1	23200
Block (Jahr)	4	326 **	4	528 ***	4	443 ***	4	556 ***
Kultursorten	9	3065 ***	9	3066 ***	9	3063 ***	9	3064 ***
Wildformen	8	4708	8	4669	8	4668	8	4625
Kultureltern	9	3014 **	9	4441 ***	9	2791 ***	9	2698 ***
Wildeltern	9	551	9	759	9	244	9	131
Kreuzungskombinationen	11	787 ***	11	636 ***	11	294 **	11	80
Jahr * zwischen Genotypgruppen	2	810	2	557	2	589	2	374
Jahr * Kultursorten	9	221 ***	9	220 ***	9	221 ***	9	220 ***
Jahr * Wildformen	4	2241 ***	4	2226 ***	4	2220 ***	4	2219 ***
Jahr * Kultureltern	9	136	9	118	9	131 +	9	274 ***
Jahr * Wildeltern	9	91	9	145	9	35	9	65
Jahr * Kreuzungskombinationen	11	92	11	67	11	59	11	38
Rest innerhalb Wildformen	242	66 ***	242	67 ***	242	67 ***	242	66 ***
Rest innerhalb	1407	127 ***	1371	73 ***	1212	48 ***	1431	33 ***
Kreuzungskombinationen								
Residuen	1405	18	1405	18	1405	18	1405	18

Tab. A3: Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal **Grannenlänge** (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).

Grannenlänge Varianzursache	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ
zwischen Genotypgruppen	2	320,7	2	200,5 ***	2	184,2 **	2	168,7 **
Jahr	1	397,1 +	1	475,1 +	1	413,7 +	1	579,1 +
Block (Jahr)	4	82,2 ***	4	87,1 ***	4	83,5 ***	4	101,2 ***
Kultursorten	9	62,1 *	9	62,3 *	9	62,2 *	9	62,3 *
Wildformen	8	15,4	8	15,9	8	15,6	8	16,1
Kultureltern	9	30,9	9	42,1 **	9	38,3	9	50,9 **
Wildeltern	9	21,8	9	12,3	9	5,0	9	4,7
Kreuzungskombinationen	11	10,3	11	2,2	11	4,3	11	5,0
Jahr * zwischen Genotypgruppen	2	2,8	2	4,0	2	3,0	2	10,4
Jahr * Kultursorten	9	12,5 ***	9	12,4 ***	9	12,5 ***	9	12,4 ***
Jahr * Wildformen	4	7,7 +	4	7,6 +	4	7,8 +	4	7,8 +
Jahr * Kultureltern	9	5,4	9	5,6	9	3,8	9	3,7
Jahr * Wildeltern	9	3,3	9	4,6	9	3,8	9	4,3
Jahr * Kreuzungskombinationen	11	6,0 +	11	2,7	11	9,0 ***	11	2,3
Rest innerhalb Wildformen	242	3,4 ***	242	3,4 ***	242	3,4 ***	242	3,4 ***
Rest innerhalb	1407	3,8 ***	1371	3,4 ***	1212	2,5	1431	2,4
Kreuzungskombinationen								
Residuen	1405	2,4	1405	2,4	1405	2,4	1405	2,4

Tab. A4: Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal **Stroh** (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).

Stroh Varianzursache	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ
zwischen Genotypgruppen	2	969,28	2	968,55	2	968,37	2	983,93
Jahr	1	2,24	1	3,40	1	1,19	1	2,50
Block (Jahr)	4	81,23 ***	4	48,36 ***	4	79,71 ***	4	51,32 ***
Kultursorten	9	13,54	9	13,58	9	13,62	9	13,67
Wildformen	9	90,17 *	9	91,57 *	9	90,90 *	9	90,70 *
Kultureltern	9	21,75	9	49,32	9	21,30	9	17,30
Wildeltern	9	6,50	9	4,97	9	3,39	9	7,01
Kreuzungskombinationen	11	9,92	11	19,63 *	11	6,78	11	3,80
Jahr * zwischen Genotypgruppen	2	1,91	2	0,56	2	0,96	2	2,18
Jahr * Kultursorten	9	6,87 **	9	6,86 **	9	6,81 **	9	6,81 **
Jahr * Wildformen	7	18,15 +	7	18,26 +	7	17,89 +	7	18,29 +
Jahr * Kultureltern	9	13,54	9	18,21 *	9	8,84	9	14,57 *
Jahr * Wildeltern	9	10,39	9	8,79	9	6,62	9	5,88
Jahr * Kreuzungskombinationen	11	4,93	11	4,90	11	7,46 *	11	5,21 +
Rest innerhalb Wildformen	313	9,08 ***	313	9,00 ***	313	9,00 ***	313	9,01 ***
Rest innerhalb	1387	4,54 ***	1345	4,06 ***	1172	3,55 ***	1393	3,28 ***
Kreuzungskombinationen								
Residuen	1398	2,62	1398	2,62	1398	2,62	1398	2,62

Tab. A5: Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal **Karyopsenertrag** (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).

Karyopsenertrag Varianzursache	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ
zwischen Genotypgruppen	2	1706,6 ***	2	1673,1 ***	2	1751,7 *	2	1852,2 **
Jahr	1	83,3	1	41,5	1	33,6	1	31,2
Block (Jahr)	4	78,7 ***	4	63,8 ***	4	80,8 ***	4	68,4 ***
Kultursorten	9	15,7	9	15,8	9	15,7	9	15,8
Wildformen	9	105,7 ***	9	104,1 ***	9	103,4 ***	9	103,6 ***
Kultureltern	9	20,8	9	28,3	9	15,9	9	8,1
Wildeltern	9	6,9	9	13,0	9	5,1	9	7,8
Kreuzungskombinationen	11	10,1 *	11	6,5 +	11	3,6	11	7,2
Jahr * zwischen Genotypgruppen	2	7,0	2	2,4	2	1,9	2	2,1
Jahr * Kultursorten	9	7,2 **	9	7,3 **	9	7,2 **	9	7,3 **
Jahr * Wildformen	7	3,4 *	7	3,4 *	7	3,4 **	7	3,4 *
Jahr * Kultureltern	9	8,1 *	9	9,1 *	9	7,9	9	9,6 +
Jahr * Wildeltern	9	2,7	9	4,7	9	4,8	9	5,7
Jahr * Kreuzungskombinationen	11	3,1	11	2,5	11	4,6 +	11	3,6
Rest innerhalb Wildformen	313	1,3	313	1,3	313	1,3	313	1,3
Rest innerhalb	1389	2,9	1344	2,7	1174	2,9	1396	2,9
Kreuzungskombinationen								
Residuen	1397	2,8	1397	2,8	1397	2,8	1397	2,8

Tab. A6: Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal **TKM** (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).

TKM Varianzursache	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ
zwischen Genotypgruppen	2	27613	2	28511	2	28401	2	28867
Jahr	1	1857	1	2531	1	2646	1	2542
Block (Jahr)	4	212 ***	4	119 **	4	167 ***	4	140 ***
Kultursorten	9	1533 ***	9	1533 ***	9	1533 ***	9	1532 ***
Wildformen	9	3442 ***	9	3470 ***	9	3486 ***	9	3481 ***
Kultureltern	9	1379 ***	9	1544 ***	9	1207 ***	9	1960 ***
Wildeltern	9	240 *	9	37	9	70	9	41
Kreuzungskombinationen	11	62 ***	11	158 *	11	51 **	11	54 **
Jahr * zwischen Genotypgruppen	2	94	2	16	2	13	2	23
Jahr * Kultursorten	9	135 ***	9	135 ***	9	135 ***	9	135 ***
Jahr * Wildformen	7	240 ***	7	240 ***	7	240 ***	7	240 ***
Jahr * Kultureltern	9	76 ***	9	117 *	9	107 ***	9	105 ***
Jahr * Wildeltern	9	19 *	9	22	9	25	9	10
Jahr * Kreuzungskombinationen	11	6	11	41	11	11	11	10
Rest innerhalb Wildformen	313	35 ***	313	35 ***	313	35 ***	313	35 ***
Rest innerhalb	1387	31 ***	1344	27 ***	1170	21 ***	1394	19 ***
Kreuzungskombinationen								
Residuen	1397	15	1397	15	1397	15	1397	15

Tab. A7: Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal **Ähren je Pflanze** (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).

Ähren je Pflanze Varianzursache	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ
zwischen Genotypgruppen	2	186,5	2	187,6	2	183,1	2	185,6
Jahr	1	27,7	1	1,8	1	0,5	1	0,0
Block (Jahr)	4	107,7 ***	4	85,4 ***	4	85,3 ***	4	106,3 ***
Kultursorten	9	23,7 ***	9	23,7 ***	9	23,7 ***	9	23,7 ***
Wildformen	9	91,8 **	9	89,7 **	9	89,0 **	9	88,6 *
Kultureltern	9	11,1	9	31,9 *	9	28,4	9	33,8 *
Wildeltern	9	11,8	9	9,2	9	3,3	9	10,2
Kreuzungskombinationen	11	11,8	11	6,3	11	3,9	11	4,9
Jahr * zwischen Genotypgruppen	2	9,7	2	5,0	2	5,8	2	8,1
Jahr * Kultursorten	9	2,0	9	2,0	9	2,0	9	2,0
Jahr * Wildformen	6	11,4 ***	6	11,3 ***	6	11,2 ***	6	11,6 ***
Jahr * Kultureltern	9	9,2	9	7,7	9	4,0	9	6,0
Jahr * Wildeltern	9	3,6	9	5,5	9	5,3	9	4,4
Jahr * Kreuzungskombinationen	11	6,9 *	11	3,8	11	7,1 **	11	4,5 +
Rest innerhalb Wildformen	292	2,7	292	2,7	292	2,7	292	2,7
Rest innerhalb	1357	3,2 ***	1310	3,1 ***	1157	3,1 ***	1378	2,8 +
Kreuzungskombinationen								
Residuen	1375	2,6	1375	2,6	1375	2,6	1375	2,6

Tab. A8: Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal **Ernteindex** (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).

Ernteindex Varianzursache	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ
zwischen Genotypgruppen	2	12,612	2	12,507	2	12,723	2	13,300
Jahr	1	0,192	1	0,170	1	0,052	1	0,042
Block (Jahr)	4	0,090 ***	4	0,101 ***	4	0,074 ***	4	0,068 ***
Kultursorten	9	0,032	9	0,032	9	0,032	9	0,032
Wildformen	9	0,897 ***	9	0,894 ***	9	0,888 ***	9	0,887 ***
Kultureltern	9	0,043	9	0,072	9	0,030	9	0,026
Wildeltern	9	0,024	9	0,032	9	0,004	9	0,004
Kreuzungskombinationen	11	0,064 ***	11	0,034 ***	11	0,009 *	11	0,002
Jahr * zwischen Genotypgruppen	2	0,009	2	0,007	2	0,004	2	0,008
Jahr * Kultursorten	9	0,021 ***	9	0,021 ***	9	0,021 ***	9	0,021 ***
Jahr * Wildformen	7	0,020 ***	7	0,020 ***	7	0,020 ***	7	0,020 ***
Jahr * Kultureltern	9	0,013 +	9	0,008	9	0,011 *	9	0,011 *
Jahr * Wildeltern	9	0,008	9	0,005	9	0,005	9	0,006
Jahr * Kreuzungskombinationen	11	0,005	11	0,004	11	0,002	11	0,003
Rest innerhalb Wildformen	312	0,003 ***	312	0,003 ***	312	0,003 ***	312	0,003 ***
Rest innerhalb	1387	0,007 ***	1344	0,004 ***	1171	0,003 ***	1393	0,003 ***
Kreuzungskombinationen								
Residuen	1396	0,002	1396	0,002	1396	0,002	1396	0,002

Tab. A9: Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal **Karyopsen je Pflanze** (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).

Karyopsen je Pflanze Varianzursache	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ
zwischen Genotypgruppen	2	758288	2	732725	2	769647 *	2	817716 **
Jahr	1	3842	1	764	1	2483	1	2888
Block (Jahr)	4	41442 ***	4	34263 ***	4	43140 ***	4	42562 ***
Kultursorten	9	8949 *	9	8957 *	9	8946 *	9	8965 *
Wildformen	9	47443 ***	9	46369 ***	9	45868 ***	9	45972 ***
Kultureltern	9	6683	9	9874	9	9110	9	7443
Wildeltern	9	3588	9	6337	9	1187	9	3014
Kreuzungskombinationen	11	4554 +	11	2332 *	11	1566	11	2562
Jahr * zwischen Genotypgruppen	2	6815	2	547	2	13	2	61
Jahr * Kultursorten	9	2419 +	9	2427 +	9	2422 +	9	2455 +
Jahr * Wildformen	7	1343 +	7	1331 +	7	1345 +	7	1359 +
Jahr * Kultureltern	9	3111	9	2654 +	9	2546	9	2433
Jahr * Wildeltern	9	1421	9	1992 +	9	2920	9	3249
Jahr * Kreuzungskombinationen	11	1671	11	781	11	2185	11	1646
Rest innerhalb Wildformen	313	687	313	687	313	691	313	699
Rest innerhalb	1387	1313	1344	1281	1170	1411	1394	1431 +
Kreuzungskombinationen								
Residuen	1397	1320	1397	1320	1397	1320	1397	1320

Tab. A10: Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal **Karyopsen je Ähre** (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).

Karyopsen je Ähre Varianzursache	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ
zwischen Genotypgruppen	2	23148	2	20793 ***	2	21061 ***	2	21994 **
Jahr	1	31	1	89	1	84	1	109
Block (Jahr)	4	62 **	4	38 *	4	57 **	4	104 ***
Kultursorten	9	241 ***	9	241 ***	9	241 ***	9	241 ***
Wildformen	9	540 ***	9	534 ***	9	536 ***	9	537 ***
Kultureltern	9	151	9	132 *	9	220 *	9	256 **
Wildeltern	9	77	9	37	9	37	9	47
Kreuzungskombinationen	11	44 +	11	45 *	11	61 +	11	19
Jahr * zwischen Genotypgruppen	2	35	2	11	2	13	2	10
Jahr * Kultursorten	9	16	9	16	9	16	9	16
Jahr * Wildformen	6	14	6	14	6	14	6	15
Jahr * Kultureltern	9	38 +	9	17	9	33	9	33
Jahr * Wildeltern	9	10	9	11	9	23	9	20
Jahr * Kreuzungskombinationen	11	18	11	12	11	22	11	18
Rest innerhalb Wildformen	285	13 ***	285	13 ***	285	13 ***	285	13 ***
Rest innerhalb	1350	19 ***	1307	16 ***	1148	16 ***	1373	14 ***
Kreuzungskombinationen								
Residuen	1371	10	1371	10	1371	10	1371	10

Tab. A11: Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal **vegetative Wachstumsdauer** (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).

vegetative Wachstumsdauer Varianzursache	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ
zwischen Genotypgruppen	2	6563867	2	5264396	2	4226051	2	4679671
Jahr	1	1569531	1	1910084	1	1964668	1	2851810
Block (Jahr)	4	17110	4	37986 *	4	19835 +	4	9803
Kultursorten	9	593485 ***	9	594530 ***	9	595021 ***	9	595780 ***
Wildformen	8	1723419 **	8	1719746 **	8	1717612 **	8	1714925 **
Kultureltern	9	219740 *	9	260753 **	9	331539 ***	9	338287 ***
Wildeltern	9	81248	9	43537	9	54896	9	17195
Kreuzungskombinationen	11	59471 *	11	56982 ***	11	25397 *	11	12456 **
Jahr * zwischen Genotypgruppen	2	896700	2	980808	2	1036485	2	1243000
Jahr * Kultursorten	9	32124 ***	9	32132 ***	9	32173 ***	9	32174 ***
Jahr * Wildformen	8	167985 ***	8	167328 ***	8	166654 ***	8	168160 ***
Jahr * Kultureltern	9	22674	9	18954 **	9	13969	9	17805 ***
Jahr * Wildeltern	9	12208	9	4590	9	7563	9	4135
Jahr *	11	14184	11	4886	11	6607	11	2122
Kreuzungskombinationen								
Rest innerhalb Wildformen	337	10000 ***	337	9996 ***	337	9982 ***	337	9969 ***
Rest innerhalb	1431	16674 ***	1380	11913 ***	1216	7490 ***	1435	7536 ***
Kreuzungskombinationen								
Residuen	1408	3412	1408	3412	1408	3412	1408	3412

Tab. A12: Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal **generative Wachstumsdauer** (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).

generative Wachstumsdauer Varianzursache	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ
zwischen Genotypgruppen	2	1465262	2	594344	2	101911	2	213339
Jahr	1	2662	1	22334	1	10199	1	158769
Block (Jahr)	4	184548 ***	4	242703 ***	4	194294 ***	4	156529 ***
Kultursorten	9	581278 ***	9	582122 ***	9	581509 ***	9	582282 ***
Wildformen	8	373387	8	372986	8	372594	8	370284
Kultureltern	9	167841 *	9	213471 **	9	251111 ***	9	292874 ***
Wildeltern	9	62307	9	31983	9	46349	9	17057
Kreuzungskombinationen	11	31874 +	11	40831 **	11	26467 *	11	16401 *
Jahr * zwischen Genotypgruppen	2	1206042	2	1260639	2	1268754	2	1505995
Jahr * Kultursorten	9	25379 ***	9	25429 ***	9	25465 ***	9	25440 ***
Jahr * Wildformen	8	141892 ***	8	141965 ***	8	142276 ***	8	142028 ***
Jahr * Kultureltern	9	29621 +	9	24259 *	9	17067	9	20371 **
Jahr * Wildeltern	9	16473	9	5623	9	8259	9	5794
Jahr *	11	12131	11	8651	11	8217	11	3774
Kreuzungskombinationen								
Rest innerhalb Wildformen	309	7085 ***	309	7130 ***	309	6991 ***	309	6975 ***
Rest innerhalb Kreuzungskombinationen	1384	12734 ***	1336	10052 ***	1176	7362 ***	1393	7610 ***
Residuen	1399	2922	1399	2922	1399	2922	1399	2922

Tab. A13: Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal **gesamte Wachstumsdauer** (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).

gesamte Wachstumsdauer Varianzursache	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ
zwischen Genotypgruppen	2	6672264	2	6726467	2	6662383	2	6823194
Jahr	1	1522531 *	1	1595540 *	1	1753706 *	1	1699557 *
Block (Jahr)	4	133691 ***	4	147460 ***	4	154517 ***	4	173376 ***
Kultursorten	9	2998	9	3001	9	2963	9	2994
Wildformen	9	546250 ***	9	546499 ***	9	547946 ***	9	547006 ***
Kultureltern	9	13757	9	9505	9	8102	9	4273
Wildeltern	9	2987	9	1590	9	1904	9	473
Kreuzungskombinationen	11	3895	11	5119	11	1845	11	1502
Jahr * zwischen Genotypgruppen	2	48285	2	41900	2	39901	2	40916
Jahr * Kultursorten	9	1365 ***	9	1362 ***	9	1366 ***	9	1360 ***
Jahr * Wildformen	9	33799 ***	9	33873 ***	9	33915 ***	9	33952 ***
Jahr * Kultureltern	9	6984	9	2804	9	4249 +	9	3806 +
Jahr * Wildeltern	9	6265	9	3141	9	2026	9	646
Jahr *	11	2898	11	2777 **	11	1444 *	11	2139 ***
Kreuzungskombinationen								
Rest innerhalb Wildformen	435	2660 ***	435	2674 ***	435	2664 ***	435	2698 ***
Rest innerhalb Kreuzungskombinationen	1401	2113 ***	1350	1166 ***	1182	685 ***	1398	443 ***
Residuen	1400	306	1400	306	1400	306	1400	306

Tab. A14: Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal **Wachstumsrate bis zur Ernte** (Ergebnisse einer zweijährigen Feldprüfung auf dem Dikopshof).

Wachstumsrate bis zur Ernte Varianzursache	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ
zwischen Genotypgruppen	2	2,4E-04	2	2,7E-04 ***	2	3,4E-04 ***	2	3,4E-04 ***
Jahr	1	2,1E-04	1	9,3E-05	1	1,3E-04	1	1,6E-04
Block (Jahr)	4	1,5E-04 ***	4	8,5E-05 ***	4	1,4E-04 ***	4	9,4E-05 ***
Kultursorten	9	3,0E-05	9	3,0E-05 +	9	3,0E-05 +	9	3,0E-05 +
Wildformen	9	3,9E-05	9	3,8E-05	9	3,8E-05	9	3,9E-05
Kultureltern	9	4,7E-05	9	7,5E-05	9	3,9E-05	9	2,6E-05
Wildeltern	9	1,2E-05	9	1,6E-05	9	9,3E-06	9	1,8E-05
Kreuzungskombinationen	11	9,3E-06	11	2,0E-05 +	11	9,9E-06	11	1,3E-05
Jahr * zwischen Genotypgruppen	2	3,0E-05	2	2,3E-05	2	2,4E-05	2	2,5E-05
Jahr * Kultursorten	9	1,1E-05	9	1,1E-05 +	9	1,1E-05 +	9	1,1E-05 +
Jahr * Wildformen	7	1,5E-05	7	1,5E-05 *	7	1,5E-05 *	7	1,5E-05 *
Jahr * Kultureltern	9	2,3E-05	9	2,6E-05 *	9	1,6E-05	9	2,5E-05 +
Jahr * Wildeltern	9	1,2E-05	9	1,4E-05	9	1,2E-05	9	1,4E-05
Jahr *	11	9,6E-06	11	7,5E-06	11	1,4E-05 *	11	1,0E-05
Kreuzungskombinationen								
Rest innerhalb Wildformen	312	7,0E-06	312	6,9E-06	312	6,9E-06	312	7,0E-06
Rest innerhalb Kreuzungskombinationen	1386	7,5E-06	1341	7,1E-06 +	1169	7,2E-06 *	1390	7,0E-06 +
Residuen	1393	6,5E-06	1393	6,5E-06	1393	6,5E-06	1393	6,5E-06

Tab. A15: Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal **Wachstumsrate bis zur Blüte** (Ergebnisse einer **einjährigen** Feldprüfung auf dem Dikopshof).

Wachstumsrate bis zur Blüte Varianzursache	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ
zwischen Genotypgruppen	2	3,9E+10	2	3,8E+10	2	3,9E+10	2	4,5E+10
Jahr	1	7,5E+12 ***	1	7,4E+12 ***	1	7,1E+12 ***	1	7,7E+12 ***
Block (Jahr)	4	5,9E-06	4	8,7E-06	4	4,6E-06	4	6,2E-07
Kultursorten	9	2,5E-05	9	2,5E-05	9	2,5E-05	9	2,5E-05
Wildformen	9	2,0E-05	9	2,0E-05	9	2,2E-05	9	2,2E-05
Kultureltern	9	2,0E-05	9	2,5E-05	9	2,8E-05	9	8,0E-05
Wildeltern	9	1,7E-06	9	1,3E-05	9	2,1E-05	9	1,3E-05
Kreuzungskombinationen	11	1,3E-05	11	6,3E-06	11	2,4E-06	11	1,3E-05
Jahr * zwischen Genotypgruppen	2	2,8E-04	2	2,9E-04	2	3,3E-04	2	3,3E-04
Jahr * Kultursorten	9	2,7E-05 ***	9	2,7E-05 ***	9	2,7E-05 ***	9	2,7E-05 ***
Jahr * Wildformen	8	2,8E-05 ***	8	2,8E-05 ***	8	2,8E-05 ***	8	2,9E-05 ***
Jahr * Kultureltern	9	2,3E-05	9	3,0E-05 *	9	3,6E-05 *	9	8,5E-05 ***
Jahr * Wildeltern	9	2,2E-06	9	1,5E-05	9	2,4E-05 **	9	1,4E-05
Jahr *	11	1,6E-05 *	11	8,0E-06	11	3,8E-06	11	1,4E-05 +
Kreuzungskombinationen								
Rest innerhalb Wildformen	320	5,4E-06 ***	318	5,4E-06	320	5,3E-06	320	5,4E-06
Rest innerhalb Kreuzungskombinationen	1314	7,8E-06 ***	1255	7,3E-06 ***	1137	6,3E-06	1387	8,8E-06 *
Residuen	1339	1,1E-12	1339	6,1E-06	1339	6,9E-06	1339	8,0E-06

Tab. A16: Varianzanalyse für die Nachkommenschaftsprüfung eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - und Wildgerste in den Rückkreuzungsgenerationen BC₁ – BC₄, sowie für die entsprechenden Elterngruppen, Kultursorten und Wildformen für das Merkmal **Biomasse zur Blüte** (Ergebnisse einer **einjährigen** Feldprüfung auf dem Dikopshof).

Biomasse zur Blüte Varianzursache	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ	DF	MQ
zwischen Genotypgruppen	2	3,72E+10 +	2	3,61E+10	2	3,71E+10 ***	2	4,27E+10 ***
Jahr	1	7,55E+12 ***	1	7,40E+12 ***	1	7,08E+12 ***	1	7,75E+12 ***
Block (Jahr)	4	3,18	4	4,71	4	2,83	4	2,30
Kultursorten	9	25,82	9	25,66	9	25,36	9	25,43
Wildformen	9	18,98	9	19,38	9	19,96	9	19,81
Kultureltern	9	15,25	9	16,71	9	25,53	9	69,76
Wildeltern	9	5,05	9	9,26	9	13,80	9	11,00
Kreuzungskombinationen	11	8,71	11	3,48	11	3,09	11	7,17
Jahr * zwischen Genotypgruppen	2	103,64	2	58,43	2	32,89	2	39,49
Jahr * Kultursorten	9	28,41 ***	9	28,48 ***	9	28,42 ***	9	28,36 ***
Jahr * Wildformen	8	26,92 ***	8	26,81 ***	8	26,89 ***	8	27,20 ***
Jahr * Kultureltern	9	17,43	9	19,99	9	33,64 *	9	73,34 ***
Jahr * Wildeltern	9	6,27	9	11,49	9	16,84 *	9	11,68
Jahr *	11	10,51 +	11	4,48	11	4,78	11	7,90
Kreuzungskombinationen Rest innerhalb Wildformen	322	5,48	320	5,51	322	5,48	322	5,50
Rest innerhalb Kreuzungskombinationen	1317	5,87 ***	1258	5,08	1137	4,41	1387	5,70
Residuen	1339	4,92	1339	4,92	1339	4,92	1339	4,92

Tab. A17: Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Karyopsenertrag** für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen *per se* und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur - und Wildeltern <i>inter se</i>	Wildeltern	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄		Kultureltern
		t	m	t	m	t	m	t	m	
Apex * 101 - 23	0,76	4,96	5,05			5,53		5,49		5,49
Apex * 1 - B - 30	0,36	3,59	↓ 4,77			4,37	↓ ↓	5,70		5,49
Apex * 41936	0,42	4,54	5,06			4,79		5,38		5,49
Arena * 42 - 8	0,12	4,13	3,39	↓ ↓		5,02		4,80		4,79
Arena * 41923	4,18	3,93	↓ 5,02		↑	5,29		↑ 5,05		4,79
Arena * 41925	4,05	4,22	4,26			4,51		4,83		4,79
Aura * 1 - B - 30	0,36	4,19	4,61			4,96		5,79		5,35
Aura * 2 - B - 20	0,84	4,26	5,02			5,35		5,52		5,35
Aura * 41929	0,82	4,68	4,65			5,23		5,24		5,35
Beate * 1 - B - 86	0,29	3,62	4,95			5,15		5,53		5,19
Beate * 2 - B - 20	0,84	3,68	5,66	↑ ↑		4,80		5,35		5,19
Beate * 41929	0,82	4,25	4,59			5,79	↑ ↑	5,49		5,19
Berolina * 42 - 6	0,53	4,39	4,72			4,66		5,91	↑ ↑	4,98
Berolina * 41923	4,18	3,79	↓ 4,73			4,41		5,65	↑ ↑	4,98
Berolina * 41925	4,05	3,66	↓ 4,94			4,41		4,92		4,98
Dorett * 101 - 23	0,76	3,82	3,94			5,04		4,82		4,90
Dorett * 1 - B - 30	0,36	4,11	4,16			4,56		5,02		4,90
Dorett * 2 - B - 20	0,84	4,04	3,58	↓ ↓		4,81		4,87		4,90
Golf * 1 - B - 86	0,29	5,25	↑ 4,87			5,39		4,70	↓	5,49
Golf * 42 - 8	0,12	3,87	5,88	↑ ↑		5,14		5,55		5,49
Golf * 41923	4,18	5,17	5,70			5,64		5,74		5,49
Harry * 101 - 23	0,76	4,48	4,72			5,61		5,01		5,70
Harry * 42 - 6	0,53	4,46	5,39			5,94		5,03		5,70
Harry * 41936	0,42	5,11	↑ 4,58		↓	5,66		6,44	↑ ↑	5,70
Klaxon * 1 - B - 86	0,29	4,87	↑ 5,49	↑		5,92	↑ ↑	5,65		5,48
Klaxon * 42 - 8	0,12	5,11	↑ 5,66	↑		5,81	↑	5,27		5,48
Klaxon * 41929	0,82	4,71	4,83			5,34		5,27		5,48
Lerche * 42 - 6	0,53	4,39	5,41			5,75		5,22		5,75
Lerche * 41925	4,05	4,27	↓ 4,98			5,24		5,34		5,75
Lerche * 41936	0,42	4,40	4,60			5,04		5,93		5,75
Apex * (101 - 23, 1 - B - 30, 41936)	0,51	4,34	4,96			4,89		5,52		5,49
Arena * (42 - 8, 41923, 41925)	2,82	4,09	4,26			4,95		4,88		4,79
Aura * (1 - B - 30, 2 - B - 20, 41929)	0,68	4,36	4,77			5,19		5,52		5,35
Beate * (1 - B - 86, 2 - B - 20, 41929)	0,66	3,86	4,98			5,21		5,45		5,19
Berolina * (42 - 6, 41923, 41925)	2,92	3,97	4,79			4,51		5,39		4,98
Dorett *(101 - 23, 1 - B - 30, 2 - B - 20)	0,66	4,04	3,89			4,85		4,91		4,90
Golf * (1 - B - 86, 42 - 8, 41923)	1,63	4,66	5,49			5,40		5,34		5,49
Harry * (101 - 23, 42 - 6, 41929)	0,57	4,66	4,94			5,75		5,52		5,70
Klaxon * (1 - B - 86, 42 - 8, 41929)	0,42	4,88	↑ 5,28			5,62		5,39		5,48
Lerche * (42 - 6, 41925, 41936)	1,77	4,35	4,98			5,24		5,49		5,75
101 - 23 * (Apex, Dorett, Harry)	0,76	4,57	4,72			5,28		5,11		5,36
1 - B - 30 * (Apex, Aura, Dorett)	0,36	3,95	4,52			4,73		5,47		5,23
1 - B - 86 *(Beate, Golf, Klaxon)	0,29	4,55	5,07			5,46		5,28		5,39
2 - B - 20 *(Aura, Beate, Dorett)	0,84	4,06	4,62			5,02		5,29		5,15
42 - 6 *(Berolina, Harry, Lerche)	0,53	4,42	5,17			5,28		5,33		5,52
42 - 8 *(Arena, Golf, Klaxon)	0,12	4,31	5,02			5,26		5,24		5,27
41923 *(Arena, Berolina, Golf)	4,18	4,20	5,10			5,16		5,51		5,17
41925 *(Arena, Berolina, Lerche)	4,05	4,06	↓ 4,71			4,79		5,04		5,22
41929 *(Aura, Beate, Klaxon)	0,82	4,56	4,70			5,43		5,34		5,30
41936 *(Apex, Harry, Lerche)	0,42	4,64	4,76			5,16		5,89		5,63
gesamtes Faktoriell Ø	1,27	4,33	4,84			5,16		5,35		5,32

↑↓=Abweichungen der Mittelwerte von der theoretischen Erwartung t bzw. m fallen unter Heranziehung der Grenzdifferenz (GD=0,629) für den paarweisen Vergleich von Mittelwerten aus dem Tukey Test der Kultureltern bei p=0,05 signifikant aus.

Tab. A18: Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Tausendkornmasse** für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen *per se* und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur - und Wildeltern <i>inter se</i>	Wildeltern	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄		Kultureltern			
		t	m	t	m	t	m	t	m				
Apex * 101-23	24,34	49,0	↑	46,7	↑	↓	47,7	↑	48,0	47,5			
Apex * 1-B-30	17,57	42,5	↑	45,4	↑		44,1	↓	46,1	47,5			
Apex * 41936	21,96	44,9	↑	48,3	↑	↑	48,1	↑	46,2	47,5			
Arena * 42-8	18,49	39,9	↑	35,6		↓	40,2	↑	38,4	39,1			
Arena * 41923	42,46	39,2		40,6			39,6		37,1	↓	↓	39,1	
Arena * 41925	41,96	39,7		37,4	↓	↓	37,1	↓	↓	37,0	↓	↓	39,1
Aura * 1-B-30	17,57	44,0	↑	43,5	↑		44,2	↑	43,7			43,7	
Aura * 2-B-20	22,93	42,3	↑	45,0	↑	↑	43,4		44,1			43,7	
Aura * 41929	28,07	43,7	↑	43,5	↑		44,3	↑	43,5			43,7	
Beate * 1-B-86	14,53	39,1	↑	43,4	↑	↑	43,7	↑	↑	45,4	↑	↑	42,8
Beate * 2-B-20	22,93	41,5	↑	43,2	↑		41,3		43,5	↑		42,8	
Beate * 41929	28,07	42,2	↑	43,1	↑		44,5	↑	↑	45,6	↑	↑	42,8
Berolina * 42-6	26,14	45,5	↑	45,4	↑		44,7		45,6			45,1	
Berolina * 41923	42,46	40,9	↓	45,0		↑	43,1	↓	45,9			45,1	
Berolina * 41925	41,96	42,3	↓	44,7			41,3	↓	↓	44,1		45,1	
Dorett * 101-23	24,34	42,7	↑	39,8	↑	↓	40,6		39,6			40,5	
Dorett * 1-B-30	17,57	38,3	↑	41,1	↑	↑	40,8	↑	40,2			40,5	
Dorett * 2-B-20	22,93	37,7	↑	38,1			41,6	↑	↑	41,3		40,5	
Golf * 1-B-86	14,53	44,9	↑	45,1	↑		44,6		45,0			45,5	
Golf * 42-8	18,49	44,6	↑	45,9	↑		45,4	↑	44,7			45,5	
Golf * 41923	42,46	43,0	↓	42,2	↓	↓	45,6		44,9			45,5	
Harry * 101-23	24,34	50,5	↑	50,4	↑		52,1	↑	↑	50,9	↑	49,9	
Harry * 42-6	26,14	49,4	↑	50,4	↑		51,4	↑	↑	49,9		49,9	
Harry * 41936	21,96	49,8	↑	47,0		↓	50,4	↑		53,6	↑	↑	49,9
Klaxon * 1-B-86	14,53	41,7	↑	42,0	↑		42,0	↑	41,2			42,2	
Klaxon * 42-8	18,49	44,8	↑	43,8	↑		43,1	↑	42,8			42,2	
Klaxon * 41929	28,07	42,6	↑	44,4	↑	↑	42,4		43,1			42,2	
Lerche * 42-6	26,14	43,0	↑	43,9	↑	↑	44,3	↑	↑	41,7		41,6	
Lerche * 41925	41,96	42,8		42,9			43,1	↑	40,8			41,6	
Lerche * 41936	21,96	42,8	↑	41,6	↑		41,6		42,7	↑		41,6	
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	21,23	45,3	↑	46,8	↑		47,2		46,7			47,5	
Arena * (42-8, 41923, 41925)	34,51	39,6	↑	37,9			38,9		37,5		↓	39,1	
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	22,92	43,3	↑	44,0	↑		44,0	↑	43,8			43,7	
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	21,84	40,7	↑	43,3	↑	↑	43,0		44,8	↑	↑	42,8	
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	36,85	43,1		45,1			43,3		45,0			45,2	
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	21,60	38,8	↑	39,6	↑		41,0	↑	40,3			40,5	
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	25,88	44,4	↑	44,8	↑		45,2		44,8			45,5	
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	24,16	49,9	↑	49,4	↑		51,1	↑	51,5	↑	↑	49,9	
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	20,42	43,0	↑	43,5	↑		42,4	↑	42,4			42,2	
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	30,66	42,9	↑	42,7	↑		42,7	↑	41,7			41,6	
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	24,34	48,5	↑	47,0	↑		44,8	↑	45,9			45,8	
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	17,57	41,6	↑	43,4	↑		43,1		43,3			43,8	
1-B-86 *(Beate, Golf, Klaxon)	14,53	41,9	↑	43,6	↑		43,7	↑	43,9			43,5	
2-B-20 *(Aura, Beate, Dorett)	22,93	40,4	↑	42,0	↑		42,2		43,2			42,5	
42-6 *(Berolina, Harry, Lerche)	26,14	46,1	↑	46,7	↑		46,8	↑	45,5			45,3	
42-8 *(Arena, Golf, Klaxon)	18,49	43,0	↑	42,0	↑		43,3	↑	42,2			42,5	
41923 *(Arena, Berolina, Golf)	42,46	40,7	↓	42,3			43,0		42,9			43,5	
41925 *(Arena, Berolina, Lerche)	41,96	41,6		41,5			40,8		40,8			42,2	
41929 *(Aura, Beate, Klaxon)	28,07	42,8	↑	43,7	↑		43,7	↑	44,1	↑		42,8	
41936 *(Apex, Harry, Lerche)	21,96	45,5	↑	45,5	↑		46,6	↑	47,3	↑		46,3	
gesamtes Faktoriell Ø	26,05	43,2	↑	43,7	↑		43,8		43,9			43,8	

↑↓=Abweichungen der Mittelwerte von der theoretischen Erwartung t bzw. m fallen unter Heranziehung der Grenzdifferenz (GD=1,44) für den paarweisen Vergleich von Mittelwerten aus dem Tukey Test der Kultureltern bei p=0,05 signifikant aus.

Tab. A19: Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Ähren je Pflanze** für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen *per se* und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur - und Wildeltern <i>inter se</i>	Wildeltern	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄		Kultureltern
		t	m	t	m	t	m	t	m	
Apex * 101-23	3,15	5,82	↑	5,22		5,49		5,18		5,14
Apex * 1-B-30	3,08	5,29		5,33		5,23		5,19		5,14
Apex * 41936	4,34	5,81	↑	5,28		4,71		5,31		5,14
Arena * 42-8	1,33	5,54	↑	5,24		6,67	↑ ↑	5,91		5,51
Arena * 41923	6,07	5,63		6,47	↑ ↑	6,44	↑ ↑	6,54	↑ ↑	5,51
Arena * 41925	7,23	6,18		6,09		6,11		6,24		5,51
Aura * 1-B-30	3,08	6,10	↑	5,04	↓	4,97		5,55		5,23
Aura * 2-B-20	3,96	5,57		5,35		5,80	↑	5,59		5,23
Aura * 41929	3,18	5,29		5,05		5,87	↑ ↑	5,50		5,23
Beate * 1-B-86	3,02	6,05	↑	6,30	↑	6,24		6,05		5,90
Beate *2-B-20	3,96	5,94	↑	6,91	↑ ↑	6,23		6,30		5,90
Beate * 41929	3,18	5,33		6,24	↑ ↑	6,40	↑ ↑	5,99		5,90
Berolina * 42-6	3,01	5,98	↑	5,48		5,30		6,40	↑ ↑	5,33
Berolina * 41923	6,07	6,00		5,14		5,22		6,31	↑ ↑	5,33
Berolina * 41925	7,23	5,43		6,29	↑ ↑	5,70		5,54		5,33
Dorett * 101-23	3,15	4,94		5,79		6,12		5,81		5,81
Dorett * 1-B-30	3,08	6,13	↑	5,79		5,68		6,06		5,81
Dorett * 2-B-20	3,96	6,26	↑	5,39	↓	6,05		5,95		5,81
Golf * 1-B-86	3,02	6,22	↑	6,06	↑	5,54		4,87	↓ ↓	5,57
Golf * 42-8	1,33	4,94		6,08	↑ ↑	5,62		5,77		5,57
Golf * 41923	6,07	6,64	↑	6,74	↑ ↑	6,09		6,58	↑ ↑	5,57
Harry * 101-23	3,15	4,75		4,80		4,68		4,35		4,63
Harry * 42-6	3,01	4,76		5,07		4,71		4,12		4,63
Harry * 41936	4,34	5,55	↑	4,68		4,96		5,06		4,63
Klaxon * 1-B-86	3,02	5,94	↑	6,32	↑	6,40	↑ ↑	5,85		5,74
Klaxon * 42-8	1,33	6,25	↑	6,42	↑	5,92		5,77		5,74
Klaxon * 41929	3,18	5,94	↑	5,48		5,96		5,56		5,74
Lerche * 42-6	3,01	5,78		6,42	↑	5,78		5,55		5,98
Lerche * 41925	7,23	5,66	↓	5,86		5,84		6,04		5,98
Lerche * 41936	4,34	5,99		5,47		5,45		6,10		5,98
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	3,53	5,63	↑	5,28		5,03		5,23		5,14
Arena * (42-8, 41923, 41925)	4,93	5,79		5,96		6,39	↑ ↑	6,22	↑ ↑	5,51
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	3,41	5,67	↑	5,15		5,56		5,55		5,23
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	3,41	5,77		6,41	↑	6,29		6,12		5,90
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	5,45	5,79		5,66		5,39		5,99	↑ ↑	5,33
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	3,44	5,99		5,63		5,99		5,94		5,81
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	3,55	5,79	↑	6,23	↑	5,75		5,75		5,57
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	3,49	4,99	↑	4,87		4,82		4,52		4,63
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	2,55	6,03	↑	6,02	↑	6,08	↑	5,72		5,74
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	4,90	5,82		5,90		5,67		5,91		5,98
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	3,15	5,24		5,17		5,67		5,17		5,23
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	3,08	5,83	↑	5,39		5,24		5,61		5,41
1-B-86 *(Beate, Golf, Klaxon)	3,02	6,07	↑	6,22	↑	5,96		5,57		5,73
2-B-20 *(Aura, Beate, Dorett)	3,96	5,91	↑	5,69		6,01		5,95		5,60
42-6 *(Berolina, Harry, Lerche)	3,01	5,49	↑	5,64		5,20		5,29		5,35
42-8 *(Arena, Golf, Klaxon)	1,33	5,52	↑	5,91	↑	6,00		5,81		5,60
41923 *(Arena, Berolina, Golf)	6,07	6,00		6,14		5,93		6,50	↑ ↑	5,51
41925 *(Arena, Berolina, Lerche)	7,23	5,77		6,08		5,88		5,93		5,63
41929 *(Aura, Beate, Klaxon)	3,18	5,56		5,59		6,06	↑	5,70		5,63
41936 *(Apex, Harry, Lerche)	4,34	5,81	↑	5,19		5,06		5,51		5,25
gesamtes Faktoriell Ø	3,87	5,72		5,71		5,71		5,70		5,50

↑↓=Abweichungen der Mittelwerte von der theoretischen Erwartung t bzw. m fallen unter Heranziehung der Grenzdifferenz (GD=0,603) für den paarweisen Vergleich von Mittelwerten aus dem Tukey Test der Kultureltern bei p=0,05 signifikant aus.

Tab. A20: Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Karyopsen je Pflanze** für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen *per se* und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur - und Wildeltern <i>inter se</i>	Wildeltern	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄		Kultureltern	
		t	m	t	m	t	m	t	m		
Apex * 101-23	24	102	109			116		115		115	
Apex * 1-B-30	18	82	105			98		125		115	
Apex * 41936	19	101	105			100		117		115	
Arena * 42-8	7	103	95	↓	↓	125		126		123	
Arena * 41923	99	99	↓	125	↑	134	↑	135	↑	123	
Arena * 41925	97	104	113			123		132		123	
Aura * 1-B-30	18	95	106			112		132		122	
Aura * 2-B-20	27	102	111			123		125		122	
Aura * 41929	26	107	106			117		121		122	
Beate * 1-B-86	17	92	114			115		122		121	
Beate *2-B-20	27	88	130	↑	↑	117		124		121	
Beate * 41929	26	100	107			131	↑	↑	120	121	
Berolina * 42-6	19	96	104			103		130	↑	↑	110
Berolina * 41923	99	90	↓	105		103		123	↑	110	
Berolina * 41925	97	85	↓	110		107		112		110	
Dorett * 101-23	24	89	99			124		121		121	
Dorett * 1-B-30	18	106	102			113		125		121	
Dorett * 2-B-20	27	106	94	↓	↓	116		118		121	
Golf * 1-B-86	17	117	↑	107		120		105	↓	120	
Golf * 42-8	7	83	128	↑	↑	113		123		120	
Golf * 41923	99	118	135	↑	↑	123		128		120	
Harry * 101-23	24	89	93			108		99		114	
Harry * 42-6	19	89	107			116		101		114	
Harry * 41936	19	102	92		↓	112		120		114	
Klaxon * 1-B-86	17	115	131			139	↑	↑	136	130	
Klaxon * 42-8	7	114	129	↑		136	↑	123		130	
Klaxon * 41929	26	110	109			126		123		130	
Lerche * 42-6	19	102	123			130		126		138	
Lerche * 41925	97	100	↓	117	↓	122		130		138	
Lerche * 41936	19	102	112			122		139		138	
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	20	95	106			104		119		115	
Arena * (42-8, 41923, 41925)	68	102	112			128		131		123	
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	24	101	108			118		126		122	
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	24	94	115			121		122		121	
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	71	91	106			104		120		110	
Dorett *(101-23, 1-B-30, 2-B-20)	23	103	98		↓	119		122		121	
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	43	103	122			119		119		120	
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	20	93	99			113		107		114	
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	17	113	121			132		127		130	
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	47	101	↓	117		123		132		138	
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	24	95	101			119		112		117	
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	18	95	104			110		127		119	
1-B-86 *(Beate, Golf, Klaxon)	17	107	116			124		121		124	
2-B-20 *(Aura, Beate, Dorett)	27	100	109			119		123		121	
42-6 *(Berolina, Harry, Lerche)	19	96	111			112		119		122	
42-8 *(Arena, Golf, Klaxon)	7	99	118			122		124		124	
41923 *(Arena, Berolina, Golf)	99	101	122			121		129		119	
41925 *(Arena, Berolina, Lerche)	97	97	↓	113		118		124		124	
41929 *(Aura, Beate, Klaxon)	26	106	108			124		121		124	
41936 *(Apex, Harry, Lerche)	19	102	104			112		125		122	
gesamtes Faktoriell Ø	36	100	111			118		122		122	

↑↓=Abweichungen der Mittelwerte von der theoretischen Erwartung t bzw. m fallen unter Heranziehung der Grenzdifferenz (GD=13,59) für den paarweisen Vergleich von Mittelwerten aus dem Tukey Test der Kultureltern bei p=0,05 signifikant aus.

Tab. A21: Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Karyopsen je Ähre** für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen *per se* und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur - und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄		Kulturelter
	Wildeltern	t	t	m	t	m	t	m	
Apex * 101-23	8,6	17,6 ↓	21,3 ↓		21,7 ↓		22,0 ↓		22,6
Apex * 1-B-30	4,9	15,6 ↓	19,8 ↓		19,1 ↓	↓	24,3 ↓	↑	22,6
Apex * 41936	4,8	17,7 ↓	19,7 ↓		21,4 ↓		22,1 ↓		22,6
Arena * 42-8	5,0	18,7 ↓	18,5 ↓	↓	18,8 ↓	↓	21,7 ↓		22,6
Arena * 41923	16,0	17,6 ↓	19,7 ↓		20,2 ↓		20,3 ↓	↓	22,6
Arena * 41925	13,6	17,1 ↓	18,8 ↓		20,5 ↓		21,4 ↓		22,6
Aura * 1-B-30	4,9	15,9 ↓	21,4 ↓	↑	22,7 ↓	↑	23,6 ↓		23,3
Aura * 2-B-20	6,2	18,1 ↓	20,8 ↓		21,5 ↓		22,5 ↓		23,3
Aura * 41929	8,9	20,4 ↓	21,3 ↓		20,4 ↓	↓	22,5 ↓		23,3
Beate * 1-B-86	6,7	15,7 ↓	18,8 ↓		18,7 ↓		20,2 ↓		20,6
Beate * 2-B-20	6,2	15,0 ↓	19,3 ↓	↑	18,8 ↓		19,9 ↓		20,6
Beate * 41929	8,9	18,3 ↓	17,4 ↓	↓	21,2 ↓		20,1 ↓		20,6
Berolina * 42-6	6,5	16,2 ↓	19,2 ↓		19,6 ↓		20,4 ↓		20,9
Berolina * 41923	16,0	15,1 ↓	20,9 ↓	↑	19,9 ↓		19,8 ↓		20,9
Berolina * 41925	13,6	16,0 ↓	17,5 ↓		18,6 ↓		20,3 ↓		20,9
Dorett * 101-23	8,6	18,2 ↓	17,2 ↓	↓	20,4 ↓		20,9 ↓		20,7
Dorett * 1-B-30	4,9	17,6 ↓	17,8 ↓	↓	20,0 ↓		20,9 ↓		20,7
Dorett * 2-B-20	6,2	17,7 ↓	17,8 ↓	↓	18,5 ↓		19,9 ↓		20,7
Golf * 1-B-86	6,7	19,1 ↓	18,2 ↓	↓	22,3 ↓		21,7 ↓		21,8
Golf * 42-8	5,0	16,2 ↓	20,9 ↓	↑	20,4 ↓		21,4 ↓		21,8
Golf * 41923	16,0	17,2 ↓	20,6 ↓		20,4 ↓		19,8 ↓	↓	21,8
Harry * 101-23	8,6	19,3 ↓	19,6 ↓	↓	23,1 ↓		23,1 ↓		24,7
Harry * 42-6	6,5	19,0 ↓	21,4 ↓		25,4 ↓	↑	25,0 ↓		24,7
Harry * 41936	4,8	18,7 ↓	19,1 ↓	↓	23,2 ↓		24,1 ↓		24,7
Klaxon * 1-B-86	6,7	19,6 ↓	20,8 ↓		22,0 ↓		23,8 ↓	↑	22,9
Klaxon * 42-8	5,0	18,5 ↓	20,3 ↓		23,1 ↓	↑	21,7 ↓		22,9
Klaxon * 41929	8,9	17,9 ↓	20,1 ↓		21,0 ↓		22,8 ↓		22,9
Lerche * 42-6	6,5	17,7 ↓	19,4 ↓		22,6 ↓		23,1 ↓		22,9
Lerche * 41925	13,6	17,4 ↓	19,7 ↓		20,8 ↓		22,0 ↓		22,9
Lerche * 41936	4,8	17,3 ↓	20,4 ↓		23,0 ↓	↑	23,2 ↓		22,9
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	6,0	16,9 ↓	20,2 ↓		21,0 ↓		22,8 ↓		22,6
Arena * (42-8, 41923, 41925)	11,6	17,8 ↓	19,0 ↓		19,9 ↓	↓	21,2 ↓		22,6
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	6,7	18,0 ↓	21,1 ↓		21,5 ↓		22,8 ↓		23,3
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	7,2	16,5 ↓	18,4 ↓		19,6 ↓		20,1 ↓		20,6
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	12,0	15,8 ↓	19,1 ↓		19,5 ↓		20,2 ↓		20,9
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	6,5	17,7 ↓	17,7 ↓	↓	19,8 ↓		20,7 ↓		20,7
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	9,5	17,5 ↓	19,9 ↓		21,0 ↓		21,0 ↓		21,8
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	6,6	19,0 ↓	20,2 ↓	↓	23,9 ↓		24,0 ↓		24,7
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	6,9	18,6 ↓	20,3 ↓		21,8 ↓		22,7 ↓		22,9
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	8,6	17,4 ↓	19,8 ↓		22,0 ↓		22,7 ↓		22,9
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	8,6	18,4 ↓	19,9 ↓		21,3 ↓		21,9 ↓		22,6
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	4,9	16,4 ↓	19,7 ↓		21,2 ↓		22,9 ↓	↑	22,1
1-B-86 * (Beate, Golf, Klaxon)	6,7	18,0 ↓	19,1 ↓		21,2 ↓		21,9 ↓		21,8
2-B-20 * (Aura, Beate, Dorett)	6,2	17,3 ↓	19,3 ↓		19,8 ↓		20,9 ↓		21,6
42-6 * (Berolina, Harry, Lerche)	6,5	17,7 ↓	20,0 ↓		22,0 ↓		23,0 ↓		23,0
42-8 * (Arena, Golf, Klaxon)	5,0	17,7 ↓	19,9 ↓		20,6 ↓		21,6 ↓		22,4
41923 * (Arena, Berolina, Golf)	16,0	16,8 ↓	20,3 ↓		20,2 ↓		19,9 ↓	↓	21,8
41925 * (Arena, Berolina, Lerche)	13,6	16,9 ↓	18,7 ↓		20,1 ↓		21,2 ↓		22,1
41929 * (Aura, Beate, Klaxon)	8,9	18,7 ↓	19,6 ↓		20,8 ↓		21,7 ↓		22,2
41936 * (Apex, Harry, Lerche)	4,8	17,8 ↓	19,8 ↓		22,6 ↓		23,1 ↓		23,4
gesamtes Faktoriell Ø	8,2	17,5 ↓	19,6 ↓		21,0 ↓		21,8 ↓		22,3

↑↓=Abweichungen der Mittelwerte von der theoretischen Erwartung t bzw. m fallen unter Heranziehung der Grenzdifferenz (GD=1,180) für den paarweisen Vergleich von Mittelwerten aus dem Tukey Test der Kultureltern bei p=0,05 signifikant aus.

Tab. A22: Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Stroh** für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen *per se* und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur - und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄		Kulturelter
	Wildeltern	t	t	m	t	m	t	m	
Apex * 101-23	8,34	5,07 ↓	5,04		5,38		5,23		4,98
Apex * 1-B-30	8,80	5,70	6,02	↑	5,98	↑ ↑	5,44		4,98
Apex * 41936	8,91	5,62	5,14		5,25		5,30		4,98
Arena * 42-8	8,27	5,31	4,14 ↓	↓	5,71	↑ ↑	4,97		4,68
Arena * 41923	7,49	5,09	5,56	↑	5,72	↑ ↑	5,21		4,68
Arena * 41925	4,85	5,00	4,60		4,78		4,92		4,68
Aura * 1-B-30	8,80	5,74 ↓	5,72		5,78		6,09		5,57
Aura * 2-B-20	8,36	6,03	6,04		5,92		6,04		5,57
Aura * 41929	9,53	6,43	6,32		6,13		5,80		5,57
Beate * 1-B-86	9,54	5,31 ↓	6,11	↑	6,35	↑ ↑	5,91		5,36
Beate * 2-B-20	8,36	6,02	7,17	↑ ↑	5,71		5,78		5,36
Beate * 41929	9,53	5,70 ↓	6,90	↑ ↑	6,92	↑ ↑	5,70		5,36
Berolina * 42-6	7,97	5,62	5,89		5,36		6,02	↑ ↑	5,11
Berolina * 41923	7,49	6,14	5,53		5,04		6,10	↑ ↑	5,11
Berolina * 41925	4,85	5,58	6,37	↑ ↑	5,44		5,52		5,11
Dorett * 101-23	8,34	5,73	6,12	↑ ↑	5,82	↑	5,13		5,01
Dorett * 1-B-30	8,80	6,14	4,84 ↓	↓	5,16		5,16		5,01
Dorett * 2-B-20	8,36	4,88 ↓	5,11		5,42		5,20		5,01
Golf * 1-B-86	9,54	5,98	5,62		5,48		4,88		5,05
Golf * 42-8	8,27	6,38	5,81		5,73		5,25		5,05
Golf * 41923	7,49	6,77 ↑	5,78		5,72		6,01	↑ ↑	5,05
Harry * 101-23	8,34	6,19	6,34		6,20		5,48		5,71
Harry * 42-6	7,97	5,77 ↓	6,18		6,33	↑	5,57		5,71
Harry * 41936	8,91	6,26	7,21	↑ ↑	6,52	↑	6,56	↑ ↑	5,71
Klaxon * 1-B-86	9,54	6,40	6,67	↑ ↑	6,76	↑ ↑	6,05		5,38
Klaxon * 42-8	8,27	5,38 ↓	5,60		5,74		5,52		5,38
Klaxon * 41929	9,53	6,08	5,85		5,79		5,38		5,38
Lerche * 42-6	7,97	5,98	5,74		5,50		4,91		5,08
Lerche * 41925	4,85	5,25	5,56		5,14		4,99		5,08
Lerche * 41936	8,91	5,82	4,54 ↓	↓	5,11		5,45		5,08
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	8,69	5,48	5,42		5,44		5,32		4,98
Arena * (42-8, 41923, 41925)	6,83	5,13	4,79		5,40	↑	5,02		4,68
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	8,89	6,05	6,00		5,95		5,99		5,57
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	9,11	5,60 ↓	6,61	↑ ↑	6,27	↑ ↑	5,79		5,36
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	6,74	5,74	5,95		5,28		5,82	↑ ↑	5,11
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	8,50	5,59	5,16		5,54		5,16		5,01
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	8,38	6,32 ↑	5,74		5,64		5,38		5,05
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	8,40	6,05	6,53	↑	6,39		5,89		5,71
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	9,14	5,96	6,00		6,06		5,64		5,38
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	7,11	5,68	5,26		5,19		5,11		5,08
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	8,34	5,64	5,76		5,80		5,27		5,23
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	8,80	5,86	5,54		5,62		5,52		5,18
1-B-86 * (Beate, Golf, Klaxon)	9,54	5,86	6,10		6,05	↑	5,59		5,25
2-B-20 * (Aura, Beate, Dorett)	8,36	5,61	5,93		5,72		5,72		5,34
42-6 * (Berolina, Harry, Lerche)	7,97	5,78	5,94		5,70		5,42		5,30
42-8 * (Arena, Golf, Klaxon)	8,27	5,72	5,21		5,72		5,27		5,04
41923 * (Arena, Berolina, Golf)	7,49	5,83	5,61		5,51		5,80	↑ ↑	4,98
41925 * (Arena, Berolina, Lerche)	4,85	5,26	5,46		5,12		5,15		5,00
41929 * (Aura, Beate, Klaxon)	9,53	6,07	6,30		6,24	↑	5,60		5,40
41936 * (Apex, Harry, Lerche)	8,91	5,87	5,49		5,61		5,74		5,23
gesamtes Faktoriell Ø	8,18	5,75	5,72		5,71		5,50		5,19

↑↓=Abweichungen der Mittelwerte von der theoretischen Erwartung t bzw. m fallen unter Heranziehung der Grenzdifferenz (GD=0,605) für den paarweisen Vergleich von Mittelwerten aus dem Tukey Test der Kultureltern bei p=0,05 signifikant aus.

Tab. A23: Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Ernteindex** für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen *per se* und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur - und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄		Kulturelter	
	Wildeltern	t	t	m	t	m	t	m		
Apex * 101-23	0,06	0,46	↑	0,47	↑	0,47		0,47	0,49	
Apex * 1-B-30	0,04	0,36	↓	0,41	↓	0,40	↓	0,48	0,49	
Apex * 41936	0,04	0,41	↑	0,46	↑	0,44	↓	0,47	0,49	
Arena * 42-8	0,01	0,40	↑	0,42	↓	0,43	↓	0,46	0,47	
Arena * 41923	0,33	0,40	↓	0,44		0,44	↓	0,45	0,47	
Arena * 41925	0,42	0,41	↓	0,44	↓	0,45		0,46	0,47	
Aura * 1-B-30	0,04	0,39	↑	0,41		0,42		0,45	↑	0,45
Aura * 2-B-20	0,07	0,37	↑	0,42		0,43		0,44		0,45
Aura * 41929	0,07	0,39	↑	0,38	↓	0,43		0,44		0,45
Beate * 1-B-86	0,02	0,37	↑	0,42	↑	0,41	↓	0,45		0,45
Beate * 2-B-20	0,07	0,34	↓	0,41		0,41	↓	0,44		0,45
Beate * 41929	0,07	0,39	↑	0,37	↓	0,42	↓	0,45		0,45
Berolina * 42-6	0,05	0,41	↑	0,40	↓	0,43	↓	0,46	↑	0,45
Berolina * 41923	0,33	0,34	↓	0,42	↑	0,43	↓	0,44		0,45
Berolina * 41925	0,42	0,36	↓	0,40	↓	0,41	↓	0,44		0,45
Dorett * 101-23	0,06	0,36		0,36	↓	0,43		0,45		0,46
Dorett * 1-B-30	0,04	0,36		0,43	↑	0,43		0,46		0,46
Dorett * 2-B-20	0,07	0,41	↑	0,38	↓	0,43		0,45		0,46
Golf * 1-B-86	0,02	0,43	↑	0,43	↓	0,46		0,45	↓	0,48
Golf * 42-8	0,01	0,33	↓	0,47	↑	0,43	↓	0,47		0,48
Golf * 41923	0,33	0,38	↓	0,46	↑	0,46	↓	0,45	↓	0,48
Harry * 101-23	0,06	0,38		0,39	↓	0,44		0,44		0,46
Harry * 42-6	0,05	0,40	↑	0,44	↑	0,45		0,44		0,46
Harry * 41936	0,04	0,41	↑	0,34	↓	0,43	↓	0,46		0,46
Klaxon * 1-B-86	0,02	0,39	↑	0,42		0,42	↓	0,44		0,46
Klaxon * 42-8	0,01	0,45	↑	0,47	↑	0,47	↑	0,45		0,46
Klaxon * 41929	0,07	0,41	↑	0,41	↓	0,44		0,46		0,46
Lerche * 42-6	0,05	0,39		0,45		0,48		0,48		0,49
Lerche * 41925	0,42	0,41	↓	0,43	↓	0,47	↓	0,48		0,49
Lerche * 41936	0,04	0,39		0,47	↑	0,46		0,49		0,49
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	0,05	0,41	↑	0,44		0,44	↓	0,47		0,49
Arena * (42-8, 41923, 41925)	0,26	0,40		0,43		0,44		0,46		0,47
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	0,06	0,38	↑	0,40		0,43		0,44		0,45
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	0,05	0,37		0,40		0,41	↓	0,45		0,45
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	0,27	0,37	↓	0,41	↓	0,42	↓	0,44		0,45
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	0,06	0,38	↑	0,40	↓	0,43		0,45		0,46
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	0,13	0,38		0,45	↑	0,45		0,46		0,48
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	0,05	0,40	↑	0,39	↓	0,44		0,45		0,46
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	0,04	0,41	↑	0,43	↑	0,44		0,45		0,46
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	0,18	0,40	↓	0,45		0,47		0,48		0,49
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	0,06	0,41	↑	0,41	↓	0,44		0,45		0,47
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	0,04	0,37		0,42		0,42	↓	0,46		0,47
1-B-86 * (Beate, Golf, Klaxon)	0,02	0,40	↑	0,42		0,44	↓	0,45		0,47
2-B-20 * (Aura, Beate, Dorett)	0,07	0,38	↑	0,40		0,43		0,44		0,45
42-6 * (Berolina, Harry, Lerche)	0,05	0,40	↑	0,43		0,44		0,46		0,47
42-8 * (Arena, Golf, Klaxon)	0,01	0,39	↑	0,45	↑	0,44		0,46		0,47
41923 * (Arena, Berolina, Golf)	0,33	0,38	↓	0,44	↑	0,44	↓	0,45	↓	0,47
41925 * (Arena, Berolina, Lerche)	0,42	0,39	↓	0,43	↓	0,45	↓	0,46		0,47
41929 * (Aura, Beate, Klaxon)	0,07	0,40	↑	0,39	↓	0,43		0,45		0,46
41936 * (Apex, Harry, Lerche)	0,04	0,40	↑	0,43		0,44	↓	0,47		0,48
gesamtes Faktoriell Ø	0,11	0,39	0,42	0,44	0,46	0,46	0,46	0,47	0,47	

↑↓=Abweichungen der Mittelwerte von der theoretischen Erwartung t bzw. m fallen unter Heranziehung der Grenzdifferenz (GD=0,015) für den paarweisen Vergleich von Mittelwerten aus dem Tukey Test der Kultureltern bei p=0,05 signifikant aus.

Tab. A24: Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Höhe** für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen *per se* und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur - und Wildeltern <i>inter se</i>	Wildeltern	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄		Kulturelter			
		t	m	t	m	t	m	t	m				
Apex * 101-23	107,4	77,1	↓	81,6	↓	↑	74,9	↓	↓	79,9	↓	81,2	
Apex * 1-B-30	103,8	81,6	↓	86,2	↑	↑	83,1	↑	↑	81,5		81,2	
Apex * 41936	103,7	85,8		83,8			82,8			81,1		81,2	
Arena * 42-8	-	80,6	n.b.	68,9	n.b.	↓	75,1	n.b.	↓	76,3	n.b.	↓	82,1
Arena * 41923	96,3	80,2	↓	82,2	↓		80,7	↓		78,1	↓	↓	82,1
Arena * 41925	78,8	77,2	↓	76,4	↓	↓	74,3	↓	↓	76,9	↓	↓	82,1
Aura * 1-B-30	103,8	88,6	↓	94,9		↑	92,1			90,7	↓		92,0
Aura * 2-B-20	112,0	94,7	↓	94,4			90,9	↓	↓	91,6			92,0
Aura * 41929	97,7	94,3		97,4	↑	↑	90,2	↓	↓	90,7	↓	↓	92,0
Beate * 1-B-86	87,5	70,6	↓	73,8	↓		73,8	↓		75,8			75,8
Beate * 2-B-20	112,0	87,9		83,9	↑	↑	75,8	↓	↓	73,3	↓	↓	75,8
Beate * 41929	97,7	80,3		81,1	↑	↑	80,5	↑	↑	76,8			75,8
Berolina * 42-6	103,9	74,6	↓	80,0		↑	78,6		↑	77,8			77,7
Berolina * 41923	96,3	78,3	↓	82,5	↑	↑	78,5			78,4			77,7
Berolina * 41925	78,8	80,0	↑	79,5	↑		78,6			78,3			77,7
Dorett * 101-23	107,4	88,4		82,4			81,1			78,5			77,7
Dorett * 1-B-30	103,8	82,3	↓	74,1	↓	↓	75,1	↓	↓	78,6			77,7
Dorett * 2-B-20	112,0	84,0	↓	79,8	↓		81,2	↑	↑	82,0	↑	↑	77,7
Golf * 1-B-86	87,5	79,2		77,8			76,7			76,8			76,7
Golf * 42-8	-	88,6	n.b.	77,3	n.b.	↓	78,5	n.b.		76,5	n.b.	↓	76,7
Golf * 41923	96,3	82,3		76,8	↓	↓	78,2			76,6			76,7
Harry * 101-23	107,4	86,6		82,0	↓	↓	78,2			79,4	↓	↓	81,2
Harry * 42-6	103,9	81,5	↓	79,3	↓	↓	81,4			82,3			81,2
Harry * 41936	103,7	82,2	↓	89,3	↑	↑	86,6	↑	↑	85,2	↑	↑	81,2
Klaxon * 1-B-86	87,5	82,7	↑	85,3	↑	↑	77,0	↓	↓	79,7			78,9
Klaxon * 42-8	-	78,0	n.b.	76,7	n.b.	↓	79,1	n.b.		77,1	n.b.	↓	78,9
Klaxon * 41929	97,7	79,9	↓	85,4	↑	↑	78,9			78,6			78,9
Lerche * 42-6	103,9	86,9		82,6	↓		80,1	↓	↓	80,3		↓	81,2
Lerche * 41925	78,8	86,4	↑	85,6	↑	↑	82,3			79,1	↓	↓	81,2
Lerche * 41936	103,7	86,7		82,8			85,5	↑	↑	82,0			81,2
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	104,9	81,7	↓	84,0		↑	80,8	↓		80,8			81,2
Arena * (42-8, 41923, 41925)	87,4	79,3	↓	76,1	↓	↓	77,0	↓	↓	77,0	↓	↓	82,1
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	104,6	92,5	↓	95,4	↑	↑	91,0	↓		91,1	↓		92,0
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	99,5	77,8	↓	78,5	↑	↑	76,9			75,3			75,8
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	92,8	77,5	↓	80,5	↑	↑	78,6			78,2			77,7
Dorett *(101-23, 1-B-30, 2-B-20)	108,0	83,9		77,7	↓	↓	79,5			79,4			77,7
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	92,3	83,8	↑	77,4		↓	77,8			76,6			76,7
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	105,0	83,3	↓	82,8			83,1		↑	82,3			81,2
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	92,6	80,1	↓	82,7	↑	↑	78,3			78,4			78,9
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	94,8	86,7	↑	83,7			83,3			80,4			81,2
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	107,4	82,9	↓	81,9	↓		79,0			79,2			79,9
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	103,8	84,0	↓	85,0			84,9			82,8			82,9
1-B-86 *(Beate, Golf, Klaxon)	87,5	77,1	↓	78,6			76,0	↓		77,5			77,2
2-B-20 *(Aura, Beate, Dorett)	112,0	89,3		86,9			82,9			82,3			82,4
42-6 *(Berolina, Harry, Lerche)	103,9	80,9	↓	80,6	↓		79,8			80,3			80,3
42-8 *(Arena, Golf, Klaxon)	-	82,8	n.b.	74,3	n.b.	↓	77,5	n.b.	↓	76,6	n.b.	↓	79,1
41923 *(Arena, Berolina, Golf)	96,3	80,2	↓	80,9			79,1			77,5	↓		78,7
41925 *(Arena, Berolina, Lerche)	78,8	81,2		80,5			78,9		↓	78,2	↓	↓	80,3
41929 *(Aura, Beate, Klaxon)	97,7	84,4		87,6	↑	↑	83,8			81,1			81,2
41936 *(Apex, Harry, Lerche)	103,7	85,1	↓	84,8			84,9	↑	↑	82,7			81,1
gesamtes Faktoriell Ø	98,9	82,7	↓	82,0			80,9			79,8			80,3

↑↓=Abweichungen der Mittelwerte von der theoretischen Erwartung t bzw. m fallen unter Heranziehung der Grenzdifferenz (GD=1,580) für den paarweisen Vergleich von Mittelwerten aus dem Tukey Test der Kultureltern bei p=0,05 signifikant aus.

Tab. A25: Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Grannenlänge** für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen *per se* und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur - und Wildeltern <i>inter se</i>	Wildeltern	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄		Kulturelter
		t	m	t	m	t	m	t	m	
Apex * 101-23	12,5	10,7	10,2			10,7		10,2		10,2
Apex * 1-B-30	10,8	10,8	9,8		↓	10,2		9,9		10,2
Apex * 41936	11,1	10,7	10,1			10,3		10,3		10,2
Arena * 42-8	-	12,1	n.b.	11,4	n.b.	10,9	n.b.	10,3	n.b.	9,9
Arena * 41923	11,8	10,2	10,6			10,5		10,1		9,9
Arena * 41925	10,8	11,0	↑	10,3		10,4		9,9		9,9
Aura * 1-B-30	10,8	10,5	↑	9,7		9,3		9,5		9,1
Aura * 2-B-20	11,9	11,0	↑	10,1	↑	10,0	↑	10,1	↑	9,1
Aura * 41929	10,1	9,9	↑	10,0	↑	10,0	↑	9,9	↑	9,1
Beate * 1-B-86	10,0	10,7		11,2		10,9		10,6		10,8
Beate * 2-B-20	11,9	11,7	↑	10,6		10,7		10,9		10,8
Beate * 41929	10,1	10,9		11,0		11,0		11,1		10,8
Berolina * 42-6	11,2	11,3	↑	10,8		10,1		10,3		10,2
Berolina * 41923	11,8	10,6		10,4		10,5		10,8	↑	10,2
Berolina * 41925	10,8	10,1		10,2		9,5	↓	9,4	↓	10,2
Dorett * 101-23	12,5	10,3		9,8		9,3		9,2		9,1
Dorett * 1-B-30	10,8	9,5		9,5		9,9	↑	9,4	↑	9,1
Dorett * 2-B-20	11,9	9,7		9,4		9,7		9,1		9,1
Golf * 1-B-86	10,0	11,5	↑	11,4		11,1		11,2		11,1
Golf * 42-8	-	11,3	n.b.	11,9	n.b.	↑	11,7	n.b.	↑	11,1
Golf * 41923	11,8	11,3		10,6		11,2		11,5		11,1
Harry * 101-23	12,5	11,1	↑	10,5		10,2		10,3		9,9
Harry * 42-6	11,2	11,1	↑	10,7	↑	10,4		10,1		9,9
Harry * 41936	11,1	10,6		10,3		10,7	↑	10,2	↑	9,9
Klaxon * 1-B-86	10,0	9,5		9,7		9,9		9,9		9,6
Klaxon * 42-8	-	10,8	n.b.	10,8	n.b.	↑	10,4	n.b.	10,3	n.b.
Klaxon * 41929	10,1	10,6	↑	10,3		10,5	↑	10,1	↑	9,6
Lerche * 42-6	11,2	11,6	↑	11,1	↑	10,5	↑	10,2		9,9
Lerche * 41925	10,8	10,7		10,3		10,5	↑	10,3		9,9
Lerche * 41936	11,1	11,2	↑	10,3		9,9		9,5		9,9
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	11,4	10,7		10,0		10,4		10,1		10,2
Arena * (42-8, 41923, 41925)	11,3	11,1	↑	10,8	↑	10,6	↑	10,1	↑	9,9
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	11,0	10,5	↑	10,0	↑	9,8	↑	9,8		9,1
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	10,7	11,0		11,0		10,9		10,9		10,8
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	11,3	10,7		10,5		10,1		10,0		10,2
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	11,7	9,7		9,5		9,6		9,3		9,1
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	11,0	11,4		11,4		11,4		11,4		11,1
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	11,6	10,9	↑	10,5		10,5		10,2		9,9
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	10,1	10,3		10,2	↑	10,3	↑	10,1		9,6
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	11,0	11,1	↑	10,6		10,3		10,0		9,9
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	12,5	10,8		10,2		9,8		9,9		9,7
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	10,8	10,3		9,7		9,7		9,6		9,4
1-B-86 *(Beate, Golf, Klaxon)	10,0	10,6		10,8		10,7		10,6		10,5
2-B-20 *(Aura, Beate, Dorett)	11,9	10,7	↑	10,0		10,2		10,1		9,7
42-6 *(Berolina, Harry, Lerche)	11,2	11,3	↑	10,9	↑	10,3		10,2		9,9
42-8 *(Arena, Golf, Klaxon)	-	11,4	n.b.	11,4	n.b.	11,1	n.b.	10,7	n.b.	10,2
41923 *(Arena, Berolina, Golf)	11,8	10,6		10,6		10,8		10,9		10,5
41925 *(Arena, Berolina, Lerche)	10,8	10,6		10,3		10,2		9,9		10,0
41929 *(Aura, Beate, Klaxon)	10,1	10,5	↑	10,4		10,5	↑	10,4		9,9
41936 *(Apex, Harry, Lerche)	11,1	10,9		10,2		10,3		10,0		10,0
gesamtes Faktoriell Ø	11,1	10,8		10,4		10,4		10,2		10,0

↑↓=Abweichungen der Mittelwerte von der theoretischen Erwartung t bzw. m fallen unter Heranziehung der Grenzdifferenz (GD=0,567) für den paarweisen Vergleich von Mittelwerten aus dem Tukey Test der Kultureltern bei p=0,05 signifikant aus.

Tab. A26: Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **vegetative Wachstumsdauer** für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen *per se* und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur - und Wildeltern <i>inter se</i>	Wildeltern	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄		Kulturelter			
		t	m	t	m	t	m	t	m				
Apex * 101-23	1134	641	↓	716	↓	↑	699		733	↑	↑	684	
Apex * 1-B-30	1274	696	↓	715	↓	↑	818	↑	↑	710		↑	684
Apex * 41936	924	672	↓	728		↑	767	↑	↑	747	↑	↑	684
Arena * 42-8	-	795	n.b.	823	n.b.	↑	757	n.b.	↓	768	n.b.	↓	797
Arena * 41923	757	726	↓	721	↓	↓	736	↓	↓	765	↓	↓	797
Arena * 41925	647	730	↓	769			812		↑	769	↓		797
Aura * 1-B-30	1274	655	↓	729	↓		784	↓	↑	776			773
Aura * 2-B-20	1085	741	↓	727	↓	↓	736	↓	↓	763			773
Aura * 41929	1039	755	↓	732	↓	↓	671	↓	↓	701	↓	↓	773
Beate * 1-B-86	1191	771	↓	725	↓	↓	789	↓	↓	770	↓	↓	827
Beate * 2-B-20	1085	725	↓	769	↓		778	↓	↓	778	↓	↓	827
Beate * 41929	1039	780	↓	787	↓		805	↓		756	↓	↓	827
Berolina * 42-6	1146	707	↓	825	↓	↑	816	↓		811	↓		830
Berolina * 41923	757	809		788	↓	↓	789	↓	↓	803	↓	↓	830
Berolina * 41925	647	776		781	↓		833			791	↓	↓	830
Dorett * 101-23	1134	715	↓	803	↓	↑	790	↓		783	↓		810
Dorett * 1-B-30	1274	808	↓	770	↓	↓	807	↓		770	↓	↓	810
Dorett * 2-B-20	1085	751	↓	785	↓		788	↓		782	↓		810
Golf * 1-B-86	1191	815	↓	793	↓	↓	855	↓		856	↓		877
Golf * 42-8	-	828	n.b.	854	n.b.		848	n.b.		836	n.b.	↓	877
Golf * 41923	757	807	↓	811	↓	↓	818	↓	↓	803	↓	↓	877
Harry * 101-23	1134	800	↓	804	↓	↓	871	↓		841	↓		865
Harry * 42-6	1146	745	↓	769	↓	↓	828	↓		829	↓		865
Harry * 41936	924	757	↓	869		↑	850	↓		833	↓		865
Klaxon * 1-B-86	1191	799	↓	800	↓	↓	848	↓		837	↓		856
Klaxon * 42-8	-	698	n.b.	750	n.b.	↓	852	n.b.	↑	826	n.b.		856
Klaxon * 41929	1039	754	↓	831	↓	↑	864		↑	836	↓		856
Lerche * 42-6	1146	708	↓	697	↓		710	↓		687	↓	↓	710
Lerche * 41925	647	702		720			698			696			710
Lerche * 41936	924	694	↓	674	↓	↓	703			709			710
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	1110	671	↓	719		↑	760	↑	↑	730	↑	↑	684
Arena * (42-8, 41923, 41925)	701	750	↓	770			767	↓		768	↓	↓	797
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	1130	716	↓	729	↓		728	↓	↓	750	↓		773
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	1105	764	↓	756	↓	↓	790	↓		768	↓	↓	827
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	849	758	↓	800	↓		813			800	↓	↓	830
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	1160	771	↓	781	↓		794	↓		778	↓	↓	810
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	957	818	↓	822	↓	↓	840	↓	↓	832	↓	↓	877
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	1069	766	↓	809	↓		847	↓		834	↓		865
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	1115	751	↓	796	↓		856			833	↓		856
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	904	701	↓	697	↓		702			697			710
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	1134	718	↓	767	↓		785	↓		783			782
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	1274	721	↓	738	↓		798		↑	750			755
1-B-86 *(Beate, Golf, Klaxon)	1191	794	↓	770	↓	↓	835	↓		823	↓	↓	854
2-B-20 *(Aura, Beate, Dorett)	1085	741	↓	757	↓		764	↓	↓	774	↓		802
42-6 *(Berolina, Harry, Lerche)	1146	720	↓	765	↓		800	↓		766	↓		792
42-8 *(Arena, Golf, Klaxon)	-	780	n.b.	814	n.b.		819	n.b.		812	n.b.	↓	846
41923 *(Arena, Berolina, Golf)	757	772	↓	764	↓	↓	783	↓	↓	792	↓	↓	841
41925 *(Arena, Berolina, Lerche)	647	734		756			769			750	↓		777
41929 *(Aura, Beate, Klaxon)	1039	763	↓	788	↓		773	↓	↓	773	↓	↓	824
41936 *(Apex, Harry, Lerche)	924	704	↓	745		↑	772		↑	761			748
gesamtes Faktoriell Ø	1018	744	↓	766	↓		788	↓		779	↓		802

↑↓=Abweichungen der Mittelwerte von der theoretischen Erwartung t bzw. m fallen unter Heranziehung der Grenzdifferenz (GD=21,57) für den paarweisen Vergleich von Mittelwerten aus dem Tukey Test der Kultureltern bei p=0,05 signifikant aus.

Tab. A27: Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **generative Wachstumsdauer** für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen *per se* und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur - und Wildeltern <i>inter se</i>	Wildeltern	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄		Kulturelter			
		t	m	t	m	t	m	t	m				
Apex * 101-23	409	554	↑	488	↓	↓	513		479	↓	↓	525	
Apex * 1-B-30	265	521	↑	502		↓	428	↓	↓	494	↓	↓	525
Apex * 41936	434	528	↑	493	↓	↓	445	↓	↓	462	↓	↓	525
Arena * 42-8	-	419	n.b.	411	n.b.		461	n.b.	↑	439	n.b.	↑	408
Arena * 41923	483	514	↑	491	↑	↑	478	↑	↑	453	↑	↑	408
Arena * 41925	571	483	↑	435			400		↓	437	↑	↑	408
Aura * 1-B-30	265	538	↑	460	↑	↓	411		↓	414		↓	435
Aura * 2-B-20	363	479	↑	474	↑		453	↑		434			435
Aura * 41929	355	449	↑	465	↑	↑	523	↑	↑	499	↑	↑	435
Beate * 1-B-86	381	435	↑	480	↑	↑	423	↑	↑	439	↑	↑	384
Beate * 2-B-20	363	481	↑	434	↑		440	↑	↑	439	↑	↑	384
Beate * 41929	355	460	↑	431	↑		405	↑		453	↑	↑	384
Berolina * 42-6	299	500	↑	389		↓	393			397			380
Berolina * 41923	483	421		420	↑		426	↑	↑	399	↑	↑	380
Berolina * 41925	571	452	↑	440	↑	↑	377			423	↑	↑	380
Dorett * 101-23	409	496	↑	425	↑	↓	420	↑		426	↑		399
Dorett * 1-B-30	265	435	↑	462	↑	↑	419	↑		449	↑	↑	399
Dorett * 2-B-20	363	450	↑	426	↑		417			419	↑		399
Golf * 1-B-86	381	382	↑	421	↑	↑	352	↑		350	↑		324
Golf * 42-8	-	400	n.b.	349	n.b.		359	n.b.		367	n.b.	↑	324
Golf * 41923	483	409	↑	387	↑	↑	387	↑	↑	403	↑	↑	324
Harry * 101-23	409	418	↑	414	↑	↑	384	↑	↑	378	↑	↑	341
Harry * 42-6	299	452	↑	435	↑	↑	380	↑		377	↑	↑	341
Harry * 41936	434	457	↑	364		↓	372	↑		380	↑	↑	341
Klaxon * 1-B-86	381	414	↑	411	↑	↑	384	↑		371			352
Klaxon * 42-8	-	497	n.b.	455	n.b.	↑	357	n.b.	↓	381	n.b.		352
Klaxon * 41929	355	455	↑	385	↑		347		↓	375	↑		352
Lerche * 42-6	299	499	↑	511	↑		495			512	↑	↑	487
Lerche * 41925	571	499		491			497			501			487
Lerche * 41936	434	497	↑	512	↑	↑	488			488			487
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	369	533	↑	495		↓	458	↓	↓	478	↓	↓	525
Arena * (42-8, 41923, 41925)	528	473	↑	447	↑		447	↑	↑	443	↑	↑	408
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	329	490	↑	466	↑		464	↑		446			435
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	366	454	↑	454	↑	↑	424	↑	↑	444	↑	↑	384
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	452	462	↑	415	↑		399			409	↑	↑	380
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	344	451	↑	442	↑		419	↑		433	↑	↑	399
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	436	396	↑	383	↑	↑	366	↑	↑	374	↑	↑	324
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	380	442	↑	409	↑		377	↑		379	↑	↑	341
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	368	455	↑	415	↑		360			376	↑		352
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	435	498	↑	504	↑		493			500			487
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	409	489	↑	448	↑		435	↑		431			425
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	265	497	↑	475	↑		417		↓	456			452
1-B-86 *(Beate, Golf, Klaxon)	381	411	↑	441	↑	↑	380	↑		386	↑	↑	352
2-B-20 *(Aura, Beate, Dorett)	363	469	↑	448	↑		439	↑		432	↑		406
42-6 *(Berolina, Harry, Lerche)	299	483	↑	443	↑		408	↑		436	↑		411
42-8 *(Arena, Golf, Klaxon)	-	434	n.b.	400	n.b.		389	n.b.		392	n.b.	↑	358
41923 *(Arena, Berolina, Golf)	483	459	↑	443	↑	↑	428	↑	↑	417	↑	↑	362
41925 *(Arena, Berolina, Lerche)	571	479		456			434			455	↑	↑	426
41929 *(Aura, Beate, Klaxon)	355	455	↑	423	↑		431	↑	↑	435	↑	↑	384
41936 *(Apex, Harry, Lerche)	434	497	↑	467			437		↓	446			456
gesamtes Faktoriell Ø	396	467	↑	445	↑		421			428			403

↑↓=Abweichungen der Mittelwerte von der theoretischen Erwartung t bzw. m fallen unter Heranziehung der Grenzdifferenz (GD=19,69) für den paarweisen Vergleich von Mittelwerten aus dem Tukey Test der Kultureltern bei p=0,05 signifikant aus.

Tab. A28: Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **gesamte Wachstumsdauer** für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen *per se* und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur - und Wildeltern <i>inter se</i>	Wildeltern	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄		Kultureltern
		t	m	t	m	t	m	t	m	
Apex * 101-23	1495	1199	↓	1205	↓	1208	↓	1206	↓	1206
Apex * 1-B-30	1508	1218	↓	1211	↓	1244	↑ ↑	1201	↓	1206
Apex * 41936	1360	1201	↓	1211	↓ ↑	1212		1207		1206
Arena * 42-8	1448	1214	↓	1216	↓ ↑	1209	↓	1204	↓	1204
Arena * 41923	1237	1223	↑	1212		1214	↑	1218	↑ ↑	1204
Arena * 41925	1217	1213		1204		1212		1206		1204
Aura * 1-B-30	1508	1193	↓	1188	↓ ↓	1196	↓	1190	↓	1197
Aura * 2-B-20	1428	1200	↓	1199	↓	1188	↓ ↓	1196	↓	1197
Aura * 41929	1397	1201	↓	1195	↓	1195	↓	1201		1197
Beate * 1-B-86	1511	1207	↓	1206	↓	1216	↓ ↑	1209	↓	1210
Beate * 2-B-20	1428	1201	↓	1203	↓	1212	↓	1214		1210
Beate * 41929	1397	1215	↓	1215	↓	1215		1207	↓	1210
Berolina * 42-6	1448	1217	↓	1214	↓	1209	↓	1208	↓	1207
Berolina * 41923	1237	1230	↑	1208	↓	1214		1202		1207
Berolina * 41925	1217	1228	↑	1214		1210		1214	↑	1207
Dorett * 101-23	1495	1210	↓	1223	↓ ↑	1209	↓	1207	↓	1208
Dorett * 1-B-30	1508	1228	↓	1222	↓	1219	↓	1215		1208
Dorett * 2-B-20	1428	1201	↓	1221	↓ ↑	1204	↓	1202	↓	1208
Golf * 1-B-86	1511	1207	↓	1201	↓	1207	↓	1205		1200
Golf * 42-8	1448	1233	↓	1201	↓ ↓	1206	↓	1203		1200
Golf * 41923	1237	1234	↑	1198	↓	1204		1206		1200
Harry * 101-23	1495	1215	↓	1210	↓	1252	↑ ↑	1214	↑	1206
Harry * 42-6	1448	1199	↓	1202	↓	1206	↓	1204	↓	1206
Harry * 41936	1360	1213	↓	1237	↑ ↑	1217	↑	1210		1206
Klaxon * 1-B-86	1511	1212	↓	1208	↓	1214	↓ ↑	1203	↓	1208
Klaxon * 42-8	1448	1194	↓	1205	↓	1210	↓	1206	↓	1208
Klaxon * 41929	1397	1203	↓	1215	↓ ↑	1209	↓	1211		1208
Lerche * 42-6	1448	1206	↓	1202	↓	1206	↑	1193	↓	1197
Lerche * 41925	1217	1203		1209	↑ ↑	1195		1198		1197
Lerche * 41936	1360	1191	↓	1186	↓ ↓	1191	↓	1197		1197
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	1454	1206	↓	1209	↓	1217	↑	1204	↓	1206
Arena * (42-8, 41923, 41925)	1299	1217	↓	1210	↓	1212		1209		1204
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	1443	1198	↓	1194	↓	1193	↓	1196	↓	1197
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	1445	1208	↓	1208	↓	1214	↓	1210	↓	1210
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	1301	1224		1213	↓	1211		1209		1207
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	1473	1215	↓	1222	↓	1210	↓	1209	↓	1208
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	1392	1224	↓	1200	↓ ↑	1206		1205		1200
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	1435	1208	↓	1215	↓ ↓	1220		1210		1206
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	1452	1203	↓	1210	↓ ↑	1211	↓ ↑	1207	↓	1208
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	1340	1200	↓	1199	↓	1195	↓	1196		1197
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	1495	1207	↓	1210	↓	1218	↓ ↑	1209	↓	1207
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	1508	1213	↓	1207	↓	1212	↓ ↑	1203	↓	1204
1-B-86 *(Beate, Golf, Klaxon)	1511	1208	↓	1205	↓	1212	↓	1206	↓	1206
2-B-20 *(Aura, Beate, Dorett)	1428	1201	↓	1208	↓ ↑	1201	↓	1204	↓	1205
42-6 *(Berolina, Harry, Lerche)	1448	1207	↓	1206	↓	1207	↓	1201	↓	1203
42-8 *(Arena, Golf, Klaxon)	1448	1215	↓	1207	↓	1208	↓	1204	↓	1204
41923 *(Arena, Berolina, Golf)	1237	1228	↑	1207	↓	1210		1209		1203
41925 *(Arena, Berolina, Lerche)	1217	1214	↑	1209		1204		1206		1203
41929 *(Aura, Beate, Klaxon)	1397	1206	↓	1209	↓	1205	↓	1207		1206
41936 *(Apex, Harry, Lerche)	1360	1201	↓	1209	↓ ↑	1206	↓	1205		1204
gesamtes Faktoriell Ø	1403	1210	↓	1208	↓	1208	↓	1205		1205

↑↓=Abweichungen der Mittelwerte von der theoretischen Erwartung t bzw. m fallen unter Heranziehung der Grenzdifferenz (GD=6,29) für den paarweisen Vergleich von Mittelwerten aus dem Tukey Test der Kultureltern bei p=0,05 signifikant aus.

Tab. A29: Mittelwerte der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Wachstumsrate bis zur Ernte** für einzelne Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und das gesamte unvollständige Faktoriell im Vergleich zu den mittleren Elternleistungen *per se* und zur theoretischen Erwartung bezogen auf die Eltern (t) bzw. auf die BC₁ (m), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur - und Wildeltern <i>inter se</i>	Wildeltern	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄		Kulturelter
		t	m	t	m	t	m	t	m	
Apex * 101-23	0,0063	0,0081	0,0081			0,0088		0,0086		0,0084
Apex * 1-B-30	0,0059	0,0074	0,0086			0,0082		0,0089		0,0084
Apex * 41936	0,0069	0,0082	0,0081			0,0080		0,0085		0,0084
Arena * 42-8	0,0058	0,0075	0,0060	↓ ↓		0,0086	↑	0,0078		0,0077
Arena * 41923	0,0091	0,0072	0,0085		↑	0,0087	↑ ↑	0,0081		0,0077
Arena * 41925	0,0070	0,0073	0,0071			0,0074		0,0078		0,0077
Aura * 1-B-30	0,0059	0,0081	0,0084			0,0087		0,0096		0,0088
Aura * 2-B-20	0,0065	0,0083	0,0089			0,0092		0,0093		0,0088
Aura * 41929	0,0075	0,0090	0,0089			0,0092		0,0089		0,0088
Beate * 1-B-86	0,0064	0,0072	0,0089		↑	0,0091		0,0092		0,0084
Beate * 2-B-20	0,0065	0,0079	0,0103		↑ ↑	0,0084		0,0088		0,0084
Beate * 41929	0,0075	0,0080	0,0092			0,0101	↑ ↑	0,0089		0,0084
Berolina * 42-6	0,0059	0,0080	0,0085			0,0080		0,0095	↑ ↑	0,0081
Berolina * 41923	0,0091	0,0079	0,0082			0,0075		0,0095	↑ ↑	0,0081
Berolina * 41925	0,0070	0,0073	0,0090		↑ ↑	0,0079		0,0083		0,0081
Dorett * 101-23	0,0063	0,0077	0,0080			0,0087		0,0080		0,0079
Dorett * 1-B-30	0,0059	0,0082	0,0071			0,0077		0,0081		0,0079
Dorett * 2-B-20	0,0065	0,0072	0,0069			0,0083		0,0081		0,0079
Golf * 1-B-86	0,0064	0,0091	↑ 0,0084			0,0087		0,0077		0,0085
Golf * 42-8	0,0058	0,0082	0,0092			0,0087		0,0087		0,0085
Golf * 41923	0,0091	0,0095	↑ 0,0093			0,0091		0,0094		0,0085
Harry * 101-23	0,0063	0,0084	0,0089			0,0094		0,0083		0,0092
Harry * 42-6	0,0059	0,0083	0,0093			0,0099		0,0085		0,0092
Harry * 41936	0,0069	0,0091	0,0093			0,0096		0,0104	↑ ↑	0,0092
Klaxon * 1-B-86	0,0064	0,0090	0,0097		↑	0,0101	↑ ↑	0,0093		0,0086
Klaxon * 42-8	0,0058	0,0085	0,0090			0,0093		0,0087		0,0086
Klaxon * 41929	0,0075	0,0087	0,0085			0,0089		0,0085		0,0086
Lerche * 42-6	0,0059	0,0084	0,0089			0,0090		0,0082		0,0087
Lerche * 41925	0,0070	0,0077	0,0084			0,0084		0,0083		0,0087
Lerche * 41936	0,0069	0,0083	0,0075		↓ ↓	0,0082		0,0091		0,0087
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	0,0064	0,0079	0,0083			0,0082		0,0087		0,0084
Arena * (42-8, 41923, 41925)	0,0073	0,0073	0,0072			0,0082		0,0079		0,0077
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	0,0067	0,0084	0,0087			0,0090		0,0093		0,0088
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	0,0068	0,0076	0,0093		↑	0,0091		0,0090		0,0084
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	0,0073	0,0077	0,0086			0,0078		0,0090		0,0081
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	0,0062	0,0077	0,0072			0,0083		0,0081		0,0079
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	0,0072	0,0088	0,0089			0,0088		0,0086		0,0085
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	0,0064	0,0086	0,0092			0,0097		0,0091		0,0092
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	0,0066	0,0087	0,0090			0,0093		0,0088		0,0086
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	0,0066	0,0081	0,0082			0,0084		0,0085		0,0087
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	0,0063	0,0082	0,0084			0,0089		0,0083		0,0085
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	0,0059	0,0079	0,0081			0,0083		0,0088		0,0083
1-B-86 *(Beate, Golf, Klaxon)	0,0064	0,0084	0,0090			0,0092		0,0087		0,0085
2-B-20 *(Aura, Beate, Dorett)	0,0065	0,0078	0,0085			0,0087		0,0088		0,0084
42-6 *(Berolina, Harry, Lerche)	0,0059	0,0082	0,0089			0,0088		0,0086		0,0087
42-8 *(Arena, Golf, Klaxon)	0,0058	0,0081	0,0081			0,0088		0,0084		0,0083
41923 *(Arena, Berolina, Golf)	0,0091	0,0080	0,0086			0,0085		0,0090		0,0082
41925 *(Arena, Berolina, Lerche)	0,0070	0,0074	0,0081			0,0079		0,0081		0,0082
41929 *(Aura, Beate, Klaxon)	0,0075	0,0085	0,0088			0,0093		0,0088		0,0086
41936 *(Apex, Harry, Lerche)	0,0069	0,0085	0,0082			0,0086		0,0093		0,0087
gesamtes Faktoriell Ø	0,0067	0,0081	0,0085			0,0087		0,0087		0,0084

↑↓=Abweichungen der Mittelwerte von der theoretischen Erwartung t bzw. m fallen unter Heranziehung der Grenzdifferenz (GD=0,001) für den paarweisen Vergleich von Mittelwerten aus dem Tukey Test der Kultureltern bei p=0,05 signifikant aus.

Tab. A30: Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Karyopsenertrag** innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur - bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC₁, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur- und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	emp	the	emp	the	emp	the	emp	the
Apex * 101-23	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Apex * 1-B-30	0,01		0,00	0,00	0,00	0,00	0,24	0,00
Apex * 41936	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Arena * 42-8	0,57		0,00	0,35	0,19	0,18	0,22	0,09
Arena * 41923	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,97	0,00
Arena * 41925	0,54		0,00	0,34	0,00	0,17	0,00	0,08
Aura * 1-B-30	0,18		0,00	0,11	0,00	0,06	1,30	0,03
Aura * 2-B-20	1,37		0,00	0,84	0,00	0,45	0,56	0,22
Aura * 41929	0,00		0,64	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Beate * 1-B-86	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Beate * 2-B-20	0,65		0,00	0,37	1,11	0,21	0,00	0,10
Beate * 41929	0,00		3,01	0,00	0,10	0,00	1,79	0,00
Berolina * 42-6	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Berolina * 41923	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,64	0,00
Berolina * 41925	0,30		0,00	0,18	0,18	0,09	0,00	0,05
Dorett * 101-23	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Dorett * 1-B-30	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,78	0,00
Dorett * 2-B-20	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Golf * 1-B-86	0,00		0,88	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Golf * 42-8	0,84		1,49	0,52	0,00	0,27	0,00	0,13
Golf * 41923	3,03		0,00	1,76	1,41	0,99	0,05	0,48
Harry * 101-23	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Harry * 42-6	0,04		0,00	0,02	0,00	0,01	0,00	0,01
Harry * 41936	0,00		1,34	0,00	0,95	0,00	1,78	0,00
Klaxon * 1-B-86	0,19		0,00	0,12	5,98	0,06	0,24	0,03
Klaxon * 42-8	0,00		0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
Klaxon * 41929	0,94		0,48	0,57	0,00	0,30	0,00	0,15
Lerche * 42-6	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Lerche * 41925	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Lerche * 41936	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,08	0,00
Arena * (42-8, 41923, 41925)	0,37		0,00	0,23	0,06	0,12	0,40	0,06
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	0,52		0,21	0,32	0,00	0,17	0,62	0,08
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	0,22		1,00	0,12	0,40	0,07	0,60	0,03
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	0,10		0,00	0,06	0,06	0,03	0,21	0,02
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,26	0,00
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	1,29		0,79	0,76	0,47	0,42	0,02	0,21
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	0,01		0,45	0,01	0,32	0,00	0,59	0,00
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	0,38		0,16	0,23	2,00	0,12	0,08	0,06
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	0,06		0,00	0,04	0,00	0,02	0,77	0,01
1-B-86 * (Beate, Golf, Klaxon)	0,06		0,29	0,04	1,99	0,02	0,08	0,01
2-B-20 * (Aura, Beate, Dorett)	0,67		0,00	0,40	0,37	0,22	0,19	0,11
42-6 * (Berolina, Harry, Lerche)	0,01		0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00
42-8 * (Arena, Golf, Klaxon)	0,47		0,50	0,29	0,07	0,15	0,07	0,07
41923 * (Arena, Berolina, Golf)	1,01		0,00	0,59	0,47	0,33	0,55	0,16
41925 * (Arena, Berolina, Lerche)	0,28		0,00	0,17	0,06	0,09	0,00	0,04
41929 * (Aura, Beate, Klaxon)	0,31		1,38	0,19	0,03	0,10	0,60	0,05
41936 * (Apex, Harry, Lerche)	0,00		0,45	0,00	0,32	0,00	0,59	0,00
gesamtes Faktoriell Ø	0,29		0,26	0,17	0,33	0,09	0,29	0,05

Tab. A31: Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Tausendkorn-**
masse innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner
Kultur - bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur
theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC₁, basierend auf zweijährigen
Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur- und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	emp	the	emp	the	emp	the	emp	the
Apex * 101-23	0,00		4,40	0,00	0,00	0,00	11,54	0,00
Apex * 1-B-30	38,43		9,13	23,62	0,00	8,84	5,02	6,08
Apex * 41936	0,00		0,00	0,00	5,61	0,00	12,41	0,00
Arena * 42-8	15,38		14,47	9,48	4,63	4,75	2,94	2,36
Arena * 41923	15,40		33,08	9,50	1,37	4,96	14,31	2,18
Arena * 41925	15,33		37,04	9,46	0,00	4,78	5,20	2,32
Aura * 1-B-30	0,00		14,69	0,00	8,66	0,00	0,00	0,00
Aura * 2-B-20	3,88		0,00	2,38	8,11	1,28	0,00	0,62
Aura * 41929	1,34		0,05	0,81	0,00	0,44	0,00	0,19
Beate * 1-B-86	10,78		6,30	6,63	4,38	3,24	1,48	1,67
Beate *2-B-20	16,66		7,37	9,50	35,36	5,46	0,00	2,66
Beate * 41929	7,99		4,70	4,83	3,85	2,56	3,56	1,28
Berolina * 42-6	36,60		31,50	22,44	5,66	12,06	1,30	4,67
Berolina * 41923	43,79		15,44	26,08	30,37	13,83	3,81	5,81
Berolina * 41925	31,87		13,56	19,37	11,12	9,89	2,24	5,09
Dorett * 101-23	30,01		13,74	16,40	0,00	10,04	2,44	4,87
Dorett * 1-B-30	11,09		13,34	6,83	33,04	3,37	7,43	1,78
Dorett * 2-B-20	31,34		19,90	19,01	8,97	9,56	1,79	4,38
Golf * 1-B-86	5,70		0,00	3,49	0,00	1,88	3,20	0,91
Golf * 42-8	36,33		0,00	22,42	0,00	11,80	0,82	5,82
Golf * 41923	31,63		0,00	18,40	0,00	10,35	0,44	5,05
Harry * 101-23	61,48		17,44	37,35	0,00	11,79	7,75	9,41
Harry * 42-6	31,98		17,92	19,69	5,70	9,90	15,75	4,71
Harry * 41936	7,35		74,37	4,43	33,01	2,39	0,00	1,13
Klaxon * 1-B-86	0,00		7,63	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Klaxon * 42-8	0,00		0,43	0,00	1,18	0,00	8,12	0,00
Klaxon * 41929	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Lerche * 42-6	1,11		0,00	0,68	0,00	0,29	10,32	0,17
Lerche * 41925	6,09		10,03	3,74	0,00	2,01	0,00	0,97
Lerche * 41936	13,20		5,50	8,22	13,14	4,38	0,00	2,09
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	12,81		4,51	7,87	1,87	2,95	9,66	2,03
Arena * (42-8, 41923, 41925)	15,37		28,20	9,48	2,00	4,83	7,48	2,29
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	1,74		4,92	1,06	5,59	0,57	0,00	0,27
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	11,81		6,13	6,99	14,53	3,75	1,68	1,87
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	37,42		20,17	22,63	15,72	11,93	2,45	5,19
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	24,15		15,66	14,08	14,00	7,65	3,89	3,68
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	24,55		0,00	14,77	0,00	8,01	1,49	3,93
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	33,60		36,58	20,49	12,90	8,03	7,84	5,08
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	0,00		2,69	0,00	0,39	0,00	2,71	0,00
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	6,80		5,18	4,21	4,38	2,23	3,44	1,08
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	30,49		11,86	17,91	0,00	7,28	7,25	4,76
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	16,51		12,39	10,15	13,90	4,07	4,15	2,62
1-B-86 *(Beate, Golf, Klaxon)	5,49		4,65	3,37	1,46	1,71	1,56	0,86
2-B-20 *(Aura, Beate, Dorett)	17,29		9,09	10,30	17,48	5,43	0,60	2,55
42-6 *(Berolina, Harry, Lerche)	23,23		16,47	14,27	3,78	7,42	9,12	3,19
42-8 *(Arena, Golf, Klaxon)	17,24		4,97	10,63	1,94	5,52	3,96	2,73
41923 *(Arena, Berolina, Golf)	30,27		16,17	17,99	10,58	9,72	6,19	4,35
41925 *(Arena, Berolina, Lerche)	17,77		20,21	10,85	3,71	5,56	2,48	2,79
41929 *(Aura, Beate, Klaxon)	3,11		1,59	1,88	1,28	1,00	1,19	0,49
41936 *(Apex, Harry, Lerche)	6,85		26,62	4,22	17,25	2,26	4,14	1,07
gesamtes Faktoriell Ø	16,83		12,40	10,16	7,14	4,99	4,06	2,54

Tab. A32: Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Ähren je Pflanze** innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC₁, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur- und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	emp	the	emp	the	emp	the	emp	the
Apex * 101-23	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Apex * 1-B-30	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,29	0,00
Apex * 41936	0,19		0,00	0,12	0,00	0,06	0,00	0,03
Arena * 42-8	0,41		0,36	0,25	3,69	0,13	1,78	0,06
Arena * 41923	0,00		1,43	0,00	1,04	0,00	0,64	0,00
Arena * 41925	1,01		0,00	0,62	3,53	0,31	0,50	0,15
Aura * 1-B-30	1,66		0,00	1,02	0,00	0,54	0,00	0,23
Aura * 2-B-20	1,40		0,00	0,86	0,06	0,46	0,00	0,22
Aura * 41929	0,00		0,20	0,00	0,00	0,00	0,60	0,00
Beate * 1-B-86	1,04		1,34	0,64	0,62	0,31	0,00	0,16
Beate * 2-B-20	1,14		0,70	0,65	3,36	0,37	1,12	0,18
Beate * 41929	0,00		6,90	0,00	3,18	0,00	2,23	0,00
Berolina * 42-6	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,96	0,00
Berolina * 41923	3,45		0,00	2,06	0,38	1,09	0,02	0,46
Berolina * 41925	0,63		0,00	0,39	1,37	0,20	0,00	0,10
Dorett * 101-23	0,00		0,00	0,00	0,04	0,00	0,00	0,00
Dorett * 1-B-30	1,34		0,75	0,83	0,00	0,41	1,70	0,22
Dorett * 2-B-20	1,68		0,00	1,02	1,16	0,51	0,00	0,23
Golf * 1-B-86	0,05		3,66	0,03	0,00	0,02	0,00	0,01
Golf * 42-8	0,04		0,96	0,02	0,00	0,01	0,00	0,01
Golf * 41923	5,13		1,58	2,99	0,94	1,68	0,32	0,82
Harry * 101-23	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Harry * 42-6	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Harry * 41936	0,00		0,00	0,00	0,43	0,00	0,00	0,00
Klaxon * 1-B-86	0,14		0,68	0,08	6,73	0,04	0,79	0,02
Klaxon * 42-8	0,35		0,71	0,21	0,51	0,09	0,00	0,06
Klaxon * 41929	0,63		0,00	0,39	0,09	0,20	0,00	0,10
Lerche * 42-6	0,00		0,74	0,00	0,00	0,00	0,20	0,00
Lerche * 41925	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,17	0,00
Lerche * 41936	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,17	0,00
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	0,06		0,00	0,04	0,00	0,02	0,10	0,01
Arena * (42-8, 41923, 41925)	0,47		0,60	0,29	2,75	0,15	0,97	0,07
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	1,02		0,07	0,63	0,02	0,33	0,20	0,15
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	0,73		2,98	0,43	2,39	0,23	1,12	0,11
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	1,36		0,00	0,81	0,58	0,43	0,32	0,19
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	1,01		0,25	0,62	0,40	0,31	0,57	0,15
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	1,74		2,07	1,01	0,31	0,57	0,11	0,28
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	0,00		0,00	0,00	0,14	0,00	0,00	0,00
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	0,37		0,46	0,23	2,45	0,11	0,26	0,06
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	0,00		0,25	0,00	0,00	0,00	0,18	0,00
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	0,00		0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	1,00		0,25	0,62	0,00	0,32	0,66	0,15
1-B-86 * (Beate, Golf, Klaxon)	0,41		1,89	0,25	2,45	0,12	0,26	0,06
2-B-20 * (Aura, Beate, Dorett)	1,41		0,23	0,84	1,53	0,45	0,37	0,21
42-6 * (Berolina, Harry, Lerche)	0,00		0,25	0,00	0,00	0,00	0,39	0,00
42-8 * (Arena, Golf, Klaxon)	0,27		0,68	0,16	1,40	0,08	0,59	0,04
41923 * (Arena, Berolina, Golf)	2,86		1,01	1,68	0,79	0,92	0,32	0,43
41925 * (Arena, Berolina, Lerche)	0,55		0,00	0,34	1,63	0,17	0,22	0,08
41929 * (Aura, Beate, Klaxon)	0,21		2,37	0,13	1,09	0,07	0,94	0,03
41936 * (Apex, Harry, Lerche)	0,06		0,00	0,04	0,14	0,02	0,06	0,01
gesamtes Faktoriell Ø	0,68		0,67	0,41	0,90	0,21	0,38	0,10

Tab. A33: Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Karyopsen je Pflanze** innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC₁, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur- und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	emp	the	emp	the	emp	the	emp	the
Apex * 101-23	0		0	0	0	0	0	0
Apex * 1-B-30	0		0	0	0	0	303	0
Apex * 41936	0		0	0	0	0	0	0
Arena * 42-8	302		0	186	334	93	801	46
Arena * 41923	0		0	0	892	0	981	0
Arena * 41925	178		0	110	580	56	0	27
Aura * 1-B-30	190		0	116	0	62	649	27
Aura * 2-B-20	694		0	425	0	228	394	111
Aura * 41929	0		390	0	0	0	0	0
Beate * 1-B-86	0		0	0	0	0	0	0
Beate * 2-B-20	439		0	250	555	144	0	70
Beate * 41929	0		1477	0	450	0	729	0
Berolina * 42-6	0		0	0	0	0	0	0
Berolina * 41923	153		0	91	0	48	471	20
Berolina * 41925	0		0	0	95	0	0	0
Dorett * 101-23	48		0	26	0	16	0	8
Dorett * 1-B-30	159		0	98	193	48	604	25
Dorett * 2-B-20	104		0	63	0	32	0	15
Golf * 1-B-86	0		168	0	0	0	0	0
Golf * 42-8	34		671	21	0	11	0	5
Golf * 41923	985		0	573	514	322	0	157
Harry * 101-23	0		0	0	30	0	0	0
Harry * 42-6	0		0	0	0	0	0	0
Harry * 41936	0		0	0	8	0	0	0
Klaxon * 1-B-86	0		150	0	3305	0	385	0
Klaxon * 42-8	86		0	52	390	23	0	14
Klaxon * 41929	808		370	496	0	260	0	129
Lerche * 42-6	0		0	0	0	0	0	0
Lerche * 41925	0		64	0	0	0	0	0
Lerche * 41936	0		67	0	0	0	107	0
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	0		0	0,00	0	0,00	101	0,00
Arena * (42-8, 41923, 41925)	160		0	98,67	602	49,60	594	24,44
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	294		130	180	0	97	348	46
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	146		492	83	335	48	243	23
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	51		0	30	32	16	157	7
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	103		0	62	64	32	201	16
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	340		280	198	171	111	0	54
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	0		0	0	13	0	0	0
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	298		174	183	1231	94	128	48
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	0		44	0	0	0	36	0
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	16		0	9	10	5	0	3
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	116		0	71	64	37	519	17
1-B-86 *(Beate, Golf, Klaxon)	0		106	0	1102	0	128	0
2-B-20 *(Aura, Beate, Dorett)	412		0	246	185	135	131	65
42-6 *(Berolina, Harry, Lerche)	0		0	0	0	0	0	0
42-8 *(Arena, Golf, Klaxon)	141		224	86	241	43	267	22
41923 *(Arena, Berolina, Golf)	379		0	221	469	124	484	59
41925 *(Arena, Berolina, Lerche)	59		21	37	225	19	0	9
41929 *(Aura, Beate, Klaxon)	269		746	165	150	87	243	43
41936 *(Apex, Harry, Lerche)	0		22	0	3	0	36	0
gesamtes Faktoriell Ø	139		112	84	245	45	181	22

Tab. A34: Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Karyopsen je Ähre** innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC₁, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur- und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	emp	the	emp	the	emp	the	emp	the
Apex * 101-23	5,02		0,98	3,06	10,13	1,35	1,76	0,80
Apex * 1-B-30	13,75		9,88	8,45	3,72	3,16	14,31	2,18
Apex * 41936	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Arena * 42-8	8,16		11,46	5,03	9,80	2,52	13,73	1,25
Arena * 41923	6,33		3,82	3,91	3,38	2,04	2,14	0,90
Arena * 41925	13,77		0,00	8,50	0,00	4,30	0,00	2,08
Aura * 1-B-30	15,94		13,65	9,75	0,00	5,19	0,00	2,25
Aura * 2-B-20	10,83		1,84	6,64	4,56	3,57	4,67	1,73
Aura * 41929	3,90		8,74	2,35	5,14	1,29	8,35	0,55
Beate * 1-B-86	7,11		10,31	4,38	9,87	2,14	0,00	1,11
Beate * 2-B-20	31,40		0,00	17,91	33,45	10,29	0,90	5,01
Beate * 41929	0,00		14,09	0,00	15,03	0,00	1,40	0,00
Berolina * 42-6	0,92		10,14	0,56	1,56	0,30	0,00	0,12
Berolina * 41923	8,92		9,92	5,31	1,85	2,82	4,66	1,18
Berolina * 41925	15,96		0,41	9,69	0,00	4,95	0,00	2,55
Dorett * 101-23	36,14		10,33	19,75	0,32	12,09	0,00	5,87
Dorett * 1-B-30	4,86		3,56	2,99	3,33	1,48	13,45	0,78
Dorett * 2-B-20	6,69		1,49	4,05	0,00	2,04	0,00	0,93
Golf * 1-B-86	8,69		1,43	5,32	13,41	2,87	9,44	1,39
Golf * 42-8	15,79		0,00	9,75	3,39	5,13	0,00	2,53
Golf * 41923	11,14		1,55	6,48	9,14	3,65	7,38	1,78
Harry * 101-23	11,55		4,60	7,02	0,00	2,22	0,00	1,77
Harry * 42-6	9,51		0,31	5,86	33,38	2,94	9,39	1,40
Harry * 41936	1,08		33,75	0,65	18,41	0,35	0,00	0,16
Klaxon * 1-B-86	5,31		3,78	3,20	4,41	1,61	4,86	0,85
Klaxon * 42-8	13,19		0,00	8,00	3,06	3,56	0,00	2,12
Klaxon * 41929	14,96		13,91	9,18	0,00	4,81	16,82	2,39
Lerche * 42-6	6,38		0,00	3,89	0,00	1,68	12,47	1,00
Lerche * 41925	3,47		6,17	2,13	0,54	1,14	2,00	0,55
Lerche * 41936	4,98		16,04	3,10	38,00	1,65	5,04	0,79
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	6,26		3,62	3,84	4,62	1,50	5,36	0,99
Arena * (42-8, 41923, 41925)	9,42		5,09	5,81	4,39	2,95	5,29	1,41
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	10,22		8,08	6,24	3,23	3,35	4,34	1,51
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	12,84		8,13	7,43	19,45	4,14	0,77	2,04
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	8,60		6,82	5,19	1,14	2,69	1,55	1,28
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	15,90		5,13	8,93	1,22	5,20	4,48	2,53
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	11,88		0,99	7,19	8,65	3,88	5,61	1,90
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	7,38		12,89	4,51	17,26	1,84	3,13	1,11
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	11,15		5,90	6,79	2,49	3,33	7,23	1,79
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	4,94		7,40	3,04	12,85	1,49	6,50	0,78
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	17,57		5,31	9,94	3,48	5,22	0,59	2,81
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	11,52		9,03	7,06	2,35	3,28	9,25	1,74
1-B-86 * (Beate, Golf, Klaxon)	7,04		5,18	4,30	9,23	2,20	4,77	1,12
2-B-20 * (Aura, Beate, Dorett)	16,31		1,11	9,53	12,67	5,30	1,86	2,56
42-6 * (Berolina, Harry, Lerche)	5,60		3,48	3,44	11,65	1,64	7,29	0,84
42-8 * (Arena, Golf, Klaxon)	12,38		3,82	7,59	5,42	3,74	4,58	1,97
41923 * (Arena, Berolina, Golf)	8,80		5,09	5,23	4,79	2,83	4,73	1,29
41925 * (Arena, Berolina, Lerche)	11,07		2,19	6,77	0,18	3,46	0,67	1,73
41929 * (Aura, Beate, Klaxon)	6,28		12,25	3,84	6,72	2,03	8,86	0,98
41936 * (Apex, Harry, Lerche)	2,02		16,60	1,25	18,80	0,67	1,68	0,32
gesamtes Faktoriell Ø	9,86		6,41	5,90	7,53	3,04	4,43	1,53

Tab. A35: Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Stroh** innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC₁, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur- und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	emp	the	emp	the	emp	the	emp	the
Apex * 101-23	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Apex * 1-B-30	1,63		1,08	1,00	3,39	0,38	1,13	0,26
Apex * 41936	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Arena * 42-8	0,83		0,31	0,51	0,05	0,26	2,69	0,13
Arena * 41923	0,89		0,10	0,55	1,40	0,29	0,75	0,13
Arena * 41925	0,00		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Aura * 1-B-30	3,36		3,66	2,05	0,00	1,09	2,00	0,47
Aura * 2-B-20	4,40		1,15	2,70	0,33	1,45	0,47	0,70
Aura * 41929	3,37		0,67	2,03	1,94	1,11	1,46	0,48
Beate * 1-B-86	0,00		1,61	0,00	1,98	0,00	0,05	0,00
Beate * 2-B-20	0,94		3,39	0,54	3,98	0,31	0,94	0,15
Beate * 41929	0,66		16,78	0,40	1,44	0,21	1,36	0,11
Berolina * 42-6	3,69		0,10	2,26	0,00	1,21	0,78	0,47
Berolina * 41923	6,04		0,00	3,60	0,00	1,91	0,00	0,80
Berolina * 41925	1,64		1,58	0,99	1,45	0,51	1,51	0,26
Dorett * 101-23	1,37		1,64	0,75	0,00	0,46	0,00	0,22
Dorett * 1-B-30	3,17		0,00	1,95	0,00	0,96	0,91	0,51
Dorett * 2-B-20	1,89		1,04	1,15	0,00	0,58	0,00	0,26
Golf * 1-B-86	0,00		1,81	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Golf * 42-8	1,98		3,46	1,22	0,17	0,64	0,00	0,32
Golf * 41923	5,35		0,00	3,11	0,54	1,75	0,80	0,85
Harry * 101-23	1,38		0,02	0,84	3,49	0,26	0,00	0,21
Harry * 42-6	3,75		3,63	2,31	0,00	1,16	0,54	0,55
Harry * 41936	0,37		3,59	0,22	3,87	0,12	2,85	0,06
Klaxon * 1-B-86	3,14		3,74	1,89	8,35	0,95	1,17	0,50
Klaxon * 42-8	0,00		0,11	0,00	0,39	0,00	0,20	0,00
Klaxon * 41929	7,53		0,00	4,62	0,70	2,42	0,00	1,20
Lerche * 42-6	0,40		0,11	0,24	0,00	0,10	0,00	0,06
Lerche * 41925	0,00		0,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Lerche * 41936	0,69		0,00	0,43	0,00	0,23	1,38	0,11
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	0,54		0,36	0,33	1,13	0,13	0,38	0,09
Arena * (42-8, 41923, 41925)	0,57		0,14	0,35	0,48	0,18	1,15	0,08
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	3,71		1,82	2,26	0,76	1,22	1,31	0,55
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	0,53		7,26	0,31	2,47	0,17	0,79	0,09
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	3,79		0,56	2,28	0,48	1,21	0,76	0,51
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	2,14		0,89	1,28	0,00	0,67	0,30	0,33
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	2,44		1,76	1,44	0,24	0,80	0,27	0,39
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	1,83		2,41	1,12	2,46	0,52	1,13	0,27
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	3,56		1,28	2,17	3,15	1,12	0,46	0,57
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	0,36		0,22	0,22	0,00	0,11	0,46	0,06
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	0,92		0,55	0,53	1,16	0,24	0,00	0,14
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	2,72		1,58	1,67	1,13	0,81	1,34	0,41
1-B-86 * (Beate, Golf, Klaxon)	1,05		2,39	0,63	3,44	0,32	0,41	0,17
2-B-20 * (Aura, Beate, Dorett)	2,41		1,86	1,46	1,44	0,78	0,47	0,37
42-6 * (Berolina, Harry, Lerche)	2,61		1,28	1,60	0,00	0,83	0,44	0,36
42-8 * (Arena, Golf, Klaxon)	0,94		1,30	0,58	0,20	0,30	0,96	0,15
41923 * (Arena, Berolina, Golf)	4,09		0,03	2,42	0,65	1,31	0,52	0,59
41925 * (Arena, Berolina, Lerche)	0,55		0,71	0,33	0,49	0,17	0,50	0,09
41929 * (Aura, Beate, Klaxon)	3,85		5,82	2,35	1,36	1,25	0,94	0,59
41936 * (Apex, Harry, Lerche)	0,35		1,20	0,22	1,29	0,12	1,41	0,06
gesamtes Faktoriell Ø	1,95		1,67	1,18	1,12	0,61	0,70	0,29

Tab. A36: Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Ernteindex** innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC₁, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur- und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	emp	the	emp	the	emp	the	emp	the
Apex * 101-23	0,0020		0,0009	0,0012	0,0000	0,0005	0,0018	0,0003
Apex * 1-B-30	0,0160		0,0064	0,0098	0,0043	0,0037	0,0000	0,0025
Apex * 41936	0,0019		0,0000	0,0012	0,0011	0,0006	0,0006	0,0003
Arena * 42-8	0,0037		0,0048	0,0023	0,0034	0,0011	0,0019	0,0006
Arena * 41923	0,0072		0,0036	0,0044	0,0018	0,0023	0,0014	0,0010
Arena * 41925	0,0054		0,0005	0,0033	0,0035	0,0017	0,0000	0,0008
Aura * 1-B-30	0,0034		0,0001	0,0020	0,0000	0,0011	0,0000	0,0005
Aura * 2-B-20	0,0044		0,0004	0,0027	0,0000	0,0015	0,0000	0,0007
Aura * 41929	0,0031		0,0050	0,0019	0,0010	0,0010	0,0000	0,0004
Beate * 1-B-86	0,0042		0,0030	0,0026	0,0031	0,0013	0,0010	0,0006
Beate * 2-B-20	0,0115		0,0001	0,0066	0,0038	0,0038	0,0012	0,0018
Beate * 41929	0,0009		0,0031	0,0006	0,0001	0,0003	0,0000	0,0001
Berolina * 42-6	0,0078		0,0038	0,0048	0,0034	0,0026	0,0000	0,0010
Berolina * 41923	0,0069		0,0030	0,0041	0,0013	0,0022	0,0015	0,0009
Berolina * 41925	0,0068		0,0014	0,0041	0,0003	0,0021	0,0011	0,0011
Dorett * 101-23	0,0080		0,0076	0,0044	0,0003	0,0027	0,0011	0,0013
Dorett * 1-B-30	0,0036		0,0056	0,0022	0,0019	0,0011	0,0001	0,0006
Dorett * 2-B-20	0,0018		0,0051	0,0011	0,0018	0,0005	0,0004	0,0002
Golf * 1-B-86	0,0031		0,0014	0,0019	0,0003	0,0010	0,0010	0,0005
Golf * 42-8	0,0104		0,0000	0,0064	0,0009	0,0034	0,0000	0,0017
Golf * 41923	0,0111		0,0003	0,0065	0,0016	0,0036	0,0030	0,0018
Harry * 101-23	0,0068		0,0031	0,0042	0,0007	0,0013	0,0010	0,0010
Harry * 42-6	0,0067		0,0038	0,0041	0,0000	0,0021	0,0021	0,0010
Harry * 41936	0,0013		0,0134	0,0008	0,0017	0,0004	0,0004	0,0002
Klaxon * 1-B-86	0,0034		0,0012	0,0021	0,0014	0,0010	0,0006	0,0005
Klaxon * 42-8	0,0031		0,0014	0,0019	0,0000	0,0008	0,0002	0,0005
Klaxon * 41929	0,0055		0,0050	0,0034	0,0005	0,0018	0,0002	0,0009
Lerche * 42-6	0,0031		0,0011	0,0019	0,0000	0,0008	0,0000	0,0005
Lerche * 41925	0,0033		0,0031	0,0020	0,0015	0,0011	0,0000	0,0005
Lerche * 41936	0,0038		0,0002	0,0024	0,0007	0,0013	0,0002	0,0006
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	0,0066		0,0024	0,0041	0,0018	0,0016	0,0008	0,0011
Arena * (42-8, 41923, 41925)	0,0054		0,0030	0,0033	0,0029	0,0017	0,0011	0,0008
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	0,0036		0,0018	0,0022	0,0003	0,0012	0,0000	0,0005
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	0,0055		0,0021	0,0032	0,0023	0,0018	0,0008	0,0009
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	0,0072		0,0027	0,0043	0,0017	0,0023	0,0009	0,0010
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	0,0044		0,0061	0,0025	0,0013	0,0014	0,0005	0,0007
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	0,0082		0,0006	0,0049	0,0009	0,0027	0,0013	0,0013
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	0,0050		0,0068	0,0030	0,0008	0,0013	0,0012	0,0007
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	0,0040		0,0025	0,0024	0,0006	0,0012	0,0003	0,0006
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	0,0034		0,0015	0,0021	0,0007	0,0011	0,0001	0,0005
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	0,0056		0,0039	0,0033	0,0003	0,0015	0,0013	0,0009
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	0,0076		0,0040	0,0047	0,0021	0,0019	0,0000	0,0012
1-B-86 * (Beate, Golf, Klaxon)	0,0035		0,0019	0,0022	0,0016	0,0011	0,0009	0,0006
2-B-20 * (Aura, Beate, Dorett)	0,0059		0,0018	0,0035	0,0019	0,0019	0,0005	0,0009
42-6 * (Berolina, Harry, Lerche)	0,0059		0,0029	0,0036	0,0011	0,0018	0,0007	0,0008
42-8 * (Arena, Golf, Klaxon)	0,0057		0,0021	0,0035	0,0014	0,0018	0,0007	0,0009
41923 * (Arena, Berolina, Golf)	0,0084		0,0023	0,0050	0,0016	0,0027	0,0020	0,0012
41925 * (Arena, Berolina, Lerche)	0,0052		0,0016	0,0032	0,0018	0,0016	0,0004	0,0008
41929 * (Aura, Beate, Klaxon)	0,0032		0,0044	0,0019	0,0005	0,0010	0,0001	0,0005
41936 * (Apex, Harry, Lerche)	0,0023		0,0045	0,0014	0,0011	0,0008	0,0004	0,0004
gesamtes Faktoriell Ø	0,0053		0,0029	0,0032	0,0013	0,0016	0,0007	0,0008

Tab. A37: Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Höhe** innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC₁, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur- und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	emp	the	emp	the	emp	the	emp	the
Apex * 101-23	96		39	58	45	26	0	15
Apex * 1-B-30	162		53	99	5	37	0	26
Apex * 41936	34		34	21	16	11	9	5
Arena * 42-8	140		17	86	104	43	12	22
Arena * 41923	176		87	108	63	57	41	25
Arena * 41925	107		63	66	42	33	2	16
Aura * 1-B-30	64		37	39	5	21	2	9
Aura * 2-B-20	77		62	47	30	25	0	12
Aura * 41929	62		47	37	35	20	48	9
Beate * 1-B-86	162		105	100	0	49	5	25
Beate * 2-B-20	354		163	202	12	116	13	56
Beate * 41929	114		78	69	50	37	25	18
Berolina * 42-6	172		41	105	39	57	0	22
Berolina * 41923	41		81	24	49	13	32	5
Berolina * 41925	111		37	67	50	34	0	18
Dorett * 101-23	349		40	191	31	117	20	57
Dorett * 1-B-30	83		18	51	11	25	51	13
Dorett * 2-B-20	173		97	105	48	53	26	24
Golf * 1-B-86	14		55	8	0	5	0	2
Golf * 42-8	100		12	62	1	32	6	16
Golf * 41923	42		4	24	9	14	25	7
Harry * 101-23	132		95	80	4	25	7	20
Harry * 42-6	114		56	70	35	35	26	17
Harry * 41936	68		94	41	39	22	23	10
Klaxon * 1-B-86	39		39	23	11	12	7	6
Klaxon * 42-8	34		19	21	0	9	16	5
Klaxon * 41929	59		40	36	31	19	0	9
Lerche * 42-6	75		19	46	34	20	5	12
Lerche * 41925	131		79	81	38	43	20	21
Lerche * 41936	89		40	55	38	30	0	14
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	97		42	60	22	25	3	15
Arena * (42-8, 41923, 41925)	141		56	87	70	44	18	21
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	68		49	41	24	22	17	10
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	210		116	124	21	67	14	33
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	108		53	66	46	35	11	15
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	202		52	116	30	65	33	31
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	52		24	31	3	17	10	8
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	105		82	64	26	28	19	16
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	44		32	27	14	13	8	7
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	99		46	61	36	31	8	16
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	192		58	110	27	56	9	31
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	103		36	63	7	28	18	16
1-B-86 * (Beate, Golf, Klaxon)	71		67	44	4	22	4	11
2-B-20 * (Aura, Beate, Dorett)	202		107	118	30	65	13	31
42-6 * (Berolina, Harry, Lerche)	120		39	74	36	37	10	17
42-8 * (Arena, Golf, Klaxon)	91		16	56	35	28	11	14
41923 * (Arena, Berolina, Golf)	86		57	52	40	28	33	12
41925 * (Arena, Berolina, Lerche)	117		60	71	43	37	7	18
41929 * (Aura, Beate, Klaxon)	78		55	48	39	25	24	12
41936 * (Apex, Harry, Lerche)	64		56	39	31	21	11	10
gesamtes Faktoriell Ø	113		55	68	29	35	14	17

Tab. A38: Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Grannenlänge** innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC₁, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur- und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	emp	the	emp	the	emp	the	emp	the
Apex * 101-23	0,00		0,00	0,00	0,37	0,00	0,00	0,00
Apex * 1-B-30	3,51		0,00	2,16	1,78	0,81	0,00	0,56
Apex * 41936	0,00		0,99	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Arena * 42-8	0,61		3,85	0,37	0,59	0,19	0,00	0,09
Arena * 41923	0,98		1,68	0,61	0,00	0,32	0,00	0,14
Arena * 41925	3,05		1,47	1,88	0,00	0,95	0,00	0,46
Aura * 1-B-30	1,86		0,95	1,14	0,00	0,61	0,09	0,26
Aura * 2-B-20	3,55		0,14	2,18	0,00	1,17	2,06	0,57
Aura * 41929	0,00		1,44	0,00	0,00	0,00	0,11	0,00
Beate * 1-B-86	3,57		0,00	2,20	0,00	1,07	0,18	0,55
Beate * 2-B-20	3,34		0,46	1,91	0,65	1,10	0,00	0,53
Beate * 41929	0,31		1,09	0,19	0,00	0,10	0,17	0,05
Berolina * 42-6	3,06		0,00	1,87	0,00	1,01	0,00	0,39
Berolina * 41923	0,56		0,00	0,34	0,00	0,18	0,29	0,07
Berolina * 41925	0,00		1,55	0,00	0,36	0,00	0,04	0,00
Dorett * 101-23	0,10		0,00	0,05	0,00	0,03	0,00	0,02
Dorett * 1-B-30	0,00		5,08	0,00	0,83	0,00	0,45	0,00
Dorett * 2-B-20	0,88		3,86	0,53	3,35	0,27	0,00	0,12
Golf * 1-B-86	1,93		1,69	1,18	0,84	0,64	0,00	0,31
Golf * 42-8	5,34		3,30	3,29	0,56	1,73	0,00	0,85
Golf * 41923	3,78		0,00	2,20	0,47	1,24	0,22	0,60
Harry * 101-23	0,55		0,36	0,34	0,00	0,11	0,00	0,08
Harry * 42-6	1,15		0,00	0,71	0,08	0,36	0,00	0,17
Harry * 41936	0,16		0,00	0,10	0,79	0,05	0,78	0,02
Klaxon * 1-B-86	0,00		0,31	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Klaxon * 42-8	0,51		0,00	0,31	0,00	0,14	0,00	0,08
Klaxon * 41929	0,80		1,07	0,49	0,00	0,26	0,00	0,13
Lerche * 42-6	1,51		1,67	0,92	0,00	0,40	0,00	0,24
Lerche * 41925	1,30		0,00	0,80	1,04	0,43	0,00	0,21
Lerche * 41936	3,87		0,00	2,41	0,00	1,29	0,00	0,61
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	1,17		0,33	0,72	0,72	0,27	0,00	0,19
Arena * (42-8, 41923, 41925)	1,55		2,33	0,96	0,20	0,49	0,00	0,23
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	1,81		0,84	1,11	0,00	0,59	0,75	0,28
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	2,41		0,52	1,43	0,22	0,76	0,12	0,38
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	1,21		0,52	0,74	0,12	0,40	0,11	0,16
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	0,33		2,98	0,20	1,39	0,10	0,15	0,05
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	3,68		1,66	2,23	0,62	1,20	0,07	0,59
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	0,62		0,12	0,38	0,29	0,17	0,26	0,09
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	0,44		0,46	0,27	0,00	0,13	0,00	0,07
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	2,23		0,56	1,38	0,35	0,70	0,00	0,35
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	0,22		0,12	0,13	0,12	0,05	0,00	0,03
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	1,79		2,01	1,10	0,87	0,47	0,18	0,27
1-B-86 * (Beate, Golf, Klaxon)	1,83		0,67	1,13	0,28	0,57	0,06	0,29
2-B-20 * (Aura, Beate, Dorett)	2,59		1,49	1,54	1,33	0,84	0,69	0,41
42-6 * (Berolina, Harry, Lerche)	1,91		0,56	1,17	0,03	0,59	0,00	0,27
42-8 * (Arena, Golf, Klaxon)	2,15		2,38	1,33	0,39	0,69	0,00	0,34
41923 * (Arena, Berolina, Golf)	1,78		0,56	1,05	0,16	0,58	0,17	0,27
41925 * (Arena, Berolina, Lerche)	1,45		1,01	0,89	0,47	0,46	0,01	0,22
41929 * (Aura, Beate, Klaxon)	0,37		1,20	0,23	0,00	0,12	0,09	0,06
41936 * (Apex, Harry, Lerche)	1,34		0,33	0,84	0,26	0,45	0,26	0,21
gesamtes Faktoriell Ø	1,54		1,03	0,94	0,39	0,48	0,15	0,24

Tab. A39: Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **vegetative Wachstumsdauer** innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC₁, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur- und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	emp	the	emp	the	emp	the	emp	the
Apex * 101-23	11653		10578	11036	11340	3134	4499	1867
Apex * 1-B-30	35917		8786	6483	3934	8260	3643	5687
Apex * 41936	3899		7846	7358	5811	1265	5229	624
Arena * 42-8	3575		18814	6398	4334	1104	3190	549
Arena * 41923	30337		6460	7735	1049	9780	6337	4301
Arena * 41925	8934		8516	7664	0	2787	3923	1351
Aura * 1-B-30	6713		4632	3747	1346	2187	1737	948
Aura * 2-B-20	11672		6033	6514	5601	3845	2483	1866
Aura * 41929	4938		3400	4679	8457	1630	7365	699
Beate * 1-B-86	13794		10716	11179	3382	4148	7563	2143
Beate *2-B-20	13371		3841	3934	6561	4381	4512	2132
Beate * 41929	34984		5071	5941	6398	11192	8112	5614
Berolina * 42-6	34695		3459	3605	1775	11430	0	4429
Berolina * 41923	14458		4108	4633	4604	4565	3221	1917
Berolina * 41925	9059		6734	6615	0	2811	1054	1446
Dorett * 101-23	8841		14103	14774	1637	2958	2874	1436
Dorett * 1-B-30	9333		31871	10761	3916	2833	3998	1498
Dorett * 2-B-20	6597		5317	6815	3843	2011	1282	922
Golf * 1-B-86	7771		18046	13417	0	2563	2314	1247
Golf * 42-8	35200		1564	1917	3712	11435	4430	5638
Golf * 41923	16482		4973	5830	5675	5395	8476	2631
Harry * 101-23	10033		16495	13055	0	1924	7091	1536
Harry * 42-6	13537		11070	9814	3337	4191	2424	1993
Harry * 41936	13602		4962	363	449	4418	961	2082
Klaxon * 1-B-86	7814		5759	5534	7346	2363	550	1249
Klaxon * 42-8	11399		11535	11965	547	3077	4156	1833
Klaxon * 41929	15564		988	1867	1673	5009	2614	2485
Lerche * 42-6	13653		5364	5497	5308	3586	3396	2139
Lerche * 41925	7131		4914	4403	9134	2349	4169	1140
Lerche * 41936	8438		6572	6617	4716	2801	3019	1339
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	17156		9070	8293	7028	4220	4457	2726
Arena * (42-8, 41923, 41925)	14282		11264	7266	1794	4557	4483	2067
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	7774		4688	4980	5134	2554	3862	1171
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	20716		6542	7018	5447	6574	6729	3296
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	19404		4767	4951	2126	6269	1425	2597
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	8257		17097	10783	3132	2601	2718	1285
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	19817		8194	7055	3129	6464	5073	3172
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	12391		10842	7744	1262	3511	3492	1870
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	11592		6094	6455	3189	3483	2440	1856
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	9741		5616	5506	6386	2912	3528	1539
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	10176		13726	12955	4326	2672	4821	1613
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	17321		15096	6997	3065	4427	3126	2711
1-B-86 *(Beate, Golf, Klaxon)	9793		11507	10043	3576	3025	3476	1546
2-B-20 *(Aura, Beate, Dorett)	10546		5064	5754	5335	3412	2759	1640
42-6 *(Berolina, Harry, Lerche)	20628		6631	6305	3473	6402	1940	2854
42-8 *(Arena, Golf, Klaxon)	16724		10638	6760	2864	5206	3925	2673
41923 *(Arena, Berolina, Golf)	20426		5180	6066	3776	6580	6011	2950
41925 *(Arena, Berolina, Lerche)	8374		6721	6227	3045	2649	3049	1312
41929 *(Aura, Beate, Klaxon)	18495		3153	4162	5509	5943	6030	2933
41936 *(Apex, Harry, Lerche)	8646		6460	4780	3659	2828	3070	1348
gesamtes Faktoriell Ø	14113		8418	7005	3863	4314	3821	2158

Tab. A40: Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **generative Wachstumsdauer** innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC₁, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur- und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	emp	the	emp	the	emp	the	emp	the
Apex * 101-23	11339		11036	6912	7793	3049	3893	1816
Apex * 1-B-30	14808		6483	9102	6533	3406	4378	2345
Apex * 41936	3180		7358	1955	6503	1031	6222	508
Arena * 42-8	3460		6398	2133	5110	1069	4194	532
Arena * 41923	15011		7735	9260	1915	4839	7530	2128
Arena * 41925	9014		7664	5560	0	2812	4716	1363
Aura * 1-B-30	7993		3747	4888	1906	2604	3654	1129
Aura * 2-B-20	6634		6514	4067	6788	2185	3316	1061
Aura * 41929	5938		4679	3579	7959	1960	8046	840
Beate * 1-B-86	13398		11179	8243	4709	4029	8239	2081
Beate *2-B-20	10974		3934	6258	6064	3595	5409	1749
Beate * 41929	8883		5941	5376	6358	2842	9282	1426
Berolina * 42-6	13737		3605	8422	3857	4525	0	1754
Berolina * 41923	9310		4633	5544	5384	2940	4095	1234
Berolina * 41925	11363		6615	6904	351	3526	1288	1814
Dorett * 101-23	8170		14774	4464	3192	2734	3467	1327
Dorett * 1-B-30	3766		10761	2320	4353	1143	5122	604
Dorett * 2-B-20	7831		6815	4749	3173	2388	2420	1094
Golf * 1-B-86	8334		13417	5106	0	2749	3572	1337
Golf * 42-8	11843		1917	7309	3678	3847	4417	1897
Golf * 41923	11460		5830	6667	5635	3751	7902	1830
Harry * 101-23	8836		13055	5368	3733	1695	9296	1352
Harry * 42-6	11737		9814	7227	3766	3634	2802	1728
Harry * 41936	13313		363	8025	1359	4324	1948	2038
Klaxon * 1-B-86	9854		5534	5942	9349	2980	1480	1576
Klaxon * 42-8	9077		11965	5504	1047	2450	5050	1460
Klaxon * 41929	13537		1867	8308	1159	4356	3258	2161
Lerche * 42-6	7109		5497	4340	5806	1867	2489	1114
Lerche * 41925	8053		4403	4944	9170	2653	4049	1288
Lerche * 41936	8338		6617	5191	5034	2768	3165	1323
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	9776		8293	5990	6943	2495	4831	1556
Arena * (42-8, 41923, 41925)	9162		7266	5651	2342	2907	5480	1341
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	6855		4980	4178	5551	2250	5005	1010
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	11085		7018	6626	5710	3489	7643	1752
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	11470		4951	6957	3197	3664	1795	1601
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	6589		10783	3844	3573	2088	3670	1008
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	10546		7055	6361	3104	3449	5297	1688
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	11295		7744	6873	2953	3218	4682	1706
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	10823		6455	6585	3852	3262	3262	1732
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	7833		5506	4825	6670	2429	3234	1241
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	9448		12955	5581	4906	2493	5552	1499
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	8856		6997	5437	4264	2384	4385	1359
1-B-86 *(Beate, Golf, Klaxon)	10529		10043	6430	4686	3253	4430	1665
2-B-20 *(Aura, Beate, Dorett)	8479		5754	5025	5342	2723	3715	1301
42-6 *(Berolina, Harry, Lerche)	10861		6305	6663	4476	3342	1763	1532
42-8 *(Arena, Golf, Klaxon)	8127		6760	4982	3278	2456	4553	1296
41923 *(Arena, Berolina, Golf)	11927		6066	7157	4311	3844	6509	1731
41925 *(Arena, Berolina, Lerche)	9477		6227	5803	3174	2997	3351	1488
41929 *(Aura, Beate, Klaxon)	9453		4162	5754	5159	3053	6862	1476
41936 *(Apex, Harry, Lerche)	8277		4780	5057	4299	2708	3778	1290
gesamtes Faktoriell Ø	9543		7005	5789	4389	2925	4490	1464

Tab. A41: Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **gesamte Wachstumsdauer** innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC₁, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur- und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	emp	the	emp	the	emp	the	emp	the
Apex * 101-23	638		591	389	384	172	0	102
Apex * 1-B-30	5337		1614	3280	6540	1227	851	845
Apex * 41936	636		150	391	0	206	291	102
Arena * 42-8	360		3847	222	0	111	0	55
Arena * 41923	3166		0	1953	0	1021	59	449
Arena * 41925	197		416	121	55	61	0	30
Aura * 1-B-30	914		715	559	0	298	325	129
Aura * 2-B-20	404		542	248	1373	133	792	65
Aura * 41929	0		303	0	705	0	268	0
Beate * 1-B-86	530		0	326	98	159	0	82
Beate * 2-B-20	804		0	458	0	263	0	128
Beate * 41929	1493		44	904	7	478	0	240
Berolina * 42-6	6315		69	3871	70	2080	44	806
Berolina * 41923	4093		0	2437	148	1292	0	543
Berolina * 41925	3494		16	2123	0	1084	44	558
Dorett * 101-23	40		735	22	300	14	0	7
Dorett * 1-B-30	454		1834	279	310	138	103	73
Dorett * 2-B-20	0		4978	0	0	0	0	0
Golf * 1-B-86	5959		433	3651	19	1965	0	956
Golf * 42-8	5756		193	3552	346	1870	0	922
Golf * 41923	5395		38	3139	0	1766	31	861
Harry * 101-23	347		1579	211	4307	67	317	53
Harry * 42-6	371		667	228	1184	115	155	55
Harry * 41936	376		5438	227	74	122	0	58
Klaxon * 1-B-86	0		7	0	36	0	0	0
Klaxon * 42-8	883		0	536	0	238	0	142
Klaxon * 41929	746		301	458	166	240	0	119
Lerche * 42-6	3305		354	2018	0	868	954	518
Lerche * 41925	344		432	211	695	113	594	55
Lerche * 41936	935		1044	582	458	310	237	148
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	2203		785	1353	2308	535	381	350
Arena * (42-8, 41923, 41925)	1241		1421	765	18	398	20	178
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	439		520	269	693	144	462	65
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	942		15	563	35	300	0	150
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	4634		28	2811	73	1486	29	635
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	165		2516	101	203	50	34	26
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	5703		221	3447	122	1867	10	913
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	365		2561	222	1855	101	157	55
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	543		103	331	67	160	0	87
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	1528		610	937	384	431	595	240
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	342		968	207	1664	84	106	54
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	2235		1388	1373	2283	554	427	349
1-B-86 * (Beate, Golf, Klaxon)	2163		147	1326	51	708	0	346
2-B-20 * (Aura, Beate, Dorett)	403		1840	235	458	132	264	64
42-6 * (Berolina, Harry, Lerche)	3330		363	2039	418	1021	384	459
42-8 * (Arena, Golf, Klaxon)	2333		1347	1437	115	740	0	373
41923 * (Arena, Berolina, Golf)	4218		13	2510	49	1360	30	618
41925 * (Arena, Berolina, Lerche)	1345		288	818	250	420	213	214
41929 * (Aura, Beate, Klaxon)	746		216	454	293	239	89	120
41936 * (Apex, Harry, Lerche)	649		2211	400	177	213	176	103
gesamtes Faktoriell Ø	1776		878	1080	576	547	169	270

Tab. A42: Genetische Varianzen (emp) der Rückkreuzungsgenerationen im Merkmal **Wachstumsrate bis zur Ernte** innerhalb einzelner Kreuzungskombinationen, Nachkommenschaften einzelner Kultur- bzw. Wildeltern und des gesamten unvollständigen Faktoriells im Vergleich zur theoretischen Erwartung (the) bezogen auf die BC₁, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Kreuzungskombinationen / Kultur- und Wildeltern <i>inter se</i>	BC ₁		BC ₂		BC ₃		BC ₄	
	emp	the	emp	the	emp	the	emp	the
Apex * 101-23	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Apex * 1-B-30	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Apex * 41936	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Arena * 42-8	0,1463		0,0000	0,0902	0,0000	0,0452	0,0000	0,0225
Arena * 41923	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Arena * 41925	0,0031		0,0000	0,0019	0,0000	0,0010	0,0000	0,0005
Aura * 1-B-30	0,1961		0,0000	0,1199	0,0000	0,0639	0,0000	0,0277
Aura * 2-B-20	0,5358		0,0000	0,3285	0,0000	0,1765	0,0000	0,0857
Aura * 41929	0,0885		0,0000	0,0533	0,0000	0,0292	0,0000	0,0125
Beate * 1-B-86	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Beate * 2-B-20	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Beate * 41929	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Berolina * 42-6	0,0059		0,0000	0,0036	0,0000	0,0020	0,0000	0,0008
Berolina * 41923	0,3414		0,0000	0,2033	0,0000	0,1078	0,0000	0,0453
Berolina * 41925	0,1162		0,0000	0,0706	0,0000	0,0360	0,0000	0,0185
Dorett * 101-23	0,0111		0,0000	0,0061	0,0000	0,0037	0,0000	0,0018
Dorett * 1-B-30	0,0166		0,0000	0,0102	0,0000	0,0050	0,0000	0,0027
Dorett * 2-B-20	0,1840		0,0000	0,1116	0,0000	0,0561	0,0000	0,0257
Golf * 1-B-86	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Golf * 42-8	0,1676		0,0000	0,1034	0,0000	0,0545	0,0000	0,0268
Golf * 41923	0,8385		0,0000	0,4878	0,0000	0,2745	0,0000	0,1339
Harry * 101-23	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Harry * 42-6	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Harry * 41936	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Klaxon * 1-B-86	0,1335		0,0000	0,0805	0,0000	0,0404	0,0000	0,0213
Klaxon * 42-8	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Klaxon * 41929	0,7344		0,0000	0,4507	0,0000	0,2363	0,0000	0,1172
Lerche * 42-6	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Lerche * 41925	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Lerche * 41936	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Apex * (101-23, 1-B-30, 41936)	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Arena * (42-8, 41923, 41925)	0,0498		0,0000	0,0307	0,0000	0,0154	0,0000	0,0077
Aura * (1-B-30, 2-B-20, 41929)	0,2734		0,0000	0,1672	0,0000	0,0899	0,0000	0,0420
Beate * (1-B-86, 2-B-20, 41929)	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Berolina * (42-6, 41923, 41925)	0,1545		0,0000	0,0925	0,0000	0,0486	0,0000	0,0215
Dorett * (101-23, 1-B-30, 2-B-20)	0,0705		0,0000	0,0426	0,0000	0,0216	0,0000	0,0101
Golf * (1-B-86, 42-8, 41923)	0,3354		0,0000	0,1971	0,0000	0,1096	0,0000	0,0536
Harry * (101-23, 42-6, 41929)	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
Klaxon * (1-B-86, 42-8, 41929)	0,2893		0,0000	0,1771	0,0000	0,0922	0,0000	0,0462
Lerche * (42-6, 41925, 41936)	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
101-23 * (Apex, Dorett, Harry)	0,0037		0,0000	0,0020	0,0000	0,0012	0,0000	0,0006
1-B-30 * (Apex, Aura, Dorett)	0,0709		0,0000	0,0434	0,0000	0,0230	0,0000	0,0101
1-B-86 *(Beate, Golf, Klaxon)	0,0445		0,0000	0,0268	0,0000	0,0135	0,0000	0,0071
2-B-20 *(Aura, Beate, Dorett)	0,2399		0,0000	0,1467	0,0000	0,0775	0,0000	0,0371
42-6 *(Berolina, Harry, Lerche)	0,0020		0,0000	0,0012	0,0000	0,0007	0,0000	0,0003
42-8 *(Arena, Golf, Klaxon)	0,1047		0,0000	0,0646	0,0000	0,0332	0,0000	0,0164
41923 *(Arena, Berolina, Golf)	0,3933		0,0000	0,2304	0,0000	0,1274	0,0000	0,0597
41925 *(Arena, Berolina, Lerche)	0,0398		0,0000	0,0242	0,0000	0,0123	0,0000	0,0063
41929 *(Aura, Beate, Klaxon)	0,2743		0,0000	0,1680	0,0000	0,0885	0,0000	0,0433
41936 *(Apex, Harry, Lerche)	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
gesamtes Faktoriell Ø	0,1173		0,0000	0,0707	0,0000	0,0377	0,0000	0,0181

Tab. A43: Korrelationen (Spearman) zwischen den empirischen und theoretischen Werten für die genotypischen bzw. phänotypischen Varianzen der einzelnen Rückkreuzungsgenerationen auf der Ebene der Kreuzungskombinationen und der Nachkommenschaften der Kultur- bzw. Wildeltern für verschiedene Merkmale, basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

	BC	Karyopsenertrag	TKM	Ähren je Pflanze	Karyopsen je Pflanze	Karyopsen je Ähre	Stroh	Ernteindex	Höhe	Grannenlänge	veg. Wachstumsdauer	gen. Wachstumsdauer	gesamte Wachstumsdauer	Wachstumsrate bis zur Ernte
genotypische Varianzen														
Kreuzungskombination	2	-0,01	0,16	0,13	0,18	-0,16	0,00	0,34+	0,45*	-0,14	-0,04	-0,22	-0,22	0,04
	3	0,34+	0,14	0,41*	0,15	-0,08	0,03	0,25	0,38*	0,09	0,23	-0,02	0,05	-0,10
	4	0,08	-0,02	-0,07	-0,22	-0,29	0,20	-0,20	0,01	-0,10	-0,36*	0,04	-0,20	0,11
Kultureltern	2	0,58+	0,52	0,30	0,62+	-0,09	0,20	0,03	0,84**	0,20	0,08	-0,25	-0,45	0,38
	3	0,60+	0,42	0,28	0,53	-0,18	0,13	0,70*	0,56+	-0,06	-0,19	-0,26	-0,14	0,23
	4	0,23	0,22	0,35	0,30	-0,19	-0,12	0,8**	0,59+	-0,10	0,54	0,20	-0,11	-0,26
Wildeltern	2	0,05	0,44	0,26	-0,09	-0,53	0,26	-0,20	0,20	0,55+	-0,26	0,07	-0,45	0,33
	3	0,43	0,07	0,39	0,39	-0,42	-0,05	0,6+	0,04	0,45	0,12	0,28	-0,55+	0,05
	4	0,18	0,76*	0,20	0,63+	-0,37	0,05	0,26	-0,12	0,25	0,41	0,18	-1,30	0,26
phänotypische Varianzen														
Kreuzungskombination	2	0,08	0,43*	-0,06	0,07	-0,08	0,08	-0,16	0,48**	-0,25	-0,20	-0,05	-0,06	0,34+
	3	0,31+	0,51**	0,23	0,18	-0,03	-0,19	0,30	0,48**	-0,20	0,06	0,02	0,09	-0,02
	4	0,17	0,23	0,00	0,24	0,01	0,21	0,22	0,05	-0,23	0,18	0,48**	0,20	0,17
Kultureltern	2	0,54	0,54	0,60+	0,30	0,09	-0,04	*0,39	0,64*	-0,03	-0,03	0,32	-0,31	0,27
	3	0,24	0,65*	0,12	0,20	-0,02	-0,19	0,55+	0,58+	-0,48	0,09	-0,03	0,13	0,14
	4	0,45	0,64*	0,42	0,47	0,25	-0,03	0,39	0,40	-0,60+	0,42	0,64*	-0,19	0,36
Wildeltern	2	0,32	0,24	0,04	-0,01	-0,54	0,05	-0,38	0,20	0,43	0,25	0,45	-0,60+	0,43
	3	0,60+	0,35	0,54	0,63*	-0,21	-0,08	0,67*	0,49	0,15	0,01	0,71*	-0,43	0,40
	4	0,47	0,43	-0,16	0,48	0,02	0,05	0,32	0,13	0,20	0,38	0,75*	-0,22	0,44

Tab. A44: Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzungen für die allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen (GCA_{BC1-4} , SCA_{BC1-4}) in verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - * Wildgerste für das Merkmal **Ernteindex** basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Varianzursache	Ernteindex			
	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
Jahr	0,00019	0,00020	0,00002	0,00001
Wildelter ($GCA_{BC1-4, Wild}$)	0	0	0	0
Kulturelter ($GCA_{BC1-4, Kultur}$)	0	0,00020	0,00007	0,0000342
Kulturelter * Wildelter (SCA_{BC1-4})	0,00069	0,00057	0,00007	0
Jahr * Kulturelter	0,00018	0,00018	0,00019	0,00019
Jahr * Wildelter	0	0,00001	0,00002	0,00004
Jahr * Kulturelter * Wildelter	0,00002	0	0,00002	0,00001
Innerhalb Kombinationen	0,00536	0,00277	0,00127	0,00078
Fehler	0,00169	0,00169	0,00170	0,00170

Tab. A45: Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzungen für die allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen (GCA_{BC1-4} , SCA_{BC1-4}) in verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - * Wildgerste für die Merkmale **vegetative Wachstumsdauer** und **generative Wachstumsdauer** basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Varianzursache	vegetative Wachstumsdauer				generative Wachstumsdauer			
	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
Jahr	1577,2	1869,5	2171,4	2534,2	0	23,3	64,7	218,8
Wildelter ($GCA_{BC1-4, Wild}$)	0	0	44,6	10,6	0	0	0	8,61
Kulturelter ($GCA_{BC1-4, Kultur}$)	775,4	1097,8	1754,3	1702,2	648,6	921,9	1363,8	1486,7
Kulturelter * Wildelter (SCA_{BC1-4})	1054,1	780,3	690,1	129,0	658,7	561,1	658,8	175,7
Jahr * Kulturelter	287,0	293,0	283,2	287,6	229,8	276,3	216,9	255,9
Jahr * Wildelter	0	0	10,3	0	0	0	0	0
Jahr * Kulturelter * Wildelter	0	0	0	0	62,5	0	48,1	0
Innerhalb Kombinationen	13129,2	8347,0	4026,4	4030,2	9764,0	7051,2	4410,8	4619,0
Fehler	3419,2	3419,8	3424,0	3422,7	2927,7	2929,3	2929,5	2930,8

Tab. A46: Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzungen für die allgemeinen und spezifischen Kombinationseignungen (GCA_{BC1-4} , SCA_{BC1-4}) in verschiedenen Rückkreuzungsgenerationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur- * Wildgerste für die Merkmale **gesamte Wachstumsdauer** und **Wachstumsrate bis zur Ernte** basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

Varianzursache	gesamte Wachstumsdauer				Wachstumsrate bis zur Ernte			
	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
Jahr	549,8	683,7	832,0	705,5	1,0E-07	4,9E-08	3,7E-08	9,6E-08
Wildelter ($GCA_{BC1-4, Wild}$)	0	0	0	0	3,7E-08	0	1,9E-08	3,8E-08
Kulturelter ($GCA_{BC1-4, Kultur}$)	49,8	41,8	31,0	9,4	1,3E-07	1,9E-07	1,5E-07	2,3E-08
Kulturelter * Wildelter (SCA_{BC1-4})	15,2	28,0	0	0	0	1,5E-07	0	6,4E-08
Jahr * Kulturelter	23,2	0	22,9	18,3	1,0E-07	1,2E-07	4,1E-08	1,2E-07
Jahr * Wildelter	19,6	0	6,8	0	0	0	0	0
Jahr * Kulturelter * Wildelter	11,0	39,2	37,2	30,1	6,1E-08	8,6E-08	1,3E-07	1,0E-07
Innerhalb Kombinationen	1815,9	856,0	370,0	127,4	4,3E-07	0	2,9E-08	2,5E-08
Fehler	306,9	307,3	309,0	309,9	6,8E-06	6,8E-06	6,8E-06	6,8E-06

Tab. A47: GCA_{BC1-4} - Effekte für die Kultureltern eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - *Wildgersten in vier Rückkreuzungsgenerationen für verschiedene Merkmale (Karyopsenertrag, TKM, Ähren je Pflanze, Karyopsen je Ähre, Karyopsen je Pflanze, Stroh, Ernteindex), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

		Karyopsen - ertrag	TKM	Ähren je Pflanze	Karyopsen je Ähre	Karyopsen je Pflanze	Stroh	Ernte - index
Apex	BC ₁	0,00	1,00	- 0,28	0,22	- 2,38	- 0,47	0,026
	BC ₂	0,20	3,27	- 0,42	0,80	- 3,30	- 0,25	0,022
	BC ₃	- 0,06	3,90	- 0,39	- 0,72	- 11,62	- 0,11	0,007
	BC ₄	- 0,11	2,59	- 0,60	0,64	- 9,71	- 0,35	0,009
Arena	BC ₁	- 0,13	- 3,03	0,08	0,60	3,74	- 0,54	0,018
	BC ₂	- 1,02	- 6,01	- 0,09	- 1,15	- 8,78	- 1,05	- 0,007
	BC ₃	- 0,35	- 5,37	0,53	- 0,62	7,94	- 0,41	0,002
	BC ₄	- 0,40	- 5,96	0,33	0,16	9,34	- 0,53	0,009
Aura	BC ₁	0,20	1,41	- 0,04	0,78	2,42	0,12	0,007
	BC ₂	0,34	0,99	- 0,26	2,06	5,93	0,08	0,011
	BC ₃	0,26	0,80	- 0,09	1,10	2,71	0,39	- 0,005
	BC ₄	0,18	- 0,34	- 0,04	0,58	3,76	0,54	- 0,017
Beate	BC ₁	- 0,44	- 1,00	0,32	- 2,20	- 8,12	- 0,08	- 0,026
	BC ₂	0,75	0,30	1,17	- 0,54	17,93	0,82	0,013
	BC ₃	0,10	- 0,52	0,45	- 0,66	3,61	0,56	- 0,023
	BC ₄	0,30	0,53	0,71	- 2,04	4,88	0,43	- 0,005
Berolina	BC ₁	- 0,54	- 0,34	- 0,16	- 1,59	- 12,34	0,11	- 0,031
	BC ₂	- 0,68	0,54	- 0,61	- 1,03	- 17,91	0,04	- 0,039
	BC ₃	- 0,87	- 1,27	- 0,37	- 1,88	- 17,05	- 0,46	- 0,024
	BC ₄	0,14	2,02	0,10	- 1,09	- 2,72	0,29	- 0,006
Dorett	BC ₁	- 0,20	- 4,07	0,10	0,72	5,11	- 0,41	0,006
	BC ₂	- 0,75	- 3,56	0,00	- 1,62	- 9,23	- 0,70	- 0,010
	BC ₃	- 0,11	- 2,09	0,35	- 1,13	2,46	0,07	- 0,008
	BC ₄	- 0,51	- 3,63	0,26	- 1,55	- 3,23	- 0,33	- 0,010
Golf	BC ₁	0,60	2,34	0,41	- 0,34	7,49	0,77	- 0,008
	BC ₂	0,70	1,31	0,65	- 0,05	12,65	0,12	0,029
	BC ₃	0,03	0,60	- 0,12	0,40	- 0,81	- 0,32	0,014
	BC ₄	0,00	0,78	0,01	- 0,43	- 2,05	- 0,23	0,010
Harry	BC ₁	0,08	4,41	- 0,89	1,68	- 7,81	0,21	- 0,003
	BC ₂	- 0,13	5,13	- 1,04	0,44	- 16,89	0,85	- 0,044
	BC ₃	0,51	7,06	- 0,75	2,05	- 6,85	0,71	- 0,005
	BC ₄	0,01	7,54	- 1,28	2,11	- 19,35	0,29	- 0,014
Klaxon	BC ₁	0,62	0,85	0,69	- 0,08	12,61	0,21	0,025
	BC ₂	0,91	0,37	0,73	1,14	21,74	0,30	0,032
	BC ₃	0,41	- 2,07	0,25	1,42	15,10	0,14	0,010
	BC ₄	0,23	- 2,05	0,34	0,73	10,66	0,30	- 0,005
Lerche	BC ₁	- 0,22	- 1,58	- 0,21	0,21	- 1,33	0,02	- 0,011
	BC ₂	- 0,27	- 1,41	- 0,24	0,25	- 2,44	- 0,56	0,011
	BC ₃	0,14	- 0,87	0,07	0,58	5,31	- 0,42	0,027
	BC ₄	0,09	- 1,66	0,07	0,98	7,20	- 0,46	0,026

Tab. A48: GCA_{BC1-4} - Effekte für die Kultureltern eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - *Wildgersten in vier Rückkreuzungsgenerationen für verschiedene Merkmale (Höhe, Grannenlänge, veg. Wachstumsdauer, gen. Wachstumsdauer, gesamte Wachstumsdauer, Wachstumsrate bis zur Ernte), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

		Höhe	Grannenlänge	veg. Wachstumsdauer	gen. Wachstumsdauer	gesamte Wachstumsdauer	Wachstumsrate bis zur Ernte
Apex	BC ₁	- 1,44	- 0,40	- 49,12	39,60	- 5,55	- 0,00036
	BC ₂	1,29	- 0,30	- 57,85	61,23	2,26	- 0,00009
	BC ₃	- 1,11	0,31	- 66,13	68,40	4,32	- 0,00016
	BC ₄	1,39	0,19	- 65,78	62,94	- 3,08	- 0,00035
Arena	BC ₁	- 3,44	0,70	5,23	2,75	3,46	- 0,00058
	BC ₂	- 4,66	0,28	16,93	- 10,37	0,67	- 0,00162
	BC ₃	- 3,58	0,01	- 4,44	11,64	5,44	- 0,00065
	BC ₄	- 2,71	- 0,29	6,14	- 0,82	5,30	- 0,00081
Aura	BC ₁	8,25	- 0,57	- 51,32	36,04	- 16,50	0,00035
	BC ₂	10,78	- 0,35	- 59,96	39,33	- 17,39	0,00046
	BC ₃	10,43	- 0,64	- 66,52	44,88	- 18,53	0,00066
	BC ₄	10,67	- 0,32	- 31,68	20,75	- 11,03	0,00066
Beate	BC ₁	- 4,76	0,58	- 33,91	38,98	- 1,19	- 0,00038
	BC ₂	- 4,81	0,54	- 20,94	13,05	- 3,90	0,00124
	BC ₃	- 3,27	0,38	15,82	- 12,94	5,16	0,00049
	BC ₄	- 5,63	0,63	- 11,22	15,86	4,21	0,00055
Berolina	BC ₁	- 3,75	0,22	55,04	- 39,32	16,87	- 0,00043
	BC ₂	- 1,11	0,19	52,84	- 41,77	8,22	- 0,00054
	BC ₃	- 1,78	- 0,24	29,64	- 21,75	6,91	- 0,00109
	BC ₄	- 1,54	- 0,19	34,12	- 29,57	5,71	0,00034
Dorett	BC ₁	- 0,37	- 1,45	8,37	- 6,59	0,63	- 0,00051
	BC ₂	- 6,04	- 0,81	0,92	11,20	13,40	- 0,00122
	BC ₃	- 0,30	- 0,58	- 7,72	4,26	- 2,80	- 0,00004
	BC ₄	0,42	- 0,80	- 15,74	16,42	1,52	- 0,00065
Golf	BC ₁	1,94	0,99	34,01	- 33,04	11,89	0,00112
	BC ₂	- 2,21	0,70	66,04	- 74,77	- 8,93	0,00063
	BC ₃	- 2,41	0,74	82,72	- 85,89	- 2,83	- 0,00019
	BC ₄	- 3,71	0,91	64,76	- 63,64	0,26	- 0,00019
Harry	BC ₁	0,69	- 0,24	71,82	- 64,63	4,24	0,00017
	BC ₂	1,28	0,07	40,22	- 26,71	13,17	0,00053
	BC ₃	2,45	0,38	32,39	- 20,70	10,67	0,00090
	BC ₄	2,77	0,16	41,92	- 38,04	4,00	0,00023
Klaxon	BC ₁	- 2,03	- 0,21	- 47,10	38,67	- 10,51	0,00069
	BC ₂	1,72	- 0,49	14,94	- 24,72	- 4,20	0,00099
	BC ₃	- 1,50	- 0,37	86,46	- 82,95	- 0,28	0,00044
	BC ₄	- 2,18	- 0,26	63,16	- 60,25	3,19	0,00038
Lerche	BC ₁	5,03	0,35	8,90	- 10,52	- 4,70	- 0,00012
	BC ₂	2,06	0,23	- 66,77	62,51	- 7,99	- 0,00061
	BC ₃	1,77	0,16	- 109,75	100,55	- 8,68	- 0,00017
	BC ₄	0,45	- 0,05	- 84,37	75,67	- 8,83	- 0,00024

Tab. A49: GCA_{BC1-4} - Effekte für die Wildeltern eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - *Wildgersten in vier Rückkreuzungsgenerationen für verschiedene Merkmale (Karyopsenertrag, TKM, Ähren je Pflanze, Karyopsen je Ähre, Karyopsen je Pflanze, Stroh, Ernteindex), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

		Karyopsen - ertrag	TKM	Ähren je Pflanze	Karyopsen je Ähre	Karyopsen je Pflanze	Stroh	Ernte - index
101 - 23	BC ₁	0,15	3,71	- 0,08	- 0,37	- 3,70	0,18	- 0,002
	BC ₂	- 0,01	0,53	- 0,01	0,10	0,05	- 0,18	0,007
	BC ₃	0,07	- 0,30	0,00	0,77	3,07	- 0,11	0,007
	BC ₄	- 0,03	0,09	- 0,05	- 0,13	0,05	- 0,11	0,004
1 - B - 30	BC ₁	- 0,45	- 1,08	0,10	- 1,78	- 8,67	0,25	- 0,035
	BC ₂	- 0,27	- 0,51	- 0,14	- 0,31	- 4,85	0,00	- 0,010
	BC ₃	- 0,47	- 1,20	- 0,43	0,27	- 6,98	- 0,26	- 0,011
	BC ₄	0,28	- 0,13	0,00	1,26	7,48	0,08	0,013
1 - B - 86	BC ₁	- 0,03	- 1,96	- 0,15	1,47	3,99	- 0,17	0,010
	BC ₂	- 0,55	- 0,61	- 0,40	- 0,51	- 12,01	- 0,17	- 0,021
	BC ₃	0,18	0,26	0,13	- 0,02	1,65	0,35	- 0,004
	BC ₄	- 0,24	0,23	- 0,48	0,68	- 6,23	- 0,09	- 0,008
2 - B - 20	BC ₁	- 0,25	- 1,60	0,04	- 0,25	- 1,72	- 0,08	- 0,011
	BC ₂	- 0,20	- 0,63	- 0,16	- 0,31	- 4,07	0,19	- 0,019
	BC ₃	- 0,24	- 1,32	0,07	- 0,97	- 1,57	- 0,34	0,000
	BC ₄	- 0,12	0,12	- 0,08	0,01	- 2,20	- 0,08	- 0,004
42 - 6	BC ₁	0,30	1,94	0,18	0,05	3,19	- 0,18	0,029
	BC ₂	0,66	1,54	0,52	0,57	12,32	- 0,03	0,035
	BC ₃	0,34	1,43	- 0,11	1,31	3,85	0,08	0,012
	BC ₄	- 0,11	- 0,84	- 0,05	0,40	0,16	- 0,09	0,001
42 - 8	BC ₁	- 0,35	- 0,10	- 0,61	0,19	- 8,43	- 0,31	- 0,008
	BC ₂	- 0,04	- 0,29	- 0,28	0,42	- 2,00	- 0,40	0,013
	BC ₃	0,08	1,09	0,14	- 0,71	- 1,49	0,30	- 0,010
	BC ₄	- 0,09	0,43	- 0,14	- 0,38	- 4,57	- 0,12	0,000
41923	BC ₁	0,12	- 1,59	0,43	- 0,34	5,77	0,23	- 0,003
	BC ₂	0,77	0,92	0,49	1,58	17,41	0,22	0,030
	BC ₃	0,37	0,99	0,22	- 0,10	5,40	0,21	0,006
	BC ₄	0,25	- 0,19	0,67	- 1,45	5,30	0,46	- 0,013
41925	BC ₁	- 0,01	0,15	0,07	- 0,39	- 0,63	- 0,40	0,012
	BC ₂	0,53	0,43	0,61	- 0,19	11,73	0,21	0,018
	BC ₃	- 0,07	- 0,72	0,09	- 0,30	0,37	- 0,15	0,003
	BC ₄	- 0,28	- 1,46	0,06	- 0,58	- 2,43	- 0,15	- 0,006
41929	BC ₁	0,07	- 0,81	- 0,52	1,76	3,54	0,18	0,003
	BC ₂	- 0,81	- 0,34	- 0,70	- 0,84	- 18,86	0,08	- 0,048
	BC ₃	- 0,01	0,43	0,14	- 0,74	- 1,23	0,17	- 0,003
	BC ₄	- 0,26	0,89	- 0,39	0,23	- 8,29	- 0,33	0,001
41936	BC ₁	0,41	1,33	0,55	- 0,34	6,03	0,25	0,009
	BC ₂	- 0,02	- 0,13	- 0,03	- 0,22	- 0,01	- 0,27	0,011
	BC ₃	- 0,19	- 0,50	- 0,31	1,03	- 2,29	- 0,11	- 0,004
	BC ₄	0,53	0,67	0,37	0,05	9,51	0,40	0,007

Tab. A50: GCA_{BC1-4} - Effekte für die Wildeltern eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - *Wildgersten in vier Rückkreuzungsgenerationen für verschiedene Merkmale (Höhe, Grannenlänge, veg. Wachstumsdauer, gen. Wachstumsdauer, gesamte Wachstumsdauer, Wachstumsrate bis zur Ernte), basierend auf zweijährigen Feldversuchen.

		Höhe	Grannen - länge	veg. Wachs - tumsdauer	gen. Wachs - tumsdauer	gesamte Wachs - tumsdauer	Wachstumsrate bis zur Ernte
101 - 23	BC ₁	0,64	0,59	- 36,86	34,26	- 1,87	0,00026
	BC ₂	- 0,57	0,06	5,01	- 11,16	- 6,44	- 0,00011
	BC ₃	- 0,73	- 0,40	- 3,91	5,92	2,15	- 0,00001
	BC ₄	- 2,17	- 0,16	19,79	- 14,98	2,92	- 0,00015
1 - B - 30	BC ₁	- 0,71	0,30	4,86	8,40	8,64	- 0,00019
	BC ₂	0,87	- 0,33	6,13	- 4,48	- 2,09	- 0,00019
	BC ₃	- 0,25	- 0,25	51,80	- 38,72	9,80	- 0,00063
	BC ₄	- 0,71	- 0,25	10,10	- 7,88	2,12	0,00028
1 - B - 86	BC ₁	- 3,39	- 0,70	63,42	- 67,25	- 2,15	- 0,00016
	BC ₂	- 1,64	0,09	- 19,32	26,69	1,84	- 0,00054
	BC ₃	- 2,00	0,05	- 20,65	23,80	3,01	0,00038
	BC ₄	1,33	- 0,07	3,42	- 6,32	- 1,53	- 0,00025
2 - B - 20	BC ₁	4,28	0,66	26,91	- 22,79	- 1,05	- 0,00026
	BC ₂	3,10	- 0,08	17,53	- 15,97	3,84	- 0,00001
	BC ₃	- 0,12	0,09	- 3,32	3,76	- 1,66	- 0,00043
	BC ₄	0,37	0,00	14,65	- 13,68	0,46	- 0,00015
42 - 6	BC ₁	- 2,67	0,44	- 71,28	56,44	- 9,59	0,00017
	BC ₂	- 2,38	0,24	- 15,75	4,83	- 8,90	0,00052
	BC ₃	- 0,81	- 0,07	5,88	- 14,39	- 7,00	0,00039
	BC ₄	- 0,45	0,02	0,52	- 1,87	- 3,14	- 0,00017
42 - 8	BC ₁	0,79	0,03	27,16	- 28,20	- 0,24	- 0,00052
	BC ₂	- 6,01	0,75	8,30	- 2,49	1,71	- 0,00045
	BC ₃	- 0,01	0,53	- 26,26	23,88	- 1,75	0,00031
	BC ₄	- 0,42	0,35	- 13,53	8,85	- 3,84	- 0,00013
41923	BC ₁	- 0,96	- 0,59	2,62	4,97	7,12	0,00024
	BC ₂	1,58	- 0,19	- 46,95	40,06	- 1,62	0,00080
	BC ₃	1,24	0,26	- 44,42	41,94	- 0,96	0,00045
	BC ₄	0,29	0,43	- 25,63	25,56	1,05	0,00056
41925	BC ₁	- 0,58	- 0,66	- 32,86	26,81	- 2,05	- 0,00034
	BC ₂	- 0,48	- 0,38	- 13,32	8,38	- 0,64	0,00057
	BC ₃	- 0,70	- 0,11	20,94	- 26,44	- 3,79	- 0,00016
	BC ₄	- 0,60	- 0,16	- 11,27	10,31	0,73	- 0,00034
41929	BC ₁	1,39	- 0,22	61,30	- 48,36	5,37	0,00016
	BC ₂	2,94	0,10	35,46	- 23,07	9,41	- 0,00061
	BC ₃	0,63	0,38	- 20,92	22,31	3,25	0,00011
	BC ₄	1,05	0,15	- 17,53	18,54	1,21	- 0,00047
41936	BC ₁	1,34	0,12	- 43,35	37,66	- 5,54	0,00057
	BC ₂	0,92	- 0,20	9,27	- 13,81	- 1,81	- 0,00021
	BC ₃	3,45	- 0,33	33,34	- 36,55	- 3,70	- 0,00024
	BC ₄	1,21	- 0,32	20,79	- 19,24	1,28	0,00072

Tab. A51: SCA_{BC1-4} - Effekte in den Merkmalen Karyopsenertrag, Tausendkornmasse, Ähren je Pflanze, Karyopsen je Ähre und Karyopsen je Pflanze für dreißig Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - *Wildgerste in vier Rückkreuzungsgenerationen.

Kreuzungs - kombinationen	Karyopsenertrag				TKM				Ähren je Pflanze				Karyopsen je Ähre				Karyopsen je Pflanze			
	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
Apex * 101 - 23	0,47	0,02	0,33	0,26	1,22	-0,83	0,24	1,39	0,44	-0,08	0,15	0,11	0,11	0,79	0,76	-0,32	7,84	1,53	6,19	1,48
Apex * 1 - B - 30	-0,31	0,00	-0,29	0,16	-0,83	-1,01	-2,45	-0,33	-0,33	0,16	0,32	0,07	-0,24	-0,31	-1,36	0,57	-6,13	2,21	-1,81	4,09
Apex * 41936	-0,19	0,03	-0,14	-0,41	-0,42	1,51	0,86	-0,99	-0,13	0,01	-0,32	-0,18	0,06	-0,43	0,18	-0,39	-2,50	-2,16	-4,71	-5,77
Arena * 42 - 8	0,31	-0,38	0,10	-0,07	-0,29	-1,85	0,58	-0,03	0,29	-0,11	0,26	-0,01	0,56	-0,39	-0,85	0,09	8,33	-5,16	0,01	-1,70
Arena * 41923	-0,35	0,43	0,09	-0,17	0,65	1,95	0,13	-0,71	-0,60	0,35	-0,05	-0,19	0,10	-0,32	0,02	-0,26	-9,38	6,04	2,33	-2,23
Arena * 41925	-0,01	-0,08	-0,25	0,14	-0,52	-0,68	-0,70	0,48	0,23	-0,15	-0,24	0,13	-0,58	0,57	0,47	0,05	0,34	-0,33	-3,76	2,17
Aura * 1 - B - 30	0,05	-0,30	-0,01	-0,04	0,77	-0,62	0,74	0,24	0,22	-0,28	-0,24	-0,14	-0,54	0,06	0,44	-0,09	0,03	-5,88	-1,97	-1,96
Aura * 2 - B - 20	-0,11	0,04	0,14	0,08	-0,74	0,91	0,06	0,44	-0,42	0,05	0,08	-0,01	0,38	-0,54	0,41	0,15	-1,15	-1,01	2,92	0,40
Aura * 41929	0,03	0,28	-0,21	-0,04	-0,07	-0,86	-0,83	-0,95	0,07	0,29	0,08	0,20	0,15	0,45	-0,89	-0,13	0,43	8,46	-2,63	2,21
Beate * 1 - B - 86	-0,21	-0,10	-0,32	0,10	-1,08	0,03	0,08	0,72	0,17	-0,19	-0,08	0,09	-1,04	0,25	-1,53	-0,21	-2,54	-2,34	-8,96	0,50
Beate * 2 - B - 20	-0,02	0,27	-0,25	-0,20	0,41	-0,20	-0,73	-1,06	-0,02	0,18	-0,03	-0,05	-0,08	0,60	-0,54	0,11	-1,74	5,83	-3,72	-1,39
Beate * 41929	0,24	-0,19	0,51	0,08	0,62	-0,57	0,75	0,30	-0,22	0,05	0,08	-0,05	1,18	-0,85	1,62	0,07	4,44	-2,64	10,37	0,68
Berolina * 42 - 6	0,23	-0,10	0,00	0,51	0,59	-0,40	0,65	0,51	0,18	-0,15	0,05	0,63	0,18	0,09	-0,74	-0,73	4,06	-1,01	-2,01	9,77
Berolina * 41923	-0,12	-0,21	-0,27	-0,11	-0,14	-0,15	-0,51	0,11	0,10	-0,45	-0,36	-0,18	-0,79	0,80	0,94	0,52	-2,87	-5,14	-4,31	-2,81
Berolina * 41925	-0,16	0,25	0,16	-0,31	-0,58	0,09	-0,59	-0,42	-0,30	0,57	0,25	-0,33	0,56	-0,85	-0,11	0,13	-2,19	5,47	5,30	-5,55
Dorett * 101 - 23	-0,63	-0,14	-0,10	0,00	-0,62	-0,88	-0,83	-0,77	-0,71	0,08	0,04	-0,11	-0,71	-0,88	-0,14	0,78	-14,06	-2,62	-0,33	1,38
Dorett * 1 - B - 30	0,34	0,34	-0,04	-0,12	0,10	1,43	0,19	0,06	0,13	0,20	0,02	0,09	1,07	0,17	-0,09	-0,58	7,75	4,96	-1,19	-2,31
Dorett * 2 - B - 20	0,12	-0,31	-0,02	0,13	0,22	-1,43	1,18	0,84	0,35	-0,17	-0,11	0,05	-0,37	0,11	-0,33	-0,36	2,54	-3,60	-3,73	0,57
Golf * 1 - B - 86	0,26	-0,13	-0,01	-0,42	1,24	0,69	-0,08	0,04	0,18	0,09	-0,20	-0,38	0,30	-0,86	0,95	-0,32	4,08	-4,68	0,65	-9,78
Golf * 42 - 8	-0,65	0,38	-0,16	0,27	-0,66	1,18	-0,18	-0,45	-0,58	-0,01	-0,13	0,18	-0,93	0,91	-0,23	0,41	-14,65	6,22	-2,98	7,13
Golf * 41923	0,37	-0,61	0,06	0,12	-0,52	-3,75	0,15	0,37	0,42	-0,12	0,25	0,17	0,77	-0,52	-0,85	-0,13	10,84	-5,44	0,06	1,89
Harry * 101 - 23	-0,09	0,03	-0,16	-0,33	-0,76	1,07	1,48	-0,64	0,01	0,13	-0,30	-0,05	0,31	-0,54	-0,69	-0,72	0,69	-0,33	-7,18	-4,67
Harry * 42 - 6	-0,26	0,02	-0,10	-0,25	-0,06	0,08	-0,96	-0,76	-0,28	-0,13	-0,16	-0,28	-0,20	0,79	1,11	0,63	-6,00	1,24	0,60	-3,00
Harry * 41936	0,32	-0,11	0,15	0,54	0,79	-1,66	0,02	1,43	0,23	0,03	0,28	0,25	-0,11	-0,67	-0,85	0,09	4,75	-1,56	2,51	6,69
Klaxon * 1 - B - 86	-0,12	0,28	0,15	0,29	-0,35	-1,50	-0,05	-0,92	-0,47	0,26	0,28	0,27	0,83	0,57	-0,38	0,57	-2,69	10,17	3,62	8,84
Klaxon * 42 - 8	0,40	-0,06	0,13	-0,24	0,85	0,07	0,17	0,48	0,37	0,25	-0,21	-0,15	0,50	-0,87	1,48	-0,48	7,89	-1,04	3,37	-6,42
Klaxon * 41929	-0,32	-0,12	-0,25	-0,07	-0,66	0,64	0,15	0,32	0,03	-0,27	-0,17	-0,12	-1,31	0,21	-0,58	0,04	-5,82	-4,64	-6,61	-2,43
Lerche * 42 - 6	-0,05	0,18	0,08	-0,14	-0,76	0,05	-0,16	0,26	0,05	0,42	0,08	-0,19	0,02	-1,03	-0,19	-0,07	0,49	2,49	2,15	-3,98
Lerche * 41925	0,16	-0,13	-0,01	0,16	1,13	0,21	0,82	0,01	0,03	-0,24	-0,05	0,20	-0,05	0,05	-0,41	-0,25	1,51	-3,41	-2,26	2,76
Lerche * 41936	-0,16	0,04	-0,09	-0,06	-0,43	-0,58	-0,87	-0,21	-0,15	0,01	-0,05	-0,06	0,00	0,80	0,43	0,32	-3,22	3,67	0,49	-0,22

Tab. A52: SCA_{BC1-4} - Effekte in den Merkmalen Stroh, Ernteindex, Höhe und Grannenlänge für dreißig Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - *Wildgerste in vier Rückkreuzungsgenerationen.

Kreuzungs - kombinationen	Stroh			Ernteindex				Höhe				Grannenlänge				
	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
Apex * 101 - 23	- 0,28	- 0,29	- 0,12	0,16	0,040	0,016	0,020	0,005	- 4,62	- 1,21	- 3,72	0,74	- 0,38	- 0,06	0,44	- 0,03
Apex * 1 - B - 30	0,12	0,51	0,63	0,18	- 0,024	- 0,023	- 0,035	- 0,002	0,91	2,01	3,99	0,90	0,06	- 0,08	- 0,22	- 0,28
Apex * 41936	0,19	- 0,10	- 0,25	- 0,28	- 0,020	0,005	0,004	- 0,006	3,75	- 0,52	- 0,04	- 1,35	0,21	0,18	- 0,06	0,21
Arena * 42 - 8	0,26	- 0,17	0,09	0,09	0,004	- 0,011	- 0,003	- 0,003	0,17	- 2,49	- 1,84	- 0,50	0,49	- 0,06	- 0,04	0,04
Arena * 41923	- 0,39	0,63	0,20	- 0,24	0,001	- 0,005	- 0,005	- 0,002	1,42	3,18	2,60	0,57	- 0,65	0,04	- 0,14	- 0,30
Arena * 41925	0,12	- 0,31	- 0,39	0,07	- 0,008	0,009	0,009	0,003	- 1,70	- 0,51	- 1,86	0,35	0,14	- 0,01	0,17	0,13
Aura * 1 - B - 30	- 0,47	- 0,13	- 0,08	- 0,06	0,024	- 0,009	0,003	0,000	- 1,40	1,17	1,41	0,90	0,05	- 0,04	- 0,20	- 0,17
Aura * 2 - B - 20	0,18	0,00	0,13	0,05	- 0,016	0,003	0,001	0,000	- 0,33	- 1,59	0,16	0,62	0,04	0,11	0,17	0,17
Aura * 41929	0,26	0,39	- 0,17	0,07	- 0,010	- 0,006	- 0,002	- 0,003	1,40	1,61	- 1,36	- 0,95	- 0,10	- 0,26	- 0,12	- 0,17
Beate * 1 - B - 86	- 0,17	- 0,30	- 0,28	0,03	- 0,001	0,004	- 0,001	0,006	- 3,92	- 1,81	- 1,45	0,25	0,04	0,09	0,09	- 0,14
Beate * 2 - B - 20	0,44	0,39	- 0,24	- 0,11	- 0,021	- 0,007	- 0,003	- 0,003	2,99	3,53	- 1,32	- 1,36	0,12	- 0,30	- 0,09	0,06
Beate * 41929	- 0,22	0,23	0,46	0,07	0,020	- 0,013	0,004	- 0,002	0,79	0,91	2,68	1,45	- 0,20	- 0,14	- 0,08	0,12
Berolina * 42 - 6	- 0,20	0,12	0,02	0,29	0,024	- 0,013	- 0,001	0,008	- 1,78	1,47	0,66	- 0,06	- 0,07	- 0,10	0,08	0,25
Berolina * 41923	0,18	- 0,49	- 0,43	- 0,17	- 0,017	0,011	0,008	0,001	- 0,08	0,00	- 1,39	- 0,23	0,34	- 0,01	0,16	0,35
Berolina * 41925	0,01	0,36	0,32	- 0,15	- 0,010	- 0,001	- 0,008	- 0,006	1,67	- 0,98	0,63	0,52	- 0,29	- 0,06	- 0,50	- 0,49
Dorett * 101 - 23	0,21	1,23	0,14	0,04	- 0,048	- 0,061	- 0,011	- 0,004	3,42	6,90	1,66	0,32	0,35	0,09	- 0,12	- 0,05
Dorett * 1 - B - 30	0,39	- 0,23	- 0,38	- 0,13	0,001	0,027	0,012	0,001	0,38	- 2,77	- 4,80	- 1,04	- 0,13	0,14	0,38	0,25
Dorett * 2 - B - 20	- 0,46	- 0,15	- 0,04	0,07	0,028	- 0,009	0,005	0,004	- 2,56	0,68	1,14	1,32	- 0,17	- 0,22	- 0,21	- 0,30
Golf * 1 - B - 86	- 0,41	- 0,09	- 0,27	- 0,33	0,032	- 0,001	0,012	- 0,006	- 2,03	- 0,37	0,64	- 0,71	0,34	0,18	- 0,02	0,11
Golf * 42 - 8	0,16	0,33	0,02	0,08	- 0,042	0,004	- 0,008	0,005	3,00	3,44	0,46	0,73	- 0,71	- 0,02	0,09	- 0,01
Golf * 41923	0,15	- 0,32	0,11	0,25	0,014	- 0,018	- 0,002	- 0,001	- 1,67	- 4,65	- 1,10	0,16	0,27	- 0,34	- 0,14	- 0,08
Harry * 101 - 23	0,14	- 0,10	- 0,12	- 0,22	- 0,012	0,003	0,004	- 0,005	2,87	- 0,75	- 3,97	- 1,08	0,03	- 0,06	- 0,13	0,04
Harry * 42 - 6	- 0,17	- 0,40	- 0,18	- 0,15	- 0,008	0,024	0,003	- 0,003	- 0,06	- 1,67	- 0,70	0,06	- 0,06	- 0,10	- 0,26	- 0,27
Harry * 41936	0,07	0,87	0,20	0,34	0,015	- 0,049	- 0,003	0,008	- 2,06	5,04	0,17	1,30	- 0,10	- 0,08	0,29	0,12
Klaxon * 1 - B - 86	0,49	0,78	0,55	0,31	- 0,031	- 0,016	- 0,019	- 0,002	5,51	3,18	0,06	0,67	- 0,43	- 0,40	- 0,13	- 0,01
Klaxon * 42 - 8	- 0,35	- 0,07	- 0,43	- 0,19	0,037	0,001	0,028	- 0,003	- 3,47	- 1,11	0,15	- 0,22	0,16	0,08	- 0,12	- 0,07
Klaxon * 41929	- 0,13	- 0,29	- 0,26	- 0,12	- 0,010	0,004	- 0,001	0,004	- 2,32	- 1,27	- 0,72	- 0,17	0,25	0,18	0,08	- 0,03
Lerche * 42 - 6	0,35	0,57	0,12	- 0,06	- 0,020	- 0,018	- 0,002	- 0,003	1,81	0,85	- 1,30	0,38	0,05	0,19	0,04	- 0,03
Lerche * 41925	- 0,13	0,14	- 0,02	0,06	0,016	- 0,014	- 0,001	0,003	- 0,12	1,92	0,80	- 0,63	0,14	0,03	0,12	0,28
Lerche * 41936	- 0,28	- 0,40	- 0,09	- 0,02	0,003	0,024	0,001	0,000	- 2,11	- 2,20	- 0,24	0,47	- 0,22	- 0,20	- 0,29	- 0,32

Tab. A53: SCA_{BC1-4} - Effekte in den Merkmalen vegetative, generative, gesamte Wachstumsdauer und Wachstumsrate bis zur Ernte für dreißig Kreuzungskombinationen eines unvollständigen Faktoriells von Kultur - *Wildgerste in vier Rückkreuzungsgenerationen.

Kreuzungs- kombinationen	veg. Wachstumsdauer				gen. Wachstumsdauer				gesamte Wachstumsdauer				Wachstumsrate bis zur Ernte			
	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄	BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
Apex * 101-23	-17,20	-0,53	-18,45	-0,51	12,17	-3,66	15,34	2,79	-5,56	-0,38	-8,35	-1,15	1,70E-04	-2,12E-04	2,47E-04	3,38E-04
Apex * 1-B-30	-5,76	-2,62	45,38	-13,78	4,82	2,89	-24,38	10,67	0,85	1,97	19,77	-5,33	-1,65E-04	4,07E-04	2,31E-04	2,78E-04
Apex * 41936	21,48	7,24	13,00	12,74	-17,94	3,30	-10,14	-10,07	-0,60	0,94	1,83	1,56	-9,73E-06	-8,55E-05	-3,09E-04	-5,57E-04
Arena * 42-8	17,24	28,37	1,03	-3,22	-23,49	-18,19	2,24	3,23	-2,87	3,94	-4,66	-4,23	4,42E-04	-4,20E-04	1,78E-04	5,96E-06
Arena * 41923	-27,50	-17,97	-1,75	5,55	35,64	19,35	1,78	0,37	0,44	3,30	0,24	5,15	-5,90E-04	7,95E-04	2,10E-04	-3,75E-04
Arena * 41925	10,45	-3,76	8,32	-5,15	-13,39	-5,21	-8,22	-0,66	-0,76	-5,45	0,74	-6,47	9,45E-05	-2,97E-04	-4,97E-04	2,18E-04
Aura * 1-B-30	-35,86	13,40	11,93	18,77	20,09	-17,02	-17,82	-27,36	-8,28	-1,39	-4,64	-8,22	-2,84E-04	-3,33E-04	-4,97E-05	-5,63E-05
Aura * 2-B-20	32,89	0,86	18,65	1,47	-17,35	8,30	-18,88	-0,66	3,57	2,92	-1,37	0,08	2,40E-05	-9,42E-06	2,20E-04	1,13E-04
Aura * 41929	-2,42	-12,71	-28,86	-28,38	-2,69	6,54	32,33	31,59	1,77	-5,78	0,92	3,58	2,17E-04	5,68E-04	-3,08E-04	-2,80E-05
Beate * 1-B-86	-6,98	-3,48	6,44	-1,31	-1,63	-1,38	-10,75	1,66	-2,38	-1,59	-1,34	-0,43	-3,07E-04	-3,16E-04	-4,67E-04	1,28E-04
Beate * 2-B-20	-1,02	3,46	-21,60	-4,61	-4,38	-4,64	25,69	8,41	1,30	-5,71	-0,64	2,40	3,33E-04	5,57E-04	-3,91E-04	-2,77E-04
Beate * 41929	6,88	3,72	22,88	5,38	3,36	-1,09	-26,99	-9,03	-1,20	-0,20	-3,01	-4,99	1,73E-05	3,12E-05	7,59E-04	1,41E-04
Berolina * 42-6	-22,33	18,78	-6,73	-2,39	15,58	-15,62	6,17	0,61	-1,43	5,72	-0,58	-0,97	4,87E-07	-5,74E-06	5,97E-06	6,04E-04
Berolina * 41923	11,36	12,79	16,92	15,48	-15,48	-20,23	-17,25	-24,75	-3,13	-8,12	-1,90	-11,38	8,86E-05	-5,25E-04	-5,39E-04	-1,34E-04
Berolina * 41925	8,77	-27,55	-4,43	-10,92	-3,52	31,43	1,99	14,19	0,89	-2,44	-2,65	0,99	-1,15E-04	4,89E-04	3,99E-04	-4,28E-04
Dorett * 101-23	-7,78	28,29	14,62	-0,24	5,16	-16,89	-12,82	-3,77	-0,54	7,04	0,50	-3,85	-3,07E-04	8,17E-04	1,25E-05	3,75E-05
Dorett * 1-B-30	50,58	-5,97	-23,83	-3,55	-36,68	13,32	30,43	12,78	5,66	1,32	2,42	4,58	5,52E-04	6,14E-05	-3,13E-04	-2,28E-04
Dorett * 2-B-20	-32,64	-1,99	11,99	4,42	17,69	-11,14	-13,86	-11,60	-6,97	-5,74	-1,03	-7,34	-2,52E-04	-3,24E-04	1,93E-05	1,89E-04
Golf * 1-B-86	-31,54	-22,41	5,96	9,28	20,62	27,37	-9,04	-8,21	-12,52	-0,96	-2,40	-0,43	-5,39E-05	-1,34E-04	-2,23E-04	-5,90E-04
Golf * 42-8	12,62	10,43	4,14	5,98	-1,18	-16,26	-2,29	-6,56	6,28	-0,61	1,40	-0,17	-4,08E-04	4,83E-04	-1,19E-04	2,71E-04
Golf * 41923	14,14	22,80	-7,85	-15,13	-17,63	-20,62	7,42	13,35	-0,13	-1,15	-2,20	-1,87	4,00E-04	-6,39E-04	1,44E-04	2,95E-04
Harry * 101-23	19,48	-9,81	55,82	0,37	-17,99	10,30	-23,89	3,47	-0,72	-5,68	29,85	0,00	-2,61E-06	-5,30E-05	-1,68E-04	-4,55E-04
Harry * 42-6	-10,07	-24,40	2,29	7,50	-1,34	14,73	-7,78	-11,36	-10,55	-11,41	-7,43	-3,73	-2,65E-04	-2,49E-04	-1,41E-04	-2,98E-04
Harry * 41936	-12,22	50,92	-2,33	-8,87	17,14	-37,67	5,73	9,49	5,53	16,55	0,74	-1,82	2,74E-04	5,38E-04	2,18E-04	6,92E-04
Klaxon * 1-B-86	32,56	35,06	-4,52	-8,76	-18,16	-33,36	20,55	9,13	7,67	1,09	1,64	-5,65	2,40E-04	7,62E-04	5,39E-04	4,64E-04
Klaxon * 42-8	-29,93	-42,37	5,18	-2,74	19,74	40,49	-6,52	4,03	-7,24	-1,62	2,34	-0,40	6,71E-05	-4,48E-05	-1,63E-04	-3,24E-04
Klaxon * 41929	-5,52	11,40	10,95	11,11	-3,30	-9,51	-15,90	-11,34	-3,48	1,00	-3,67	-0,54	-3,27E-04	-3,40E-04	-3,75E-04	-1,22E-04
Lerche * 42-6	29,17	10,51	26,62	-8,44	-15,15	1,83	-14,25	9,96	8,42	9,80	11,67	-1,84	1,91E-04	5,21E-04	7,91E-05	-1,49E-04
Lerche * 41925	-19,56	31,56	-0,40	12,33	14,04	-22,29	-0,56	-13,13	-2,36	7,93	-2,29	-0,79	1,96E-05	-3,40E-05	-2,74E-05	1,62E-04
Lerche * 41936	-12,97	-36,98	-7,56	-6,06	0,46	20,84	1,25	3,30	-8,93	-13,40	-5,81	-2,19	-2,88E-04	-2,19E-04	-9,05E-05	-6,04E-05

Tab. A54: Rangkorrelationen zwischen den Rückkreuzungsgenerationen (BC₁ - BC₄) für die relativen Anteile der im Hinblick auf den **Karyopsenertrag** nach Selektionskriterium 1 bzw. 2 transgressiven Linien innerhalb verschiedener Teilpopulationen eines unvollständigen Kreuzungsfaktoriells von Kultur - * Wildgerste.

Selektionskriterium 1					
Kultureltern		BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
	BC ₁		0,23	0,39	- 0,22
	BC ₂			- 0,13	0,33
	BC ₃				- 0,18
Wildeltern		BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
	BC ₁		0,49	0,55 ⁺	0,18
	BC ₂			0,36	- 0,19
	BC ₃				- 0,01
Kreuzungskombinationen		BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
	BC ₁		0,05	0,28	- 0,01
	BC ₂			- 0,03	- 0,03
	BC ₃				- 0,02
Selektionskriterium 2					
Kultureltern		BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
	BC ₁		0,32	0,45	0,58 ⁺
	BC ₂			0,56 ⁺	0,14
	BC ₃				0,37
Wildeltern		BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
	BC ₁		0,02	- 0,17*	0,08
	BC ₂			0,70	- 0,18
	BC ₃				- 0,10
Kreuzungskombinationen		BC ₁	BC ₂	BC ₃	BC ₄
	BC ₁		- 0,10	- 0,08	0,15
	BC ₂			0,44*	0,12
	BC ₃				0,08

Danksagung

Mein herzlichster Dank gilt Herrn Prof. Dr. J. Léon für die Überlassung des interessanten Themas, wie auch für die zahlreichen Anregungen zur statistischen Auswertung des umfangreichen Datenmaterials. Die Möglichkeit zahlreiche Institutsversuche zu bearbeiten, Diplomanden zu betreuen, Vorlesungen und Übungen zu halten und vieles mehr, hat es mir ermöglicht mir Kenntnisse anzueignen, die auch weiterhin hilfreich sein werden.

Herrn Prof. Dr. H. Goldbach danke ich sehr herzlich für die freundliche Bereitschaft zur Übernahme des Korreferats, der Atmosphäre im Institut für Agrikulturchemie sowie für die wahre Aussage, dass alle Themen interessant sind, wenn man sich mit ihnen intensiv genug befasst.

Mein herzlicher Dank gilt allen Mitarbeitern und Kollegen im Institut für Pflanzenbau. Insbesondere möchte ich mich bedanken bei Frau K. Müller, Frau Dr. B. Blank, Frau F. Fahnl, Herrn C. Golletz, Frau M. Noschintzki, Herrn Dr. H. von Franken-Welz, Frau Dr. A. Binder, Frau Dr. M. von Korff, Frau N. Grabau, Herrn und Frau Riebeling, Frau M. Haverkamp, Frau G. Mebus, Frau K. Woitol, Frau Dr. A. Gay, Herrn T. Reetz, Herrn Höckling, Herrn Pock und den zahlreichen LTA-Schülern und studentischen Hilfskräften für die Hilfe bei Erntearbeiten, Körner zählen und vielen anderen langwierigen Arbeiten. Ganz besonders möchte ich mich für die Hilfsbereitschaft und die gute Laune bei der Ernte unter sengender Sonne und der Aufarbeitung von tausenden von Proben bedanken.

Bedanken möchte ich mich auch bei den Mitarbeitern des Dikopshofs für die stets sorgfältige und zuverlässige Durchführung der Bewirtschaftungsmaßnahmen und das hervorragende Mittagessen, das alle Helfer bei den Erntearbeiten aufrechterhalten hat. Besonders bedanken möchte ich mich bei den Versuchs Technikern des Dikopshofs deren große Fachkenntnis zur Versuchsanlage und -durchführung einen Feldversuch in dieser Größenordnung erst möglich gemacht haben. Bei Herrn Bungert möchte ich mich außerdem für das große Engagement und die trotz allem gute Stimmung in Situationen wie einer 12 - stündigen Aussaat mit aufziehendem Gewitter bedanken.

Bei Herrn T. Langenohl möchte ich mich sehr dafür bedanken, dass er mich immer bei der Vollendung der Arbeit unterstützt hat.

Ich möchte mich auch bei meinen Freunden, Frau Dr. C. Klein, Frau A. Schroer, Herrn Dr. J. Pfeiffer, Herrn C. Wagner, Frau Helten und allen Anderen bedanken, die sich über Jahre Geschichten über Gerste und Statistik angehört haben. Dies gilt natürlich ganz besonders für meine Mutter, meine Tante und Herrn S. Seiffert, die mich unterstützt haben und immer geglaubt haben, dass die Arbeit fertig wird.