

Universität für Bodenkultur Wien

University of Natural Resources and Life Sciences Vienna

Department für Nutzpflanzenwissenschaften

Abteilung für Pflanzenzüchtung

Einfluss des *Dt2*-Gens der Sojabohne auf agronomische Merkmale und Inhaltsstoffe

eingereicht von

Name: Lukas Hausenberger, BSc.

Matrikelnummer: 0984872

Studiengang: Nutzpflanzenwissenschaften

Betreuer: Ao.Univ.Prof. Dipl.-Ing. Dr.nat. techn. Johann Vollmann

Abstract:

Deutsch:

Diese Arbeit behandelt den Einfluss des *Dt2*-Gens der Sojabohne auf agronomische Merkmale und Inhaltsstoffe. Das *Dt2*-Gen ist ein Gen das für eine semideterminierte Wuchsform bei der Sojabohne codiert. Der Versuch wurde 2015 an zwei Standorten (Tulln und Groß Enzersdorf) angelegt, betreut und geerntet. Hierbei wurden vier $F_{2:4}$ -Linien aus der Kreuzungen der Sorten „Christine“, „Gallec“, „Sigalia“ und „ES Mentor“ verwendet. Es konnten an beiden Standorten signifikante Unterschiede in der Wuchshöhe zwischen *Dt2*- und *dt2*-Pflanzen festgestellt werden. Beim Ertrag konnten an beiden Standorten keine signifikanten Unterschiede zwischen *Dt2*- und *dt2*-Pflanzen festgestellt werden. Bei den anderen Merkmalen zeigten sich an den Standorten unterschiedliche Ergebnisse. Genetisches Material mit semideterminiertem Wuchs (*Dt2*) sollte weiterbearbeitet werden, da sich hier noch einiges Potenzial verbirgt, um bei den Sorten, die einer Reifegruppe mit früher Reife angehören, das Ertragspotenzial zu erhöhen.

Englisch:

This Master's thesis is about the influence of the *Dt2*-gene of soybeans on agronomic traits and ingredients. The *Dt2* gene is a gene that codes for a semidetermined growth form in the soybean. The experiment was designed, managed and harvested in 2015 at two locations (Tulln and Groß Enzersdorf). Four $F_{2:4}$ lines from the crosses of the varieties "Christine", "Gallec", "Sigalia" and "ES Mentor" were used. Significant differences in the growth rate between *Dt2* and *dt2* plants were observed at both sites. There was no significant difference between *Dt2* and *dt2* plants at both sites. The other characteristics showed different results at the sites. Genetic material with semidetermined growth (*Dt2*) should be further processed, since there is still a lot of potential to increase the yield potential for the varieties which belong to a mature group with early maturity.

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung	4
1.1 Ziel:	4
1.2 Forschungsfrage:	4
1.3 Soja – Geschichte:	5
1.4 Sojabohne allgemein:	6
1.5 Dt2:	10
2. Material & Methoden	12
2.1 Standortbeschreibung:	12
2.1.1 Standort Tulln:	12
2.1.2 Standort Groß Enzersdorf:	13
2.2 Laborarbeit	13
2.2.1 Prinzip von NIRS:	15
2.3 Statistik:	16
3. Ergebnisse	17
4. Diskussion	31
5. Schlussfolgerung und Ausblick	32
6. Literaturverzeichnis	34

1. Einleitung

Diese Masterarbeit behandelt das *Dt2*-Gen der Sojabohne und dessen Einfluss auf verschiedene agronomische Merkmale und Inhaltsstoffe. In Zuge dessen wurde eine Nachkommenschaftsprüfung in der Sojabohne (*Glycine max (L.) Merr.*) an zwei Standorten (Groß Enzersdorf und Tulln) durchgeführt.

Das Thema *Dt2* wurde bereits in den 1980er und 1990er Jahren bearbeitet und danach vernachlässigt. Die Forschungsarbeit wurde erst wieder vor ca. sieben Jahren aufgenommen.

1.1 Ziel:

Ziel dieses Versuches war es, herauszufinden, ob das *Dt2*-Gen der Sojabohne Einfluss auf agronomische Merkmale und die Inhaltsstoffe hat und ob es lohnenswert ist, das *Dt2*-Gen weiter zu bearbeiten.

Das *Dt2*-Gen ist ein Gen das für eine semideterminierte Wuchsform bei der Sojabohne codiert, wobei *Dt2* die dominante Variante des Gens darstellt. Die rezessive Variante des Gens wird durch *dt2* dargestellt. Das *Dt2*-Gen steht in Wechselwirkung mit dem *Dt1*-Gen, wobei auch hier *Dt1* für die dominante Variante des Gens steht und *dt1* für die rezessive Variante des Gens steht. Das *Dt2*-Gen und das *Dt1*-Gen beeinflussen sich gegenseitig, wobei je nach Kombination von dominanten und rezessiven Formen der Gene *Dt1* und *Dt2* die Wuchsform beeinflusst wird.

Weitere Informationen zu *Dt2* sind unter dem Punkt *Dt2* angeführt.

1.2 Forschungsfrage:

Aus dieser Zielsetzung ergeben sich die folgenden Fragen:

Hat das *Dt2*-Gen einen Einfluss auf den Ertrag und andere agronomische Merkmale?

Hat das *Dt2*-Gen einen Einfluss auf die Inhaltsstoffe?

1.3 Soja – Geschichte:

Woher stammt die Sojabohne? Diese Frage ist relativ leicht zu beantworten. Es gibt Belege dafür, dass die Kultivierung der Sojabohne in China ihren Ursprung hat. Die Wildform der Sojabohne (*Glycine soja*) ist eine einjährige Pflanze, die nur ein begrenztes Verbreitungsgebiet hat. Dieses Gebiet umfasst China, Korea, Japan und den östlichen Teil Russlands. In China gibt es den größten Genpool für Sojabohnen. Über die genaue Herkunft der Sojabohne gibt es vier verschiedene Theorien. Die erste Theorie besagt, dass die Sojabohne aus Nordost-China stammt. Diese Theorie nennt als Grund dafür, dass in dieser Region viele der ursprünglichen Wildsojabohnen verbreitet sind, die sonst nirgends vorkommen. In der zweiten Theorie wird gesagt, dass die Sojabohne aus der Huanghuai-Region in China stammt. Die Huanghuai-Region wird gebildet aus Zentralchina und dem bergigen Westchina und der angrenzenden Tiefebene und ist laut VAVILOV (1982) die größte der acht unabhängigen Herkunftsregionen für die Hauptfrüchte der Welt. Eine der wichtigsten einheimischen Arten dieser gemäßigten Zone ist die Sojabohne. Daraus ergibt sich eine sehr hohe genetische Vielfalt in diesem Gebiet. Die dritte Theorie besagt, dass die Sojabohne aus Südchina stammt. Aufgrund der weiten Verbreitung von Wildsojabohnen und der Vielfalt an Ausgangssorten der Sojabohne in Südchina und dem ausgeprägten Kurztag-Charakter der Sojabohne dachte WANG (1947), dass der Ursprung der Sojabohne Südchina sein müsste. Die letzte Theorie besagt, dass es mehrere Ursprungsregionen gibt. Zu dieser Theorie stellte LÜ (1978) drei Argumente auf, warum die Sojabohne nicht nur aus einer Region stammen kann, sondern aus mehreren Regionen stammt. Sowohl im Norden als auch im Süden Chinas gab es frühentwickelte Kulturen, die jeweils, die in ihren Regionen vorkommende Wildsojabohne kultivierten und als Nahrungsmittel verwendeten. Als zweites Argument führte er an, dass sowohl Wildsojabohnen als auch bereits kultivierte Sojabohnen in denselben Regionen auftraten. Drittens merkte er an, dass der in gewissen Sorten mehr und in anderen Sorten weniger ausgeprägte Kurztag-Charakter der Sojabohne darauf schließen lasse, dass sie aus verschiedenen Regionen Chinas stammen müsse (vgl. QIU, und CHANG, 2010, 2ff).

Vor circa 3700 Jahren, zu Zeiten der Shang und Yin Dynastien, tauchte das erste Mal das Wort Sojabohne auf Knochen und Schildkrötenpanzern auf (vgl. QIU und CHANG, 2010, 2).

Die Wildsojabohne wurde von den alten Völkern domestiziert. Ein Beweis dafür ist die Anzahl der Chromosomen, denn sowohl in Wildsojabohne als auch in der Kulturform gilt $2n = 40$. Das Genom von *Glycine soja* und *Glycine max (L.) Merr.* stimmen ebenfalls überein. Daraus folgt, dass sich die beiden Arten ohne Probleme miteinander kreuzen lassen und eine vitale F1-Generation mit gutem Feldaufgang bekommen. Weiters kann man sehen, dass es zu keiner isolierten Entwicklung der beiden Arten kam und sie nahe verwandt sind. Ein weiterer Beweis ergibt sich, wenn *Glycine soja* und *Glycine max (L.) Merr.* miteinander gekreuzt werden. Man kann sehen, dass die Korngröße, Pflanzengröße und andere Merkmale als quantitative Merkmale vererbt werden, wobei intermediäre Typen auftreten können (vgl. QIU und CHANG, 2010, 9).

1.4 Sojabohne allgemein:

Die Sojabohne ist weltweit eine der wichtigsten Körnerleguminosen, da sie einen sehr hohen Proteingehalt von circa 40 % und gleichzeitig einen hohen Ölgehalt von ca. 20 % hat. Im Jahr 2014 wurden weltweit 308,4 Mio. Tonnen Sojabohnen produziert, wobei Nord- und Südamerika mit 87,9 % (entspricht einer Erntemenge von 271,2 Mio. Tonnen) die größten Produktionsgebiete sind. Weiters folgen Asien mit 8,4 % (25,7 Mio. Tonnen), Europa mit 2,9 % (9 Mio. Tonnen), Afrika mit 0,8 % (2,3 Mio. Tonnen) und Ozeanien mit weniger als 0,1 % (80.000 Tonnen). Der durchschnittliche Ertrag weltweit beträgt 2620,1 kg/ha. Die Top 5 Produktionsländer 2014 waren die USA (108 Mio. Tonnen), Brasilien (86,7 Mio. Tonnen), Argentinien (53,4 Mio. Tonnen), China (12,2 Mio. Tonnen) und Indien (10,5 Mio. Tonnen). Die Sojaproduktion in der Europäischen Union (EU) betrug für das Jahr 2014 1,8 Mio. Tonnen, bei 3231,5 kg/ha. In Österreich wurden im Jahr 2014 118.100 Tonnen Sojabohne erzeugt, bei einem durchschnittlichen Ertrag von 2696,3 kg/ha (vgl. FAO,2016).

Tabelle 1: Weltweite und EU-weite Produktion von verschiedenen Feldfrüchten aus dem Jahr 2014 (adaptiert von FAO, 2016).

Weltweit		EU	
Feldfrucht	geerntete Fläche (ha)	Feldfrucht	geerntete Fläche (ha)
Weizen	221.615.921	Mais	9.618.499
Mais	183.319.737	Sonnenblume	4.223.149
Rohreis	163.246.747	Weizen	2.670.667
Sojabohne	117.718.624	Gerste	1.237.094
Gerste	49.561.667	Sojabohne	573.904
Sonnenblume	24.761.611	Rohreis	431.062
Saflor (Öldistel)	1.010.180	Mohn	78.324
Mohn	106.183	Saflor (Öldistel)	70

Tabelle 1 zeigt einen Vergleich verschiedener Feldfrüchte aus dem Jahr 2014, bezogen auf geerntete Fläche. Weltweit gesehen ist die Sojabohne eine bedeutende Frucht mit mehr als 117 Mio. ha geernteter Fläche. In der EU ist die Sojabohne nicht ganz so beliebt mit etwas mehr als 573.000 ha geernteter Fläche.

Tabelle 2: Weltweite Ölproduktion der wichtigsten Ölpflanzen aus dem Jahr 2012 (adaptiert von FAO, 2016).

Crop	Speiseölproduktion (in Mio. t)
Palmöl	53,27
Sojaöl	41,54
Rapsöl	23,57
Sonnenblumenöl	14,95
Palmkernöl	6,05
Baumwollsamensamenöl	5,30
Olivenöl	3,32
Kokosnussöl	3,30
Maisöl	2,35
Sesamöl	1,28
Leinöl	0,54
Safloröl	0,14

In Tabelle 2 sieht man, welche Rolle die Sojabohne weltweit spielt. Sojaöl ist mengenmäßig das zweitmeist erzeugte Öl, nach Palmöl.

Die im Sojaöl hauptsächlich vorkommende Fettsäure ist die Linolsäure. Die Verwendungszwecke des Öls reichen von Speiseöl über Produktion von Brat- und Backfetten bis zur Margarineproduktion. Der für die Lebensmittelindustrie und die Pharmazie wichtige Rohstoff Lecithin fällt bei der Raffination von Sojaöl an und dient als Emulgator (vgl. LIEBEREI et al, 2012, 132).

Ackerflächen 2015: Öfrüchte - Soja nach Gemeinden

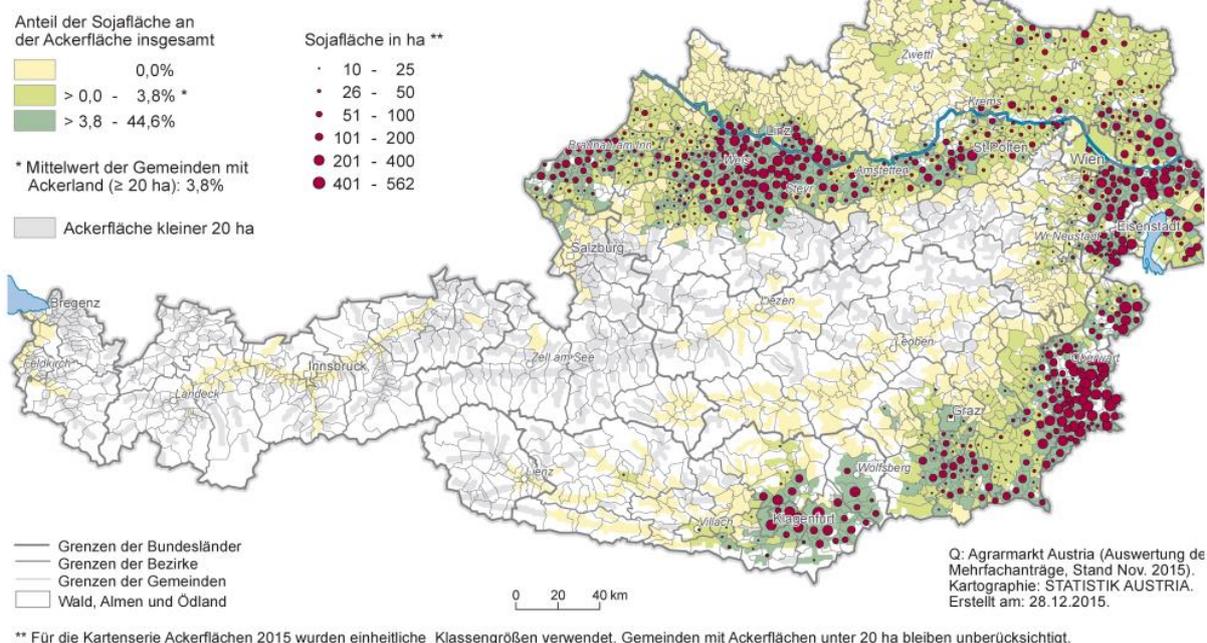


Abbildung 1: Sojafläche in Österreich 2015 (Einteilung nach Gemeinden) (Statistik Austria, 2015).

Wie man in Abbildung 1 sieht, spielt sich der Sojaanbau in Österreich in warmen Lagen mit ausreichendem Niederschlag bzw. mit Bewässerungsmöglichkeit ab. Als Beispiel wäre hier das Linzer Becken, das Westbahngebiet und die Gebiete entlang der Donau zu nennen. Doch auch im Klagenfurter Becken, großen Teilen des Burgenlandes, in der Südoststeiermark und im Wiener Becken wird die Sojabohne angebaut.

Tabelle 3: Sojabohne Anbauflächen, Ernte und Ertrag dargestellt pro Bundesland (adaptiert von Statistik Austria, 2015).

Bundesland	Anbaufläche in ha	Ernte gesamt in t	Ertrag in dt/ha
Burgenland	18.716	42.860	22,9
Kärnten	3.971	12.309	31,0
Niederösterreich	14.917	31.773	21,3
Oberösterreich	14.158	31.006	21,9
Salzburg	36	116	32,3
Steiermark	5.014	18.000	35,9
Tirol	2	7	33,0
Vorarlberg	0	0	0,0
Wien	81	124	15,3
Österreich 2015	56.895	136.195	23,9

Tabelle 3 zeigt die Anbauflächen, die Erntemenge und den Ertrag für jedes Bundesland und für Österreich gesamt für das Jahr 2015. Das Burgenland war 2015 flächenmäßig Spitzenreiter gefolgt von Niederösterreich und Oberösterreich. Der höchste Ertrag konnte in der Steiermark erzielt werden gefolgt von Tirol und Kärnten.

In Österreich werden jedoch unterschiedliche Reifegruppen verwendet, die dabei am häufigsten zum Einsatz kommenden Reifegruppen die Gruppen: 0, 00 und 000. Es gibt auch extrem frühreife Sorten, welche der 0000-Gruppe zugeordnet werden, aber auch spätreife Sorten, welche der I-Gruppe zugeordnet werden (vgl. BERGER et al, 1994, 204). Es gibt aber auch noch andere Reifegruppen, welche im folgenden Absatz behandelt werden.

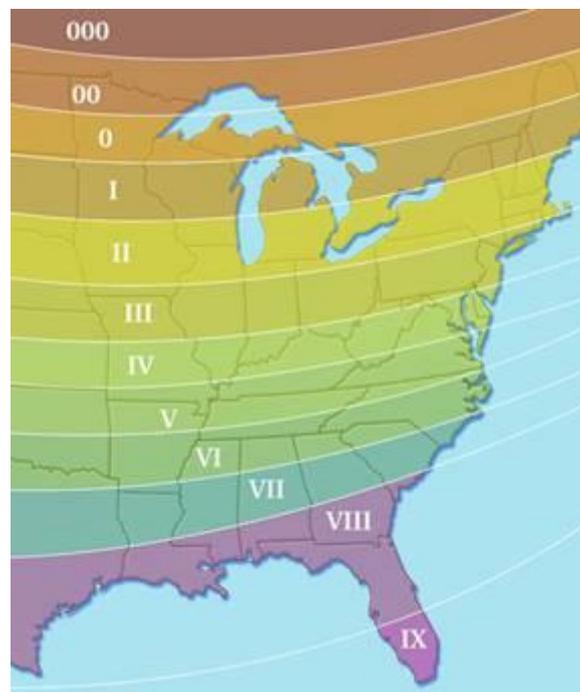


Abbildung 2: Einteilung der Reifegruppen in den USA (University of Missouri, 2016).

Wie in Abbildung 2 zu sehen ist, gibt es auch in den USA und Kanada unterschiedliche Reifegruppen. Je höher die Reifegruppe, umso länger ist die Vegetationsperiode. Im Süden der USA kommen die Reifegruppen VIII und IX vor und im Norden sind es die Reifegruppen 0, I und II, welche für diese Gegend am besten geeignet sind. In Kanada werden in etwa dieselben Reifegruppen wie in Europa verwendet. Was man noch aus der Grafik herauslesen kann ist, dass die Reifegruppen ungefähr mit den Breitengraden korrespondieren.

1.5 *Dt2*:

Die wichtigsten Fragen die sich stellen sind:

- Was ist das *Dt2*-Gen? Durch welche anderen Gene wird es beeinflusst?
- Welche anderen Gene werden durch das *Dt2*-Gen beeinflusst?
- Wofür codiert es?
- Welche Formen von *Dt2* gibt es, und was bewirken sie?

Das *Dt2*-Gen ist ein Gen, das für eine semideterminierte Wuchsform bei der Sojabohne codiert, wobei *Dt2* die dominante Variante des Gens darstellt. Die rezessive Variante des Gens wird durch *dt2* dargestellt. Das *Dt2*-Gen steht in Wechselwirkung mit dem *Dt1*-Gen, wobei auch hier *Dt1* für die dominante Variante des Gens steht und *dt1* für die rezessive Variante des Gens steht. Das *Dt2*-Gen und das *Dt1*-Gen beeinflussen sich gegenseitig, wobei je nach Kombination von dominanten und rezessiven Formen der Gene *Dt1* und *Dt2* die Wuchsform beeinflusst wird.

Bei dem determinierten Wuchstyp (*dt1*, *dt1*, *Dt2*, *Dt2* oder *dt1*, *dt1*, *dt2*, *dt2*) stoppt das vegetative Wachstum kurz nach dem Beginn der Blüte. Das liegt daran, dass durch das Beenden des vegetativen Wachstums die Terminalknospe zu einem Blütenstand umgewandelt wird. Das Beenden des vegetativen Wachstums reduziert den Zuwachs der Nodien, was wiederum die Gesamtzahl der Nodien von determinierten Wuchstypen reduziert. Der determinierte Phänotyp ist durch einen großen Blütenstand an der Triebspitze charakterisiert. Determinierte Pflanzen besitzen sowohl Achselblütentrauben, als auch Einzelblüten an den Triebenden. Determinierte Pflanzen zeichnen sich während der Reife durch einen kürzeren, dickeren Stamm aus, mit wesentlich weniger Nodien am Hauptstamm als Pflanzen des indeterminierten Wuchstyps. Das vegetative Wachstum des Hauptstammes von determinierten Linien endet kurz nach Beginn der Blüte, aber diese Linien produzieren weiter Nodien auf den Nebentrieben bis in die späte Samenbildung. GAI et al. (1984) stellte fest, dass determinierte Linien eine höhere Neigung zur Verzweigung besitzen, als indeterminierte Linien. Das vegetative Wachstum wird bei determinierten Linien bis zum Beginn der Blüte fortgesetzt, aber es werden weniger Nodien am Hauptstamm produziert.

Dieser Wuchstyp kommt normalerweise nicht vor. Alle Sorten, die in Österreich zum Anbau kommen, haben das *Dt1*-Gen in der dominanten Form vorliegen, da sie ansonsten ausschließlich zwergwüchsig wären.

Bei Pflanzen des indeterminierten Stammtyps (*Dt1, Dt1, dt2, dt2*) geht das Stammwachstum und die Nodienproduktion am Hauptstamm auch nach dem Beginn der Blüte in den Achselnodien weiter. Diese Pflanzen haben mehr Nodien am Hauptstamm während der Reife, als die determinierten Pflanzen, wenn sie nebeneinander wachsen. Dieser Phänotyp besitzt einen ziemlich langen, sich verjüngenden Stamm mit dünnen Internodien nahe der Spitze der Pflanzen (vgl. BERNARD, 1972; HARTUNG et al., 1981).

Zusätzlich treten intermediäre Stammtypen auf, die sogenannten Semi-Determinierten (*Dt1, Dt1, Dt2 Dt2*) (vgl. BERNARD, 1972; THOMPSON et al., 1997). Bei diesem Stammtypen stoppt die Nodienproduktion am Hauptstamm nicht während der Blüte, wie bei den anderen Stammtypen. Diese Phänotypen werden nicht so groß wie Pflanzen des indeterminierten Wuchstypus, aber haben weniger Nodien am Hauptstamm.

Die Allele an den Dt-Loci haben einen starken Einfluss auf die Anzahl der Nodien am Hauptstamm (vgl. BERNARD, 1972; THOMPSON et al., 1997; CURTIS et al., 2000). Determinierte Pflanzen sind von den beiden anderen Wuchstypen deutlich unterscheidbar, da determinierte Pflanzen zu Beginn der Blüte die Nodienproduktion und daher auch das Wachstum beenden. Es ist wesentlich schwieriger zwischen semideterminierten und indeterminierten Pflanzen zu unterscheiden (BERNARD, 1972). Beide Wuchstypen, semideterminiert und indeterminiert, stoppen das vegetative Wachstum des Hauptstammes nicht nach der Blüte, und beide Stammtypen neigen dazu nach dem Beginn der Blüte viele Nodien am Hauptstamm zu produzieren (vgl. KUMUNDINI, S., 2010, 58f).



Abbildung 3: Vergleich verschiedener Soja-Wuchstypen (Indeterminierter Wuchstyp (I), Semideterminierter Wuchstyp (N), Indeterminierte Sorte Thorne (T) und 9 verschiedene transgene Pflanzen (alle von der Sorte Thorne stammend), die verschiedene Stufen von Wuchshöhe und apikler Stammabschluss. (übernommen von PING et al., 2014).

2. Material & Methoden

Der Versuch wurde 2015 an zwei Standorten (Tulln und Groß Enzersdorf) angelegt, betreut und geerntet. Hierbei wurden vier F_{2:4}-Linien aus der Kreuzungen der Sorten „Christine“, „Gallec“, „Sigalia“ und „ES Mentor“ verwendet. Es wurde die Wuchsform bonitiert (*Dt2*, *dt2* oder heterozygot). Es wurden jeweils die gleichen Variationen an beiden Standorten im Versuch verwendet und zufällig im jeweiligen Layout verteilt, wobei es nur eine Wiederholung gab. Weiters wurden vier Standards (ES Mentor, Gallec, Christine, Vanessa) angebaut. Der Versuch in Tulln war mit 12 Reihen und 33 Spalten mit Randreihen angelegt und in Groß Enzersdorf mit 14 Reihen und 28 Spalten angelegt. Die Parzellen waren 2 m lang und die Reihenweite betrug 50 cm.

2.1 Standortbeschreibung:

2.1.1 Standort Tulln:

Tullnerfeld

Das Tullnerfeld liegt in Niederösterreich, im Südteil des Tullner Beckens und ist Teil des fruchtbaren Schwemmlands beiderseits der Donau, das sich zwischen der Wachau (Krems) und der Wiener Pforte (Korneuburg) bzw. zwischen dem Nordrand von Wienerwald und Alpenvorland und dem Wagram erstreckt. Es ist Teil der Molassezone, mit einem zirka 5 km breiten Auland beiderseits der Donau; das Tullnerfeld ist 48 km lang und 14 km breit. Das Tullner Becken ist eine weite Stromebene der Donau, eine

Senkungszone, die mit Tertiärsedimenten und Schotterablagerungen der Donau und der Alpenvorlandflüsse aufgefüllt ist. Durch die Donauregulierung wurde fruchtbares Neuland gewonnen.

Durch das langsame Einschneiden der Flüsse in die Schotterflächen sind die das Landschaftsbild bestimmenden Schotterterrassen entstanden. Auf den ausgedehnten fruchtbaren Terrassenflächen wird intensive Landwirtschaft (Weizen, Mais, Kartoffeln, Zuckerrüben) betrieben. Hauptort des Tullnerfelds ist Tulln an der Donau, am Nordostrand liegt Stockerau. Im Tullnerfeld berühren sich das mitteleuropäisch-ozeanische und das pannonisch-kontinentale Klima (vgl. AEIOU, 2016).

2.1.2 Standort Groß Enzersdorf:

Die Versuchswirtschaft liegt im pannonischen Klimagebiet. Die Felder liegen in offener, windiger Lage. Das Klima ist besonders im Sommer durch geringe Luftfeuchtigkeit und wenig Taubildung gekennzeichnet. Der Klimaraum ist durch heiße, trockene Sommer und kalte, schneearme Winter geprägt. Die mittlere Jahrestemperatur beträgt 9,8° C, die mittlere Niederschlagssumme 545 mm und die durchschnittliche relative Luftfeuchte 75%.

Der Boden ist tiefgründig, mittelschwer und besteht aus schluffigem Lehm, wobei der Schluffgehalt im Unterboden stark zunimmt; er ist ein Tschernosem der Praterterrasse. Der Ap-Horizont reicht von 0-25 cm und hat eine graubraune Farbe. Der Oberboden ist humos und stark lehmig. Der Humusgehalt in der 0-25 cm starken Krume beträgt nach der Methode Walkley- Armstrong 1,2% bis 3,8 %; im Unterboden schwankt er zwischen 1,8 % und 2,2 % (vgl. BOKU, 2016).

2.2 Laborarbeit

Meine Aufgaben waren die Ermittlung der Tausendkornmasse mittels Kornzählgerätes (Abb. 4) und einer Laborwaage (Abb. 5). Hierbei wurden 100 Körner mit Hilfe des Kornzählgerätes gezählt und anschließend gewogen. Das Wiegeergebnis wurde mit 10 multipliziert und kaufmännisch auf ganze Zahlen gerundet. Danach ging es weiter mit der Analyse der Inhaltsstoffe.



Abbildung 4:Kornzählgerät.



Abbildung 5:Laborwaage.

Zur Ermittlung der Inhaltsstoffe wurden die Sojabohnenproben mittels Labormühle (Abb. 6) zu Sojamehl vermahlen. Pro Probe wurde ca. ein Esslöffel Sojabohnen vermahlen. Die Sojaprobe waren somit vorbereitet für die Analyse mit dem NIRS-Gerät (Nah-Infrarot-Spektroskopie).



Abbildung 6: Körnermühle.

Die Analyse der Inhaltsstoffe erfolgte mittels NIRS (Nah-Infrarot-Spektroskopie). Hierbei wurde jede Probe mittels dem in Abbildung 7 gezeigten Gerät zweimal gemessen. Der Computer errechnete dann automatisch den Mittelwert der beiden Proben, welcher zur statistischen Auswertung verwendet wurde.



Abbildung 7: NIRS-Gerät „Bruker Matrix-i“.

2.2.1 Prinzip von NIRS:

„Die NIRS ist ein indirektes Messverfahren und basiert auch Messungen der spektroskopisch-physikalischen Eigenschaften von Proben. Dabei werden die Ergebnisse

der Messungen zur quantitativen Bestimmung organischer Inhaltsstoffe bzw. Inhaltsstoffgruppen genutzt. Das Prinzip der NIRS besteht darin, dass die zu untersuchende Probe nach einer definierten Probenvorbereitung im Nah-Infrarotlicht des Wellenlängenbereichs von 800-2500 nm bestrahlt wird und der reflektierte Strahlungsanteil in Abhängigkeit von der Wellenlänge gemessen wird. Die Intensität der durch die aufgenommene Lichtenergie ausgelösten Kombinations- und Oberschwingungsbanden der OH-, NH- und CH-Bindungen hängt von den chemischen Strukturen und den Gehalten der organischen Inhaltsstoffe einer Probenmatrix ab. Folglich kann aus der Intensität des reflektierten bzw. des durch die Probe durscheinenden Lichtes des Nah-Infrarotspektrums auf die Quantität dieser Inhaltsstoffe geschlossen werden“ (VDLUFA, 2003, 3).

2.3 Statistik:

Die Statistik wurde mittels dem Statistikprogramm SPSS 8.0 (Herstellerangabe) für Windows erzeugt.

Die verwendeten statistischen Methoden waren die Varianzanalyse, die zweifaktorielle Varianzanalyse und die Korrelationsanalyse.

Aufgrund eines allgemein niedrigen Messniveaus, wurde beim Ölgehalt ein Shift um 40 Einheiten nach oben durchgeführt, um plausible Werte zu erhalten.

Es wurden die beiden Standorte einzeln und gemeinsam mit Varianzanalyse und Korrelationsanalyse getestet. Eine einfache Varianzanalyse zeigte den Effekt von Dt2 auf alle Linien. Weiters wurden für jeden Standort einzelne Merkmale wie Ertrag, Tausendkorngewicht, Protein, usw. auf Abhängigkeit zu einander getestet.

3. Ergebnisse

Tabelle 4: Mittelwerte über alle Linien der Dt2-Klassen sowie F-Werte (ANOVA) und Signifikanzniveaus zu einzelnen Merkmalen des Standortes Tulln.

Merkmal	Dt2	dt2	F-Wert	Signifikanz
Reife (in Tage nach dem 31.07.)	40	44	10,887	0,00 **
Wuchshöhe (in cm)	68	83	34,012	0,00 **
Ölgehalt (in mg/g)	210	216	3,238	0,04 *
Proteingehalt (in mg/g)	334	327	6,118	0,00 **
Zuckergehalt (in g/100g)	5,9	6,0	3,102	0,05 *
Proteingehalt + Ölgehalt (in mg/g)	544	542	4,533	0,01 *
TKG (in g)	131	135	2,2	0,11 n.s.
Ertrag (in g/0,5m ²)	109	115	1,35	0,26 n.s.

Legende	
< 0,05	*
< 0,01	**
> 0,05	n.s.

In Tabelle 4 kann man die Ergebnisse des Versuchsstandortes Tulln in der ANOVA ohne COVAR sehen.

Für das Merkmal Reife ergaben sich für Dt2 40,2 Tage nach dem 31.07.2015 und für dt2 43,5 Tage nach dem 31.07.2015, was einen hoch signifikanten Unterschied zeigte. Bei dem Merkmal Wuchshöhe zeigt sich für Dt2 eine Pflanzengröße von 67,7cm und für dt2 eine Pflanzengröße von 82,7cm, was einen hoch signifikanten Unterschied zeigte. Für das Merkmal Ölgehalt erhielten wir für Dt2 210,4 mg/g und für dt2 215,6 mg/g, was einen signifikanten Unterschied zeigte. Bei dem Merkmal Proteingehalt ergaben sich für Dt2 333,8 mg/g und für dt2 326,9 mg/g, was einen hoch signifikanten Unterschied zeigte. Ein Grund dafür kann sein, dass aufgrund des früher beendeten Wachstums des Hauptstammes bei Dt2 Pflanzen mehr Protein für die Einlagerung zur Verfügung steht. Für das Merkmal Zuckergehalt ergab sich für Dt2 5,9 g/100g und für dt2 6 g/100g, was einen signifikanten Unterschied zeigte. Für das Merkmal Protein- + Ölgehalt ergaben sich für Dt2 544,2 mg/g und für dt2 542,5 mg/g, was einen signifikanten Unterschied zeigte. Für das Merkmal Tausendkorngewicht ergab sich für Dt2 131,4 g und für dt2

135,4 g, was keinen signifikanten Unterschied zeigte. Für das Merkmal Ertrag ergaben sich für Dt2 109,4 g/0,5m² und für dt2 114,9 g/0,5m², was keinen signifikanten Unterschied zeigte. Das könnte sich auf die Niederschlagsmengen im Raum Tulln zurückführen lassen, welche die Geneffekte von Dt2 überdeckt haben.

Tabelle 5: Mittelwerte über alle Linien der Dt2-Klassen sowie F-Werte (ANOVA) und Signifikanzniveaus zu einzelnen Merkmalen des Standortes Groß Enzersdorf.

Merkmal	Dt2	dt2	F-Wert	Signifikanz
Reife (in Tage nach dem 31.07.)	48	50	2,753	0,07 n.s.
Wuchshöhe (in cm)	50	60	21,36	0,00 **
Ölgehalt (in mg/g)	188	186	0,435	0,65 n.s.
Proteingehalt (in mg/g)	426	425	3,609	0,03 *
Zuckergehalt (in g/100g)	5	5	2,243	0,11 n.s.
Proteingehalt + Ölgehalt (in mg/g)	614	610	5,568	0,00 **
TKG (in g)	138	138	1,397	0,25 n.s.
Ertrag (in g/0,5m ²)	96	91	0,333	0,72 n.s.

Legende
< 0,05 *
< 0,01 **
> 0,05 n.s.

Tabelle 5 zeigt die Ergebnisse der ANOVA ohne COVAR am Versuchsstandort Groß Enzersdorf.

Für das Merkmal Reife ergaben sich für Dt2 47,9 Tage nach dem 31.07.2015 und für dt2 49,9 Tage nach dem 31.07.2015, was keinen signifikanten Unterschied zeigte. Für das Merkmal Wuchshöhe ergaben sich für Dt2 49,9 cm und für dt2 59,6 cm, was einen hoch signifikanten Unterschied zeigte. Der Unterschied in der Wuchshöhe in Groß Enzersdorf ist nicht so groß wie jener in Tulln, da in Groß Enzersdorf die Jahresniederschlagsmenge niedriger ist als in Tulln und da das Jahr 2015 generell ein eher trockenes Jahr war. Dadurch kann es sein, dass die Geneffekte nicht sichtbar gemacht wurden. Für das Merkmal Ölgehalt ergaben sich für Dt2 187,6 mg/g und für dt2 185,7 mg/g, was keinen signifikanten Unterschied zeigte. Für das Merkmal Proteingehalt ergaben sich für Dt2 426,1 mg/g und dt2 424,5 mg/g, was einen signifikanten Unterschied zeigte. Ein Grund dafür kann sein, dass aufgrund des früher beendeten Wachstums des Hauptstammes bei Dt2 Pflanzen mehr Protein für die Einlagerung zur Verfügung steht. Für das Merkmal

Zuckergehalt ergaben sich für Dt2 5,1 g/100 g und für dt2 5,1 g/100 g, was keinen signifikanten Unterschied zeigte. Für das Merkmal Protein- + Ölgehalt ergaben sich für Dt2 613,7 mg/g und für dt2 610,3 mg/g, was einen hoch signifikanten Unterschied zeigte. Für das Merkmal Tausendkorngewicht ergaben sich für Dt2 138,3 g und für dt2 137,7 g, was keinen signifikanten Unterschied zeigte. Für das Merkmal Ertrag ergaben sich für Dt2 95,8 g/0,5m² und für dt2 91,3 g/0,5m², was keinen signifikanten Unterschied zeigte.

Tabelle 6: Varianzanalyse/ Covarianzanalyse für den Effekt von Dt2 auf den Ertrag unter der Ausschaltung des Wuchshöheeffekts am Standort Tulln.

Source	Type III Summenquadrate	Freiheitsgrade	mittlere quadratische Abweichung	F-Werte	Signifikanz
korregiertes Model	6319,852	3	2106,617	6,117	0,0000
Intercept	36489,713	1	36489,713	105,962	0,0000
DT2	162,01	2	81,005	0,235	0,791
WUCHSH	5337,343	1	5337,343	15,499	0,0000
Error	88157,533	256	344,365		
Total	3338022	260			
korregiert Total	94477,385	259			

In Tabelle 6 sieht man, die Ergebnisse der ANOVA mit COVAR mit der abhängigen Variable Ertrag. Hierbei ergab sich am Standort Tulln für das Merkmal Dt2 kein signifikanter Einfluss auf den Ertrag und für das Merkmal Wuchshöhe ein hoch signifikanter Einfluss auf den Ertrag besteht.

Tabelle 7: Varianzanalyse/ Covarianzanalyse für den Effekt von Dt2 auf den Ertrag unter der Ausschaltung des Wuchshöheeffekts am Standort Groß Enzersdorf.

Source	Type III Summenquadrate	Freiheitsgrade	mittlere quadratische Abweichung	F-Wert	Signifikanz
korregiertes Model	38832,872	3	12944,291	13,926	0,000
Intercept	2585,334	1	2585,334	2,781	0,097
DT2	9176,077	2	4588,038	4,936	0,008
WUCHSH	38118,37	1	38118,37	41,009	0,000
Error	237953,112	256	929,504		
Total	2593362	260			
korregiert Total	276785,985	259			

In Tabelle 7 sieht man, die Ergebnisse der ANOVA mit COVAR mit der abhängigen Variable Ertrag. Hierbei ergab sich am Standort Groß Enzersdorf für das Merkmal Dt2 ein hoch signifikanter Einfluss auf den Ertrag und für das Merkmal Wuchshöhe ein hoch signifikanter Einfluss auf den Ertrag besteht.

Tabelle 8: Varianzanalyse/ Covarianzanalyse für den Effekt von Dt2 auf den Ertrag unter der Ausschaltung des Wuchshöheeffekts an beiden Standorten gemeinsam.

Source	Type III Summenquadrate	Freiheitsgrade	mittlere quadratische Abweichung	F-Werte	Signifikanz
Model	5.560.168,96	4	1.390.042,24	1.932,20	0,000
ORT	38.907,70	1	38.907,70	54,08	0,000
DT2	48,33	2	24,16	0,03	0,967
Error	371.215,04	516	719,41		
Total	5.931.384,00	520			

In Tabelle 8 sieht man, die Ergebnisse der ANOVA mit COVAR mit der abhängigen Variable Ertrag. Hierbei ergab sich an beiden Standort für das Merkmal Dt2 kein signifikanter Einfluss auf den Ertrag besteht.

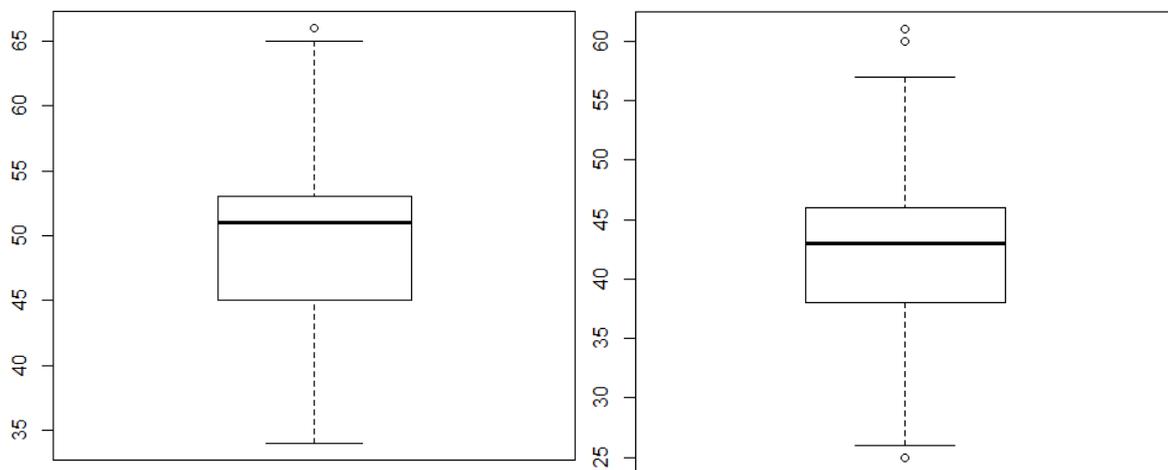


Abbildung 8: Boxplot des Merkmals Reifezeit (in Tagen nach dem 31.07.) an den Standorten Groß Enzersdorf (links) und Tulln (rechts).

Der linke Boxplot in Abbildung 8 zeigt die Verteilung der Daten des Merkmals Reifezeit in Groß Enzersdorf. Das untere Quantil liegt bei 45 Tagen nach dem 31.07., der Median liegt bei 51 Tagen nach dem 31.07. und das obere Quantil liegt bei 53 Tagen nach dem 31.07. Der rechte Boxplot in Abbildung 8 zeigt die Verteilung der Daten des Merkmals Reifezeit in Tulln. Das untere Quantil liegt bei 38 Tagen nach dem 31.07., der Median liegt bei 43 Tagen nach dem 31.07. und das obere Quantil liegt bei 46 Tagen nach dem 31.07.

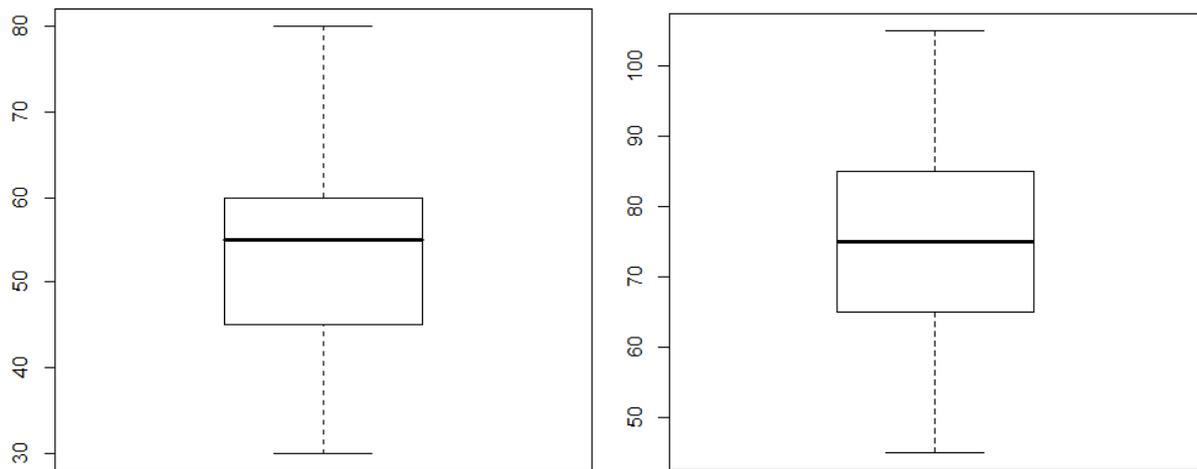


Abbildung 9: Boxplot des Merkmals Wuchshöhe (in cm) an den Standorten Groß Enzersdorf (links) und Tulln (rechts).

Der rechte Boxplot in Abbildung 9 zeigt die Verteilung der Daten des Merkmals Wuchshöhe in Groß Enzersdorf. Das untere Quantil liegt bei 45 cm, der Median liegt bei 55 cm und das obere Quantil liegt bei 60 cm. Der linke Boxplot in Abbildung 9 zeigt die Verteilung der Daten des Merkmals Wuchshöhe in Tulln. Das untere Quantil liegt bei 65 cm, der Median liegt bei 75 cm und das obere Quantil liegt bei 85 cm.

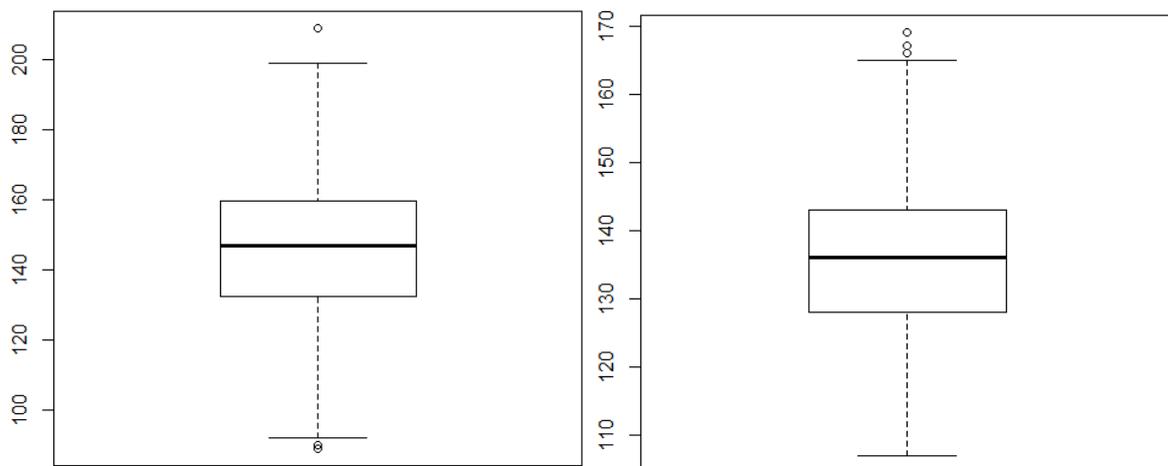


Abbildung 10: Boxplot des Merkmals Tausendkorngewicht (in g) an den Standorten Groß Enzersdorf (links) und Tulln (rechts).

Der linke Boxplot in Abbildung 10 zeigt die Verteilung der Daten des Merkmals Tausendkorngewicht in Groß Enzersdorf. Das untere Quantil liegt bei 130 g, der Median liegt bei 150 g und das obere Quantil liegt bei 160 g. Der rechte Boxplot in Abbildung 10 zeigt die Verteilung der Daten des Merkmals Tausendkorngewicht in Tulln. Das untere Quantil liegt bei 128 g, der Median liegt bei 135 g und das obere Quantil liegt bei 143 g.

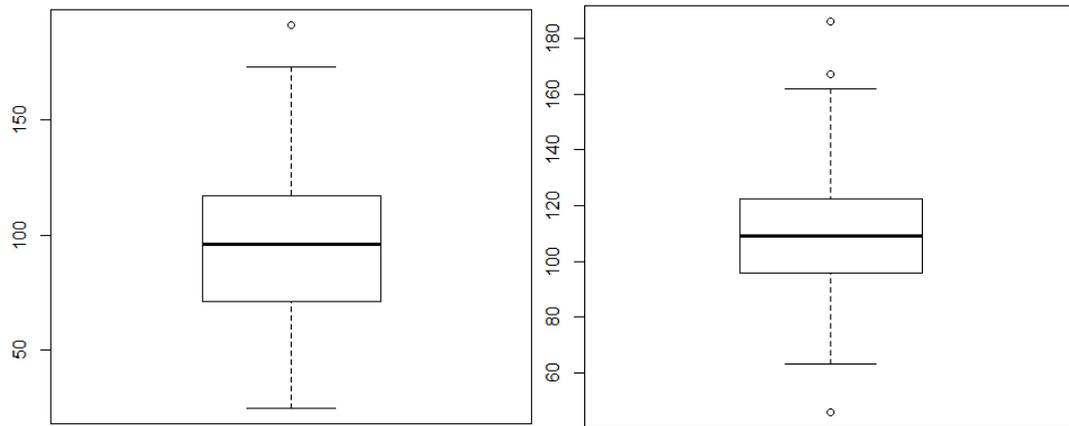


Abbildung 10: Boxplot des Merkmals Ertrag (in $g/0,5m^2$) des Standortes Groß Enzersdorf

Der linke Boxplot in Abbildung 11 zeigt die Verteilung der Daten des Merkmals Ertrag in Groß Enzersdorf. Das untere Quantil liegt bei $75 g/0,5m^2$, der Median liegt bei $95 g/0,5m^2$ und das obere Quantil liegt bei $120 g/0,5m^2$. Der rechte Boxplot in Abbildung 11 zeigt die Verteilung der Daten des Merkmals Ertrag in Tulln. Das untere Quantil liegt bei $95 g/0,5m^2$, der Median liegt bei $110 g/0,5m^2$ und das obere Quantil liegt bei $125 g/0,5m^2$.

Legende

unter dem Durchschnitt

über dem Durchschnitt

Schattierung gibt an wie weit die Werte vom Durchschnitt entfernt sind
je dunkler die Farbe umso extremer die Werte

GKG = Gesamtkorngewicht / 0,5m²

prot = Proteingehalt in mg/g

Ertrag

117	125	137	146	157	140	151	151	167	111	152	127	131	156	141	125	106
135	121	101	105	88	152	98	81	105	102	104	81	126	78	94	74	100
118	135	148	191	116	173	125	138	107	136	140	109	125	165	152	99	100
140	112	91	111	92	88	88	113	109	106	103	122	95	119	118	103	113
132	110	97	116	84	79	113	118	136	126	138	146	112	101	142	153	133
60	87	52	68	74	82	68	90	66	73	115	81	110	101	127	97	104
31	33	41	48	72	82	30	39	32	49	49	45	50	53	39	40	41
44	58	51	56	76	54	91	62	70	72	53	68	56	56	59	53	84
31	41	37	57	64	83	52	67	62	80	94	87	97	121	98	107	82
25	44	64	97	62	62	81	99	44	70	71	89	75	111	73	124	141
62	51	50	42	85	46	35	54	52	80	69	86	90	98	96	85	117
67	56	72	49	92	100	72	78	78	114	95	71	130	84	113	135	92
87	94	115	90	105	108	94	83	87	72	114	117	105	119	121	124	106
102	88	113	110	106	96	80	171	123	111	113	117	101	121	88	128	82

Proteingehalt

395	379	406	418	410	395	392	403	418	403	396	413	398	418	385	388	399
418	405	421	422	376	387	379	404	408	410	385	390	405	409	389	395	401
407	390	389	377	387	380	407	392	389	410	386	399	388	405	411	410	390
417	428	413	431	405	417	422	406	411	403	403	414	392	410	414	402	435
411	413	409	396	412	384	397	415	404	389	395	418	398	416	398	410	400
443	423	436	428	428	445	430	424	433	433	411	432	410	415	426	425	412
453	452	443	439	448	433	447	454	456	468	437	457	453	415	471	456	464
458	441	457	456	443	421	431	441	467	440	450	444	467	436	437	433	438
436	417	466	429	435	445	424	440	420	467	429	431	431	416	427	446	461
432	445	452	418	444	462	454	439	417	440	432	442	426	417	429	421	408
423	440	430	436	435	454	439	440	426	439	461	453	418	444	438	434	425
427	444	452	457	431	447	445	461	446	432	434	436	436	449	425	422	428
432	451	426	417	395	407	425	435	431	401	421	443	412	386	426	418	423
407	396	386	388	415	395	419	409	379	405	401	433	379	399	405	392	411

Legende

unter dem Durchschnitt

über dem Durchschnitt

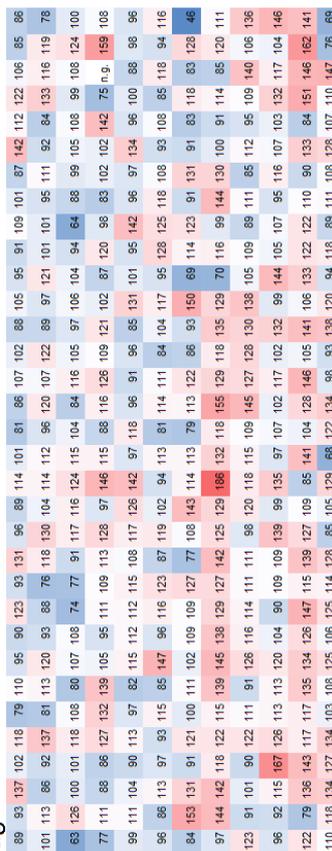
Schattierung gibt an wie weit die Werte vom Durchschnitt entfernt sind

je dunkler die Farbe umso extremer die Werte

GKG = Gesamtkorngewicht /0,5m²

prot = Proteingehalt in mg/g

Ertrag



Proteingehalt

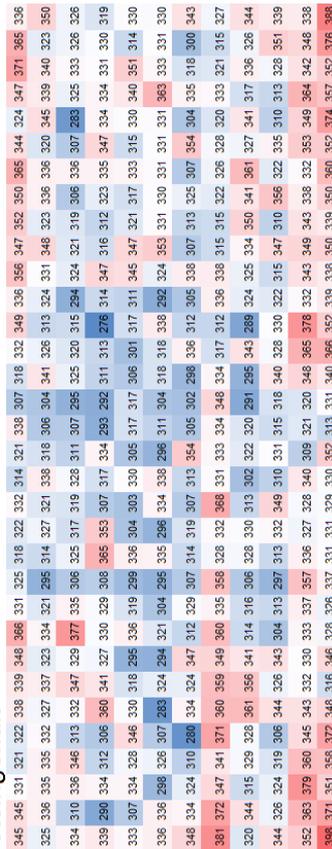


Abbildung 11: Darstellung von Ertrag und Proteingehalt an den beiden Standorten Groß Enzersdorf (oben) und Tulln (unten) (Feldtrendkarte).

In Abbildung 22 kann man an den Trendkarten erkennen, dass sich Ertrag und Proteingehalt negativ beeinflussen. In Groß Enzersdorf ist das besonders gut erkennbar, wenn man sich die roten und blauen Bereiche ansieht. In Tulln ist es nicht so gut erkennbar, was eventuell an der unterschiedlichen Niederschlagsmenge und den unterschiedlichen Bodenverhältnissen an den beiden Standorten liegen kann.

Tabelle 9: Ergebnisse der Korrelationsanalyse des Standortes Groß Enzersdorf.

		Korrelation Groß Enzersdorf							
		Reife	Wuchshöhe	Ölgehalt	Proteingehalt	Zuckergehalt	Protein + Ölgehalt	Tausendkorngewicht	Ertrag
Reife	Pearson Correlation	1	0,13	-0,501	0,482	-0,214	-0,146	-0,209	-0,347
	Sig. (2-tailed)		0,036	0	0	0,001	0,018	0,001	0
	N	260	260	260	260	260	260	260	260
Wuchshöhe	Pearson Correlation	0,13	1	0,204	-0,243	0,166	-0,015	0,281	0,327
	Sig. (2-tailed)	0,036		0,001	0	0,007	0,807	0	0
	N	260	260	260	260	260	260	260	260
Ölgehalt	Pearson Correlation	-0,501	0,204	1	-0,862	0,475	0,471	0,655	0,732
	Sig. (2-tailed)	0	0,001		0	0	0	0	0
	N	260	260	260	260	260	260	260	260
Proteingehalt	Pearson Correlation	0,482	-0,243	-0,862	1	-0,708	0,041	-0,54	-0,661
	Sig. (2-tailed)	0	0	0		0	0,511	0	0
	N	260	260	260	260	260	260	260	260
Zuckergehalt	Pearson Correlation	-0,214	0,166	0,475	-0,708	1	-0,293	0,299	0,364
	Sig. (2-tailed)	0,001	0,007	0	0		0	0	0
	N	260	260	260	260	260	260	260	260
Protein + Ölgehalt	Pearson Correlation	-0,146	-0,015	0,471	0,041	-0,293	1	0,353	0,294
	Sig. (2-tailed)	0,018	0,807	0	0,511	0		0	0
	N	260	260	260	260	260	260	260	260
Tausendkorngewicht	Pearson Correlation	-0,209	0,281	0,655	-0,54	0,299	0,353	1	0,736
	Sig. (2-tailed)	0,001	0	0	0	0	0		0
	N	260	260	260	260	260	260	260	260
Ertrag	Pearson Correlation	-0,347	0,327	0,732	-0,661	0,364	0,294	0,736	1
	Sig. (2-tailed)	0	0	0	0	0	0	0	
	N	260	260	260	260	260	260	260	260

Tabelle 10: Kreuztabelle der Korrelationsanalyse des Standorts Groß Enzersdorf.

	Reifezeit	Wuchshöhe	Ölgehalt	Proteingehalt	Zuckergehalt	Protein+Ölgehalt	Tausendkorngewicht	Ertrag
Reifezeit		+	--	+	-	-	-	-
		*	**	**	**	**	**	**
Wuchshöhe	+		+	-	+	-	+	+
	*		**	**	**	n.s.	**	**
Ölgehalt	--	+		--	+	+	++	++
	**	**		**	**	**	**	**
Proteingehalt	+	-	--		--	+	-	--
	**	**	**		**	n.s.	**	**
Zuckergehalt	-	+	+	--		-	+	+
	**	**	**	**		**	n.s.	**
Protein+Ölgehalt	-	-	+	+	-		+	+
	*	n.s.	**	n.s.	**		**	**
Tausendkorngewicht	-	+	++	--	-	+		++
	**	**	**	**	**	**		**
Ertrag	-	+	++	--	+	+	++	
	**	**	**	**	**	**	**	

Legende :	
++	Hochpositive Korrelation
+	Positive Korrelation
-	Negative Korrelation
--	Hochnegative Korrelation
Signifikanzlevel	
*	< 0,05 (signifikant)
**	< 0,01 (hochsignifikant)
n.s.	> 0,05 (nicht signifikant)

Die Tabelle 9 und 10 zeigen die Korrelationen zwischen den einzelnen Merkmalen am Standort Groß Enzersdorf.

In der Korrelationsanalyse für den Standort Groß Enzersdorf traten folgende signifikanten Korrelationen auf:

Das Merkmal Reife korreliert mit den Merkmalen Wuchshöhe und Proteingehalt positiv und mit den Merkmalen Ölgehalt, Zuckergehalt, Protein + Ölgehalt, Tausendkorngewicht und Ertrag negativ korreliert. Man kann beobachten, dass bei früherer Reifezeit der Ertrag höher ist. Der höhere Ertrag kann sich unter anderem durch höhere Tausendkorngewichte erklären lassen, die ebenfalls bei kürzerer Reifezeit höher werden. Das Merkmal Protein + Ölgehalt ist deswegen negativ korreliert, weil es eine Kombination aus den Werten von Proteingehalt und Ölgehalt ist und die negative Korrelation des Ölgehaltes höher ist als die positive Korrelation des Proteingehaltes.

Das Merkmal Wuchshöhe ist mit den Merkmalen Reife, Ölgehalt, Zuckergehalt, Tausendkorngewicht und Ertrag positiv korreliert und mit den Merkmalen Proteingehalt und Protein + Ölgehalt negativ korreliert. Am Standort Groß Enzersdorf gab es bei dem Merkmal Wuchshöhe, welches durch das *Dt2*-Gen beeinflusst wird, eine positive Korrelation mit den Merkmalen Tausendkorngewicht und Ertrag. Daraus lässt sich schließen, dass die Pflanzen mit *Dt2*-Gen (determinierte Wuchsform), welche eine niedrigere Wuchshöhe vorweisen, einen geringeren Ertrag und ein geringeres Tausendkorngewicht erzielen als indeterminierte und intermediäre Pflanzen.

Das Merkmal Ölgehalt ist mit den Merkmalen Wuchshöhe, Zuckergehalt, Protein + Ölgehalt, Tausendkorngewicht und Ertrag positiv korreliert und die Merkmale Reife und Proteingehalt negativ korreliert. Der Grund für die negative Korrelation von Ölgehalt und Proteingehalt könnte sein, dass beide Inhaltsstoffe sehr energieaufwändig in der Herstellung sind und die Pflanze nur einen begrenzten Energiepool zur Verfügung hat.

Das Merkmal Proteingehalt ist mit den Merkmalen Reife und Protein + Ölgehalt positiv korreliert und mit den Merkmalen Wuchshöhe, Ölgehalt, Zuckergehalt, Tausendkorngewicht und Ertrag negativ korreliert.

Das Merkmal Zuckergehalt ist mit den Merkmalen Wuchshöhe, Ölgehalt, Tausendkorngewicht und Ertrag positiv korreliert und ist mit den Merkmalen Reife, Proteingehalt und Protein + Ölgehalt negativ korreliert. Die positive Korrelation von Zuckergehalt und Wuchshöhe könnte daher kommen, dass

aufgrund einer größeren Wuchshöhe der Pflanze mehr Assimilationsfläche zur Verfügung steht. Die negative Korrelation von Zuckergehalt und Proteingehalt könnte daher kommen, dass die Proteinsynthese Energie (Zucker) verbraucht.

Das Merkmal Protein + Ölgehalt ist mit den Merkmalen Ölgehalt, Tausendkorngewicht und Ertrag positiv korreliert und ist mit den Merkmalen Reife und Zuckergehalt negativ korreliert.

Das Merkmal Tausendkorngewicht ist mit den Merkmalen Wuchshöhe, Ölgehalt, Zuckergehalt, Protein + Ölgehalt und Ertrag positiv korreliert und ist mit den Merkmalen Reife und Proteingehalt negativ korreliert. Die positive Korrelation zwischen Tausendkorngewicht und Wuchshöhe könnte daher stammen, dass aufgrund der größeren Wuchshöhe mehr Assimilationsfläche zur Verfügung steht und dadurch mehr Assimilate eingelagert werden können, was zu einem größeren Tausendkorngewicht führt. Die vermehrte Einlagerung von Assimilaten erhöht auch den Zuckergehalt, was die positive Korrelation erklären könnte. Die negative Korrelation von Tausendkorngewicht und Proteingehalt könnte daher kommen, dass die Proteinsynthese Energie (Zucker) verbraucht und durch den Verbrauch von Assimilaten das Gewicht des Korns reduziert.

Das Merkmal Ertrag ist mit den Merkmalen Wuchshöhe, Ölgehalt, Zuckergehalt, Protein + Ölgehalt und Tausendkorngewicht positiv korreliert und ist mit den Merkmalen Reife und Proteingehalt negativ korreliert.

Die positive Korrelation zwischen Ertrag und Tausendkorngewicht kommt daher, dass das Tausendkorngewicht den Ertrag beeinflusst. Die positive Korrelation zwischen Ertrag und Wuchshöhe könnte daher stammen, dass aufgrund der größeren Wuchshöhe mehr Assimilationsfläche zur Verfügung steht und dadurch mehr Assimilate eingelagert werden können, was zu einem höheren Ertrag führt. Die vermehrte Einlagerung von Assimilaten erhöht auch den Zuckergehalt, was die positive Korrelation erklären könnte.

Tabelle 11: Ergebnisse der Korrelationsanalyse des Standortes Tulln

		Korrelation Tulln							
		Reife	Wuchshöhe	Ölgehalt	Proteingehalt	Zuckergehalt	Protein + Ölgehalt	Tausendkorngewicht	Ertrag
Reife	Pearson Correlation	1	0,493	0,294	-0,397	0,32	-0,295	0,196	0,336
	Sig. (2-tailed)		0	0	0	0	0	0,001	0
	N	260	260	260	260	260	260	260	260
Wuchshöhe	Pearson Correlation	0,493	1	0,23	-0,314	0,223	-0,236	0,129	0,255
	Sig. (2-tailed)	0		0	0	0	0	0,038	0
	N	260	260	260	260	260	260	260	260
Ölgehalt	Pearson Correlation	0,294	0,23	1	-0,757	0,495	-0,099	-0,134	-0,082
	Sig. (2-tailed)	0	0		0	0	0,111	0,03	0,188
	N	260	260	260	260	260	260	260	260
Proteingehalt	Pearson Correlation	-0,397	-0,314	-0,757	1	-0,732	0,725	0,272	0,041
	Sig. (2-tailed)	0	0	0		0	0	0	0,511
	N	260	260	260	260	260	260	260	260
Zuckergehalt	Pearson Correlation	0,32	0,223	0,495	-0,732	1	-0,593	-0,049	0,003
	Sig. (2-tailed)	0	0	0	0		0	0,428	0,966
	N	260	260	260	260	260	260	260	260
Protein + Ölgehalt	Pearson Correlation	-0,295	-0,236	-0,099	0,725	-0,593	1	0,272	-0,024
	Sig. (2-tailed)	0	0	0,111	0	0		0	0,701
	N	260	260	260	260	260	260	260	260
Tausendkorngewicht	Pearson Correlation	0,196	0,129	-0,134	0,272	-0,049	0,272	1	0,308
	Sig. (2-tailed)	0,001	0,038	0,03	0	0,428	0		0
	N	260	260	260	260	260	260	260	260
Ertrag	Pearson Correlation	0,336	0,255	-0,082	0,041	0,003	-0,024	0,308	1
	Sig. (2-tailed)	0	0	0,188	0,511	0,966	0,701	0	
	N	260	260	260	260	260	260	260	260

Tabelle 12: Kreuztabelle der Korrelationsanalyse des Standorts Tulln

	Reifezeit	Wuchshöhe	Ölgehalt	Proteingehalt	Zuckergehalt	Protein+Ölgehalt	Tausendkorngewicht	Ertrag
Reifezeit	+	+	-	+	-	+	+	
	**	**	**	**	**	n.s.	**	
Wuchshöhe	+		+	-	+	-	+	
	**		**	**	**	**	*	
Ölgehalt	+	+		--	+	-	-	
	**	**		**	**	n.s.	*	
Proteingehalt	-	-	--		--	++	+	
	**	**	**		**	**	*	
Zuckergehalt	+	+	+	--		--	-	
	**	**	**	**		**	n.s.	
Protein+Ölgehalt	-	-	-	++	--		+	
	**	**	n.s.	**	**		**	
Tausendkorngewicht	+	+	-	+	-	+	+	
	**	*	*	**	n.s.	**	**	
Ertrag	+	+	-	+	+	-	+	
	**	**	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	**	

Legende :	
++	Hochpositive Korrelation
+	Positive Korrelation
-	Negative Korrelation
--	Hochnegative Korrelation
Signifikanzlevel	
*	< 0,05 (signifikant)
**	< 0,01 (hochsignifikant)
n.s.	> 0,05 (nicht signifikant)

Die Tabellen 11 und 12 zeigen die Korrelationen zwischen den einzelnen Merkmalen am Standort Tulln.

In der Korrelationsanalyse für den Standort Tulln traten folgende Korrelationen auf:

Das Merkmal Reife ist mit den Merkmalen Wuchshöhe, Ölgehalt, Zuckergehalt, Tausendkorngewicht und Ertrag positiv korreliert und mit den Merkmalen Proteingehalt und Protein + Ölgehalt negativ korreliert. Aus der negativen Korrelation von Reife und Proteingehalt lässt sich schließen, dass ein höherer Proteingehalt in den Körnern die Reifezeit verkürzt.

Das Merkmal Wuchshöhe ist mit den Merkmalen Reife, Ölgehalt, Zuckergehalt, Tausendkorngewicht und Ertrag positiv korreliert und mit den Merkmalen Proteingehalt und Protein + Ölgehalt negativ korreliert.

Das Merkmal Ölgehalt ist mit den Merkmalen Reife, Wuchshöhe und Zuckergehalt positiv korreliert und die Merkmale Proteingehalt, Protein + Ölgehalt, Tausendkorngewicht und Ertrag negativ korreliert. Der Grund für die negative Korrelation von Ölgehalt und Proteingehalt könnte sein, dass beide Inhaltsstoffe sehr energieaufwändig in der Herstellung sind und die Pflanze nur einen begrenzten Energiepool zur Verfügung hat.

Das Merkmal Proteingehalt ist mit den Merkmalen Protein + Ölgehalt und Tausendkorngewicht und Ertrag positiv korreliert und mit den Merkmalen Reife, Wuchshöhe, Ölgehalt und Zuckergehalt negativ korreliert. Anders als in Groß Enzersdorf hat der Proteingehalt in Tulln einen positiven Einfluss auf Tausendkorngewicht und Ertrag.

Das Merkmal Zuckergehalt ist mit den Merkmalen Reife, Wuchshöhe, Ölgehalt und Ertrag positiv korreliert und ist mit den Merkmalen Proteingehalt, Protein + Ölgehalt und Tausendkorngewicht negativ korreliert. Die positive Korrelation von Zuckergehalt und Wuchshöhe könnte daher kommen, dass aufgrund einer größeren Wuchshöhe der Pflanze mehr Assimilationsfläche zur Verfügung steht. Die negative Korrelation von Zuckergehalt und Proteingehalt könnte daher kommen, dass die Proteinsynthese Energie (Zucker) verbraucht.

Das Merkmal Tausendkorngewicht ist mit den Merkmalen Reife, Wuchshöhe, Proteingehalt, Protein + Ölgehalt und Ertrag positiv korreliert und ist mit den Merkmalen Ölgehalt und Zuckergehalt negativ korreliert. Die positive Korrelation zwischen Tausendkorngewicht und Wuchshöhe könnte daher stammen, dass aufgrund der größeren Wuchshöhe mehr Assimilationsfläche zur Verfügung steht und dadurch mehr Assimilate eingelagert werden können, was zu einem höheren Tausendkorngewicht führt.

Das Merkmal Ertrag ist mit den Merkmalen Reife, Wuchshöhe, Proteingehalt, Zuckergehalt und Tausendkorngewicht positiv korreliert und ist mit den Merkmalen

Ölgehalt und Protein + Ölgehalt negativ korreliert. Die positive Korrelation zwischen Ertrag und Tausendkorngewicht kommt daher, dass das Tausendkorngewicht den Ertrag beeinflusst. Die positive Korrelation zwischen Ertrag und Wuchshöhe könnte daher stammen, dass aufgrund der größeren Wuchshöhe mehr Assimilationsfläche zur Verfügung steht und dadurch mehr Assimilate eingelagert werden können, was zu einem höheren Ertrag führt. Die vermehrte Einlagerung von Assimilaten erhöht auch den Zuckergehalt, was die positive Korrelation erklären könnte.

Tabelle 13: Ergebnisse der Korrelationsanalyse der Standorte Groß Enzersdorf und Tulln

		Korrelation Groß Enzersdorf + Tulln							
		Reife	Wuchshöhe	Ölgehalt	Proteingehalt	Zuckergehalt	Protein + Ölgehalt	Tausendkorngewicht	Ertrag
Reife	Pearson Correlation	1	-0,193	-0,459	0,546	-0,416	0,471	0,068	-0,255
	Sig. (2-tailed)		0	0	0	0	0	0,123	0
	N	520	520	520	520	520	520	520	520
Wuchshöhe	Pearson Correlation	-0,193	1	0,487	-0,706	0,597	-0,675	0,005	0,401
	Sig. (2-tailed)	0		0	0	0	0	0,91	0
	N	520	520	520	520	520	520	520	520
Ölgehalt	Pearson Correlation	-0,459	0,487	1	-0,765	0,666	-0,427	0,266	0,593
	Sig. (2-tailed)	0	0		0	0	0	0	0
	N	520	520	520	520	520	520	520	520
Proteingehalt	Pearson Correlation	0,546	-0,706	-0,765	1	-0,871	0,909	0,088	-0,439
	Sig. (2-tailed)	0	0	0		0	0	0,045	0
	N	520	520	520	520	520	520	520	520
Zuckergehalt	Pearson Correlation	-0,416	0,597	0,666	-0,871	1	-0,792	-0,027	0,388
	Sig. (2-tailed)	0	0	0	0		0	0,545	0
	N	520	520	520	520	520	520	520	520
Protein + Ölgehalt	Pearson Correlation	0,471	-0,675	-0,427	0,909	-0,792	1	0,296	-0,232
	Sig. (2-tailed)	0	0	0	0	0		0	0
	N	520	520	520	520	520	520	520	520
Tausendkorngewicht	Pearson Correlation	0,068	0,005	0,266	0,088	-0,027	0,296	1	0,518
	Sig. (2-tailed)	0,123	0,91	0	0,045	0,545	0		0
	N	520	520	520	520	520	520	520	520
Ertrag	Pearson Correlation	-0,255	0,401	0,593	-0,439	0,388	-0,232	0,518	1
	Sig. (2-tailed)	0	0	0	0	0	0	0	
	N	520	520	520	520	520	520	520	520

Tabelle 14: Kreuztabelle der Korrelationsanalyse der Standorte Groß Enzersdorf und Tulln

	Reifezeit	Wuchshöhe	Ölgehalt	Proteingehalt	Zuckergehalt	Protein+Ölgehalt	Tausendkorngewicht	Ertrag
Reifezeit	-	-	++	-	+	-	-	
	**	**	**	**	**	n.s.	**	
Wuchshöhe	-	+	--	++	--	+	+	
	**	**	**	**	**	n.s.	**	
Ölgehalt	-	+	--	++	-	+	++	
	**	**	**	**	**	**	**	
Proteingehalt	++	--	--	--	++	+	-	
	**	**	**	**	**	*	**	
Zuckergehalt	-	++	++	--	--	-	+	
	**	**	**	**	**	n.s.	**	
Protein+Ölgehalt	+	--	-	++	--	+	-	
	**	**	**	**	**	**	**	
Tausendkorngewicht	+	+	+	+	-	+	++	
	n.s.	n.s.	**	*	n.s.	**	**	
Ertrag	-	+	++	-	+	-	++	
	**	**	**	**	**	**	**	

Legende :	
++	Hochpositive Korrelation
+	Positive Korrelation
-	Negative Korrelation
--	Hochnegative Korrelation
Signifikanzlevel	
*	< 0,05 (signifikant)
**	< 0,01 (hochsignifikant)
n.s.	> 0,05 (nicht signifikant)

Die Tabellen 13 und 14 zeigen die Korrelationen zwischen den einzelnen Merkmalen an den Standorten Groß Enzersdorf und Tulln.

4. Diskussion

Das *Dt2*-Gen ist ein Gen das für eine semideterminierte Wuchsform bei der Sojabohne codiert, wobei *Dt2* die dominante Variante (=semideterminierter Wuchs) des Gens darstellt. Die rezessive Variante des Gens wird durch *dt2* (= indeterminierter Wuchs) dargestellt. Das *Dt2*-Gen steht in Wechselwirkung mit dem *Dt1*-Gen, wobei auch hier *Dt1* für die dominante Variante des Gens steht und *dt1* für die rezessive Variante (diese kommt in den in Österreich genutzten Sorten nicht vor, da diese sonst zwergwüchsig wären) des Gens steht. Das *Dt2*-Gen und das *Dt1*-Gen beeinflussen sich gegenseitig, wobei je nach Kombination von dominanten und rezessiven Formen der Gene *Dt1* und *Dt2* die Wuchsform beeinflusst wird. Die semideterminierte Wuchsform stellt sich genotypisch als *Dt1 Dt1 Dt2 Dt2* dar.

Im Versuch von ROSENZWEIG et al., 2003 wurde festgestellt, dass im Durchschnitt über drei Jahre indeterminierte Sorten einen um 9% höheren Ertrag bringen als semideterminierte Sorten. In dem Versuch, der diese Arbeit als Grundlage dient, konnte an keinem der beiden Standorte ein Unterschied im Ertrag zwischen semideterminierten Kreuzungen und indeterminierten Kreuzungen festgestellt werden. Dieser Umstand könnte daher kommen, dass es zu einer ungünstigen Niederschlagsverteilung während der Kornfüllungsphase gekommen ist.

Bei ROSENZWEIG et al., 2003 betrug die durchschnittliche Wuchshöhe bei den indeterminierten Sorten 82,5 cm und bei den semideterminierten Sorten 70,2 cm. In Tulln betrug die durchschnittliche Wuchshöhe bei den indeterminierten Kreuzungen 82,7 cm und bei den semideterminierten Kreuzungen 67,7 cm. In Groß Enzersdorf betrug die durchschnittliche Wuchshöhe bei den indeterminierten Kreuzungen 59,6 cm und bei den semideterminierten Kreuzungen 49,8 cm. Der relativ große Unterschied in der Wuchshöhe in Tulln von 15 cm kommt daher, dass es ausreichend Niederschläge in Tulln gab und dadurch die Geneffekte bezüglich der Wuchshöhe sichtbar geworden sind. In Groß Enzersdorf betrug der Unterschied zwischen indeterminierten Kreuzungen und semideterminierten Kreuzungen weniger als 10 cm. Da es hier vermutlich weniger Niederschläge gab als in Tulln, kamen hier die Geneffekte bezüglich der Wuchshöhe nicht so deutlich hervor. In einem Jahr, das nicht so trocken ist wie 2015 es war, würden die Wuchshöhenunterschiede wahrscheinlich noch ausgeprägter sichtbar werden. Aus

allen Daten aus Weißrussland und Österreich (Tulln und Groß Enzersdorf) lässt sich schließen, dass der Wuchshöhenunterschied zwischen indeterminierten Kreuzungen und semideterminierten Kreuzungen ungefähr 12,5 cm beträgt.

Die durchschnittliche Reifezeit bei dem 3-jährigen Versuch in Weißrussland betrug für indeterminierte Sorten 135,7 Tage und bei semideterminierten Sorten 132 Tage, was eine Differenz von 3,7 Tagen ergibt und keinen signifikanten Unterschied bedeutet. In Tulln betrug die durchschnittliche Reifezeit für indeterminierte Kreuzungen 44 Tage nach dem 31.07. und für semideterminierte Kreuzungen 40 Tage nach dem 31.07., was eine Differenz von 4 Tagen ergibt und einen signifikanten Unterschied bedeutet. Für den Standort Groß Enzersdorf ergab sich eine durchschnittliche Reifezeit für indeterminierte Kreuzungen 50 Tage nach dem 31.07. und für semideterminierte Kreuzungen 48 Tage nach dem 31.07., was eine Differenz von 2 Tagen ergibt und keinen signifikanten Unterschied bedeutet (vgl. ROSENZWEIG et al., 2003, 248).

5. Schlussfolgerung und Ausblick

Zusammenfassend kann man sagen, dass sich an den beiden Standorten (Tulln und Groß Enzersdorf) unterschiedliche Ergebnisse präsentierten, welche auf verschiedene Umwelteinflüsse zurückzuführen sind. An beiden Standorten war zu erkennen, dass *Dt2*-Pflanzen früher reif waren als die *dt2*-Pflanzen und es lässt sich auch feststellen, dass *Dt2*-Pflanzen eine geringere Wuchshöhe erreichten, als Pflanzen mit *dt2*-Gen. An beiden Standorten konnte festgestellt werden, dass *Dt2*-Pflanzen einen höheren Proteingehalt hatten als *dt2*-Pflanzen, was durch die signifikanten Unterschiede belegt werden konnte.

Um abschließend die beiden Forschungsfragen zu beantworten, ob das *Dt2*-Gen Einfluss auf agronomische Merkmale und die Inhaltsstoffe hat, lässt sich sagen, dass in Tulln ein Einfluss auf die Reifezeit besteht, in Groß Enzersdorf jedoch nicht. In Tulln und in Groß Enzersdorf gibt es keinen Einfluss auf den Ertrag und das Tausendkorngewicht. Beim Proteingehalt lässt sich an beiden Standorten ein Einfluss feststellen. Beim Ölgehalt in Tulln gab es einen Einfluss, der in Groß Enzersdorf nicht nachgewiesen werden konnte. Der Einfluss des *Dt2*-Gens auf den Zuckergehalt konnte nur in Tulln nachgewiesen werden.

Genetisches Material mit semideterminiertem Wuchs (Dt_2) sollte weiterbearbeitet werden, da sich hier noch einiges Potenzial verbirgt, um bei den Sorten, die einer Reifegruppe mit früher Reife angehören, das Ertragspotenzial zu erhöhen. Ein weiterer Punkt, auf den man sich in Zukunft konzentrieren sollte, ist die Ansatzhöhe der ersten Hülse, um die Ernteverluste zu minimieren. Eine Anpassung der Pflanzen an extreme Witterungsbedingungen wird auch in Zukunft Forschungsgegenstand sein, seien es Trockenheit oder zu hohe Niederschlagsmengen.

6. Literaturverzeichnis

AEIOU (s.a.): Tullnerfeld. Published by: Austria-Forum, das Wissensnetz, <http://austria-forum.org/af/AEIOU/Tullnerfeld>, (25. März 2016)

BERGER, L.; GRUBER, P.; HUBER, E.; PANZENBÖCK, J.; REHM, F. UND SCHNABEL, A. (1994): Pflanzenbau 2 – Acker und Grünland. 3. Auflage, Graz: Leopold Stocker Verlag.

BERNARD, R. (1972) Two genes affecting stem termination in soybeans. *Crop Science* 12, 235-239. zitiert nach KUMUNDINI, S. (2010): Soybean Growth and Development. In: SINGH, G. (Hrsg.): *The soybean - botany, production and uses*. Wallingford: CABI.

BOKU (s.a.): BOKU – Universität für Bodenkultur Wien. Published by Department für Nutzpflanzenwissenschaften, at: <http://www.dnw.boku.ac.at/vwg/organisation/die-versuchswirtschaft/> (16.03.2016)

CURTIS, D., TANNER, J., LUZZI, B. and HUME, D. (2000): Agronomic and phenological differences of soybean isolines differing in maturity and growth habit. *Crop Science* 40, 1624-1629. zitiert nach KUMUNDINI, S. (2010): Soybean Growth and Development. In: SINGH, G. (Hrsg.): *The soybean - botany, production and uses*. Wallingford: CABI.

FAO (2016): FAOSTAT - Food and Agriculture Organization of the United Nations. Rom, at: <http://faostat3.fao.org/browse/Q/QC/E> (01.03.2016)

FAO (2016): FAOSTAT - Food and Agriculture Organization of the United Nations. Rom, at: <http://faostat.fao.org/beta/en/#data/QC> (22.11.2016)

GAI, J., PALMER, R. und FEHR, W. (1984): Bloom and pod set in determinate and indeterminate soybeans grown in China. *Agronomy Journal* 76, 979-984. zitiert nach KUMUNDINI, S. (2010): Soybean Growth and Development. In: SINGH, G. (Hrsg.): *The soybean - botany, production and uses*. Wallingford: CABI.

HARTUNG, R., SPECHT, J. and WILLIAMS, J. (1981): Modification of soybean plant architecture by genes for stem growth habit and maturity. *Crop Science* 21,51-56. zitiert nach KUMUNDINI, S. (2010): Soybean Growth and Development. In: SINGH, G. (Hrsg.): *The soybean - botany, production and uses*. Wallingford: CABI.

KUMUNDINI, S. (2010): Soybean Growth and Development. In: SINGH, G. (Hrsg.): *The soybean - botany, production and uses*. Wallingford: CABI.

LIEBEREI, R.; REISDORFF, C. und FRANKE, W.(Begründer) (2012): Nutzpflanzen. 8., überarbeitete Auflage. Stuttgart, New York: Georg Thieme Verlag.

LOCKHART, J. (2014): FindingDt2, the Dominant Gene That Specifies the Semideterminate Growth Habit in Soybean. *The Plant Cell* 26, 2725.

LÜ, S. (1978): Discussion on the original region of cultivated soybean in China. *Scientia Agricultura Sinica* 4, 90-94. zitiert nach QUI, L. und CHANG, R. (2010): The origin and history of soybean. In: SINGH, G. (Hrsg.): *The soybean - botany, production and uses*. Wallingford: CABI.

PING, J.; LIU, Y.; SUN, L.; ZHAO, M.; LI, Y.; SHE, M.; SUI, Y.; LIN, F.; LIU, X.; TANG, Z.; NGUYEN, H.; TIAN, Z.; QIU, L.; NELSON, R.; CLEMENTE, T.; SPECHT, J. and MA, J. (2014): Dt2 Is a Gain-of-Function MADS-Domain Factor Gene That Specifies Semideterminacy in Soybean. *The Plant Cell* 26, 2831–2842.

QUI, L. und CHANG, R. (2010): The origin and history of soybean. In: SINGH, G. (Hrsg.): *The soybean - botany, production and uses*. Wallingford: CABI.

ROSENZWEIG, V.; GOLENKO, D.; DAVYDENKO, O. und SHABLINSKAYA, O. (2003): Breeding strategies for early soybeans in Belarus. *Plant Breeding* 122, 456-458.

SINGH, G. und SHIVAKUMAR, B. (2010): The Role of Soybean in Agriculture. In: SINGH, G. (Hrsg.): *The soybean - botany, production and uses*. Wallingford: CABI.

STATISTIK AUSTRIA (2015): Published by Statistik Austria, at: http://www.statistik.at/web_de/statistiken/wirtschaft/land_und_forstwirtschaft/agraarstruktur_flaechen_ertraege/feldfruechte/index.html (10.05.2016)

STATISTIK AUSTRIA (2015): Published by Statistik Austria, at: http://www.statistik.at/web_de/statistiken/wirtschaft/land_und_forstwirtschaft/agraarstruktur_flaechen_ertraege/feldfruechte/index.html (10.05.2016)

THOMPSON, J., BERNARD, R. and NELSON, R. (1997): A third allele and the dt1 locus. *Crop Science* 37, 757-762. zitiert nach KUMUNDINI, S. (2010): Soybean Growth and Development. In: SINGH, G. (Hrsg.): *The soybean - botany, production and uses*. Wallingford: CABI.

TIAN, Z.; WANG, X.; LEE, R.; LI, Y.; SPECHT, J.; NELSON, R.; MCCLEAN, P.; QIU, L. and MA, J. (2010): Artificial selection for determinate growth habit in soybean. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 107, 8563–8568.

University of Missouri (s.a.): University of Missouri. Published by Division of Plant Sciences, at: <http://genezoo.missouri.edu/soybean.cfm> (10.05.2016)

VAVILOV, N. (1982): *The World Origin Centers of Main Cultivated Crops* (Translated by DONG, Y.). Beijing: Agricultural Press. zitiert nach QUI, L. und CHANG, R. (2010): The origin and history of soybean. In: SINGH, G. (Hrsg.): *The soybean - botany, production and uses*. Wallingford: CABI.

VERBAND DEUTSCHER LANDWIRTSCHAFTLICHER UNTERSUCHUNGS- UND FORSCHUNGSANSTALTEN (VDLUFA) (2003): *Die Anwendung der Nahinfrarotspektroskopie (NIRS) bei der Untersuchung von Futtermitteln und pflanzlichen Produkten*. Bonn: Selbstverlag.

WANG, J. (1947): Evaluation of soybean traits. *Agricultural Journal* 5, 66-71. zitiert nach QUI, L. und CHANG, R. (2010): The origin and history of soybean. In: SINGH, G. (Hrsg.): *The soybean - botany, production and uses*. Wallingford: CABI.