

# Evaluierung von Genotyp-Umwelt Interaktionen bei Pappel und Weide auf landwirtschaftlichen Standorten in kurzen Umtriebszeiten – Ergebnisse aus dem ProLoc Verbundvorhaben

Christoph Stiehm\* und Martin Hofmann\*

## Zusammenfassung

Im Zuge des ProLoc Verbundvorhabens wurden auf einer breiten Amplitude standörtlicher Bedingungen nach einheitlichem Design Feldversuche mit drei Pappel- und zwei Weidenklonen in Kurzumtriebsplantagenbewirtschaftung angelegt, um den Einfluss ertragsbestimmender Standortbedingungen zu quantifizieren. Basierend auf 23 dieser Versuche wurde der Einfluss der Genotyp-Umwelt Interaktion auf die Gesamtwuchsleistung der Biomasse untersucht. Anhand einer Varianzkomponentenanalyse kann der größte Anteil der Gesamtstreuung durch den Faktor Standort erklärt werden, der Anteil, der durch Genotyp-Umwelt Interaktion erklärten Varianz, liegt deutlich niedriger und der Anteil des Faktor Genotyp ist verschwindend gering. Dem Ansatz der zweiphasigen Versuchserienauswertung folgend, wurden die Einzelversuche varianzanalytisch ausgewertet, um die Standorte mit signifikanten Unterschieden in der Ertragsleistung der Klone zu identifizieren. 13 von 23 Standorten weisen signifikante Differenzierungen in der Rangfolge der Klone auf. Von diesen 13 Standorten liegen jedoch nur fünf in ihrer mittleren Ertragsleistung über dem Gesamtdurchschnitt von  $42,38 \text{ t}_{\text{atro}} \text{ ha}^{-1}$ . Die klon- und standortweisen Mittelwerte der Ertragsleistung wurden einer Biplot Analyse unterzogen, um zu überprüfen, ob sich Standorteinheiten bilden lassen, die ähnlich differenzierend auf den Prüfgliedersatz wirken. Durch die Biplot Analyse konnte die Datenstruktur gut approximiert werden. Es bestätigten sich die Ergebnisse der Varianzkomponentenanalyse. Auf den Standorten mit ähnlicher Rangfolge der Prüfgliedmittel konnten keine deutlichen Tendenzen zu Standorteigenschaften, die diese Rangfolge verursachen könnten, identifiziert werden. Abgrenzungen zwischen den Gattungen der Prüfglieder sind nur tendenziell erkennbar.

**Schlüsselwörter:** *Populus, Salix, Kurzumtriebsplantage, Standortleistung, Genotyp-Umwelt Interaktion, Biplot Analyse*

## Abstract

### Assessing Genotype-Environment Interaction for Poplars and Willows on agricultural sites in short rotation coppice – Results from the Joint Research Project ProLoc

In the course of the ProLoc joint research project field experiments with three poplar and two willow clones in short rotation coppice management were established in a uniform design on a broad amplitude of site conditions, in order to quantify the influence of yield determining site factors. Based on 23 of these experiments, the influence of the genotype-environment interaction on the total biomass growth performance was investigated. Using a variance component analysis, the largest proportion of the total variance could be explained by the site factor, the variance explained by genotype-environment interaction is significantly lower and the proportion of the factor genotype is negligible. Following a two-phase trial series analysis approach, the individual experiments were evaluated by one-way ANOVA in order to identify the sites with significant differences in the yield performance of the clones. 13 out of 23 sites showed significant differentiation in the ranking of the clones. Out of these 13 sites, only five of them had an average yield above the overall average of  $42.38 \text{ t}_{\text{atro}} \text{ ha}^{-1}$ . The clonal and site-wise means of yield performance were subjected to a biplot analysis in order to check whether site units can be formed that have a comparable differentiating effect on the clones. The biplot analysis displayed a good approximation of the data structure; the results of the variance component analysis were confirmed. At locations with similar ranking of clone means, no significant trends could be identified for site characteristics that could cause this ranking. Differences between the genera of the clones occurred rather as tendencies.

**Keywords:** *Populus, Salix, Short Rotation Coppice, Site productivity, Genotype-Environment Interaction, Biplot Analysis*

\* Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abteilung C – Waldgenressourcen, Professor-Oelkers-Straße 6, 34346 Hann. Münden

## 1 Einleitung

Aufgrund ihres starken Jugendwachstums sind Pappeln und Weiden besonders interessant für die Produktion von Energiehackschnitzeln in kurzen Umtriebszeiten (Hofmann, 1999; Bärwolff et al., 2012). Dabei werden bestimmte Arten und Hybridformen über Steckhölzer vermehrt und auf landwirtschaftlichen Standorten in drei- bis vierjährigen Ernteintervallen bewirtschaftet. Bei sachgerechtem Management garantieren vitale Stockausschläge eine lange Standzeit der Plantagen (Janßen et al., 2010).

In der Bundesrepublik Deutschland sind solche Kurzumtriebsplantagen bislang noch weitgehend auf den Versuchsmaßstab beschränkt. Es bedarf aber nur leicht veränderter Rahmenbedingungen, um das Konzept auch wirtschaftlich attraktiv werden zu lassen.

Unter den Erfolgsvoraussetzungen stehen Ertragsleistung und Ertragssicherheit an vorderster Stelle. Deshalb setzt eine kalkulierbare Kurzumtriebswirtschaft Wissen über die Standortanforderungen von Hochleistungspappeln und -weiden voraus und erfordert eingehende Kenntnisse über Klon-Standort Wechselwirkungen bei Pappel und Weide.

Bislang kann das standortsbezogene Ertragspotential von bestimmten Sorten und damit die sichere standortabhängige Beurteilung der Wirtschaftlichkeit noch nicht mit hinreichender Genauigkeit abgeschätzt werden. Abweichend zu den Ertragsprognosen für landwirtschaftliche Fruchtfolgen, die sich auf eine belastbare Datenbasis gründen, fehlt eine solche für den Feldholzanbau. Vorliegende Versuchsergebnisse können nur standortbezogen interpretiert werden. Für weiterführende Aussagen ist das mit den bisherigen Versuchen abgedeckte Standortspektrum leider nicht ausreichend. Ertragspotenzialstudien mit unterschiedlichen Klonen, Bestandesdichten, Umtriebszeiten und Anpflanzjahren von verschiedenen Standorten sind in diesem Zusammenhang allenfalls als Anhaltspunkte einzustufen.

Das Verbundvorhaben ProLoc „Erfassung von Klon/Standort Wechselwirkungen bei Pappel und Weide auf landwirtschaftlichen Standorten in kurzen Umtriebszeiten“ schließt diese Lücke. Erstmals wurden unter Einbezug möglichst aller repräsentativen Regionen Deutschlands, die auf Grund ihrer Standortsausstattung für einen Anbau in Frage kommen, Feldversuche nach einheitlichem Versuchsdesign angelegt und mit einheitlicher Datenerhebung zentral

ausgewertet (Amthauer Gallardo, 2014; Janßen et al., 2017). Versuchsanlage und Kulturführung entsprachen dem anerkannten Standard.

Entsprechend der inhaltlichen Ausrichtung des Versuches wurden zwei aussichtsreiche Weidensorten („Inger“ und „Tordis“) und drei bekannte Pappelklone („Max 1“, „Hybride 275“ und „AF2“), also insgesamt fünf Prüfglieder, auf insgesamt 55 Standorten im gesamten Bundesgebiet auf ihre Klon/Standort Wechselwirkung hin untersucht und die ertragsbestimmenden Standortparameter identifiziert. Die Arbeiten gliederten sich in mehrere Arbeitspakete, die neben der Quantifizierung der Umwelteinflüsse im dreijährigen Rotationsmodus (Arbeitspaket 1, 38 Flächen), zusätzlich diese Effekte bei Bewirtschaftung in längeren Umtriebszeiten von zehn Jahren (Arbeitspaket 2a, 14 Flächen) und wechselnden Pflanzabständen (Arbeitspaket 2b, drei Flächen) untersuchen sollten. Ein Teilprojekt der Universität Kassel befasste sich mit der C- und N-Dynamik in den Böden unter Kurzumtriebsplantagen (Wachendorf und Möller 2016). Nicht zuletzt die enge Zusammenarbeit mit 28 Institutionen aus Forschung, Wissenschaft und Praxis über mehr als sechs Jahre hinweg macht das Verbundvorhaben ProLoc beispielhaft für die Kurzumtriebsforschung in Deutschland.

Neben der Identifizierung der leistungsbestimmenden Standortparameter sollte in ProLoc untersucht werden, ob Klon-Standort Wechselwirkungen vorliegen und ob diese wiederholbar sind, also ob für verschiedene Klone unterschiedliche Anbauoptima hinsichtlich der Umweltbedingungen existieren. Die Untersuchung dieser Fragestellung ist das Ziel dieses Beitrags und soll im Folgenden anhand der Versuchsflächen mit dreijährigen Ernteintervallen näher beleuchtet werden.

## 2 Material und Methoden

### 2.1 Verwendete Prüfglieder

Als Prüfglieder wurden zu Beginn des Verbundvorhabens drei Pappel- und zwei Weidenhybride festgelegt (Tabelle 1). Durch diese Auswahl sollten Klone geprüft werden, die zum Teil bereits im Praxisanbau etabliert sind und es sollten durch unterschiedliche Kreuzungseltern bzw. interspezifische Kreuzungskombinationen verschiedene Züchtungsstrategien repräsentiert werden.

**Tabelle 1**

Übersicht über die in ProLoc verwendeten Klone und deren jeweilige Kreuzungskombination (Sektionen der Kreuzungskombinationen nach Dickmann und Kuzovkina (2014))

Prüfglied	Klon-Name	Kreuzung Artnamen	Sektionen Kreuzung	Kürzel
1	'Max 1'	<i>P. nigra</i> Linnaeus × <i>P. maximowiczii</i> Henry	<i>Aigeiros</i> × <i>Tacamahaca</i>	MAX
2	'Hybride 275' (syn. 'NE 42')	<i>P. maximowiczii</i> Henry × <i>P. trichocarpa</i> Torrey & Gray	<i>Tacamahaca</i> × <i>Tacamahaca</i>	HYB
3	'AF2'	<i>P. deltooides</i> Marshall × <i>P. nigra</i> Linnaeus	<i>Aigeiros</i> × <i>Aigeiros</i>	AF2
4	'Inger'	<i>S. triandra</i> Linnaeus × <i>S. viminalis</i> Linnaeus	<i>Amygdalinae</i> Koch × <i>Vimen</i> Dumortier	ING
5	'Tordis'	( <i>S. viminalis</i> Linnaeus × <i>S. schwerinii</i> E. Wolf) × <i>S. viminalis</i> Linnaeus	( <i>Vimen</i> Dumortier × <i>Vimen</i> Dumortier) × <i>Vimen</i> Dumortier	TOR

Bei den Pappelklonen handelt es sich ausschließlich um intra- und intersektionelle Kreuzungen von Schwarz- und Balsampappeln. Besonders die Hybride von Balsampappeln haben sich für die Biomassegewinnung im Feldholzanbau bewährt (Hofmann, 2005; Bärwolff et al., 2012; Janßen et al., 2012; Grotehusmann et al., 2017). „Max 1“ und „Hybride 275“ zählen nach der Erhebung zur Versorgungssituation von forstlichem Vermehrungsgut im Bundesgebiet (BLE – Bundesanstalt Landwirtschaft Ernährung, 2018) zu den meist nachgefragtesten Pappelklonen, die nach FoVG zugelassen sind. Beide Klone erzeugten in Feldversuchen überdurchschnittliche Erträge und werden zum Anbau empfohlen (Rau et al., 1988; Hofmann, 1999; Boelcke, 2006; Bärwolff et al., 2012). Für „AF2“ liegt keine Zulassung nach FoVG vor. Dieser Klon aus italienischer Züchtung hat sich beim Anbau in Norditalien und bei Versuchsanbauten im europäischen Ausland im Vergleich mit anderen Klonen bewährt (Filat et al., 2010; Lazdina et al., 2014; Sixto et al., 2014).

Für Versuchsanbauten in Großbritannien belegen Lindgaard et al. (2011) eine Leistung von „Tordis“, die über dem Gesamtmittel aller Klone in allen Versuchen liegt. Inger schneidet dagegen unter dem Durchschnitt ab. Caslin et al. (2012) bewerten den Ertrag beider Klone insgesamt als durchschnittlich, an einzelnen Standorten jedoch auch als überdurchschnittlich. Für beide Klone wird auf vergleichsweise guten Ertrag oder zumindest erwartet guten Ertrag auf trockenen Standorten hingewiesen (Caslin et al., 2012). Bärwolff et al. (2012) heben die überdurchschnittliche Wachstumsleistung von „Inger“ und „Tordis“ hervor und beziehen beide Klone in eine Anbauempfehlung mit ein.

## 2.2 Versuchsflächen

Abbildung 1 enthält eine Übersicht über die geografische Lage der 23 für die folgende Analyse verwendeten ProLoc Flächen des Arbeitspaketes 1 (AP1). Ursprünglich wurden im Frühjahr 2008 zu Beginn des Verbundvorhabens 38 Flächen angelegt, von denen jedoch nicht alle bis zum Ende der zweiten Rotation aktiv betreut wurden. In der ersten Projektphase wurden neun Standorte aufgrund wiederholt starker Ausfälle oder sehr geringer Wüchsigkeit bereits von der Analyse ausgeschlossen (Amthauer Gallardo, 2014). Gründe dafür waren im Einzelnen und als Kombination von Ursachen eine fehlende Beikrautregulierung, sehr geringe Niederschläge auf sandigen (Ackerzahl < 30) oder flachgründigen Standorten, starker Wildverbiss aufgrund fehlender Einzäunung und stark saure Bodenreaktion. Diese Standorte wurden in der zweiten Projektphase nicht fortgeführt oder waren bereits aufgegeben. Es kamen drei Standorte hinzu, auf denen aus administrativen Gründen die Betreuung nicht fortgesetzt werden konnte. Für zwölf Versuche lagen daher nicht die Ernteergebnisse aus beiden Umtriebszeiten vor. Auf den verbleibenden 26 Standorten konnten die Daten vollständig erhoben werden. In den folgenden Analysen wurden jedoch wie bei Amthauer Gallardo (2014) die Standorte 2 Lillental, 7 Kaisheim und 27 Bärenrode aufgrund des hohen Beikrautdrucks und der Ausfälle durch Schermausfraß nicht berücksichtigt, da die Ertragsergebnisse als nicht repräsentativ für die Standorteigenschaften angesehen werden.

Der Versuchszeitraum der ausgewählten Flächen erstreckt sich über zwei Umtriebszeiten, also sechs Jahre. Beginnend in 2008 erfolgte zum Ende der ersten Umtriebszeit die Beerntung des dreijährigen Aufwuchses auf dreijähriger Wurzel im Winter 2010/2011. Die zweite Ernte des dreijährigen Aufwuchses auf sechsjähriger Wurzel wurde im Winter 2013/2014 durchgeführt.

Ziel der Standortauswahl war es, eine möglichst breite Verteilung über das Bundesgebiet zu erreichen, um die für den KUP-Anbau möglichen Boden- und Klimabedingungen zu repräsentieren. Die Verteilung der hier dargestellten Standorte erstreckt sich auf insgesamt neun Bundesländer und 14 verschiedene Bodengroßlandschaften (FISBo BGR 2014). Letztere reichen von den nördlichsten Versuchsflächen auf den Grundmoränenplatten und lehmigen Endmoränen im Jungmoränengebiet Norddeutschlands bis hin zu den Schwäbisch Bayerischen Jungmoränengebieten der südlichsten Fläche. Die westlichste Fläche befindet sich im Rheinland im Bördenvorland mit geringmächtiger Lössbedeckung. Die östlichste Versuchsfläche liegt in den sächsischen Lösslandschaften des Berglandes.

Tabelle 2 beinhaltet die den Versuchsflächen zugehörigen Standortinformationen im Bezug auf Boden und Klima. Die Höhenstufen der Versuche reichen von planar (Kummerow (12): 3 m Höhe ü. NN) bis hin zu montan (Aulendorf (3): 545 m Höhe ü. NN). Insgesamt sind acht verschiedene Bodentypen vorhanden. Parabraunerden stellen den größten Anteil mit sieben Standorten, gefolgt von Braunerden mit fünf Standorten. Gleye, Pseudogleye und Schwarzerden (Tschernosem) sind jeweils durch zwei Versuchsflächen vertreten. Eine Sonderrolle nimmt der Moorstandort Aulendorf (3) ein. Bei vier Versuchen handelt es sich um Bergbaufolgestandorte, die als Lockersyrosem und Regosol angesprochen wurden. Letzterem ist der Standort Grünewalde (13) zugehörig, der sich bereits seit einem längeren Zeitraum als die anderen Bergbaufolgen in der Rekultivierung befindet (Amthauer Gallardo 2014).

Die Bodenarten gliedern sich in beiden Tiefen nach der Einteilung der 5. Auflage der bodenkundlichen Kartieranleitung (KA5) in die Bodenarten-Hauptgruppen überwiegend in Sande und Schluffe (Ad-Hoc-Arbeitsgruppe Boden der Staatlichen Geologischen Dienste und der Bundesanstalt für Geowissenschaften und Rohstoffe et al. 2005). Bei der Einstufung der nutzbaren Feldkapazität (nFK) ebenfalls nach KA5 reichen die Werte von gering, z. B. in Forchheim (4) und Energiewald Welzow (8), bis hoch bei Königshovener Höhe (24) (Ad-Hoc-Arbeitsgruppe Boden der Staatlichen Geologischen Dienste und der Bundesanstalt für Geowissenschaften und Rohstoffe et al. 2005). Die Einstufung des Standorts Königshovener Höhe ist aufgrund der Störung als Bergbaufolge jedoch vorsichtig zu betrachten. Als bodenchemischer Parameter ist der pH-Wert angegeben, der wiederum nach KA5 Einstufung von Iden (30) mit einem Wert von 3,9 als sehr stark sauer bis hin zu sehr schwach alkalisch in Bernburg (28) und Königshovener Höhe (24) mit ca. 7,5 reicht.

Hinsichtlich der Klimadaten wurde über alle Standorte in sechs Versuchsjahren ein mittlerer Niederschlag in der Hauptvegetationszeit von Mai bis September von 359 mm

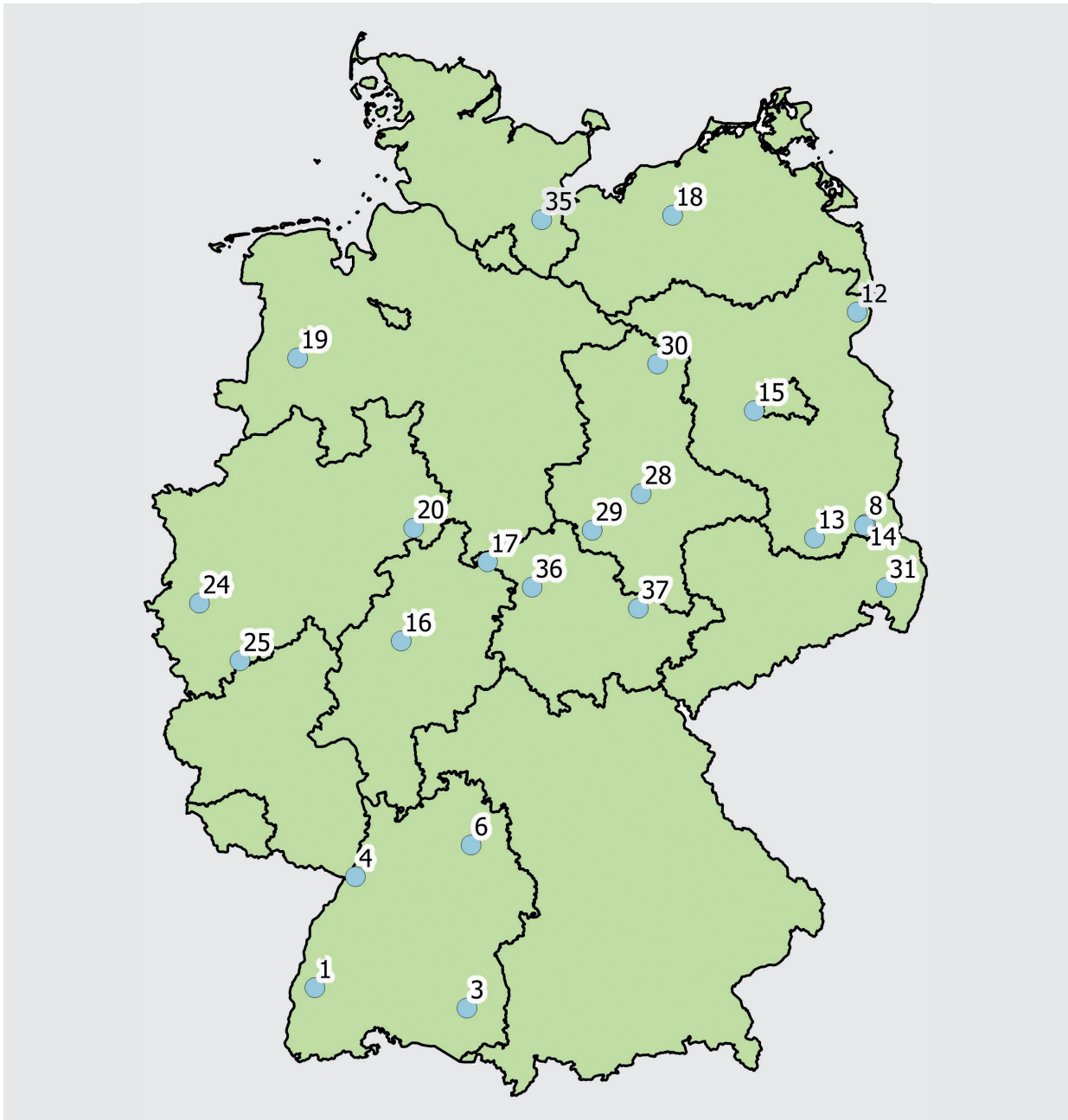


Abbildung 1

Geografische Lage der hier verwendeten 23 von ursprünglich 38 im Arbeitspaket 1 angelegten Versuchsflächen

gemessen. Das untere Ende der Verteilung wird dabei von Iden (30) mit 304 mm markiert, das obere Ende von Aulendorf (3) mit 511 mm. Die durchschnittliche Gesamt-Tagesmitteltemperatur für die Vegetationsperiode lag bei 16°C. Forchheim (4) stellt den wärmsten Standort mit 17,6°C dar was der Stufe mäßig warm entspricht (Arbeitskreis Standortkartierung in der Arbeitsgemeinschaft Forsteinrichtung, 2016). Die geringste mittlere Tagestemperatur wurde in Hayn (29) mit 14,9°C ermittelt, was der Wärmestufe mäßig kühl zugeordnet werden kann (Arbeitskreis Standortkartierung in der Arbeitsgemeinschaft Forsteinrichtung, 2016).

Die Methodik zur Erhebung der Standortparameter ist unter 2.4 näher erläutert.

### 2.3 Versuchsdesign und Aufnahmemethodik

Um vergleichbare Ergebnisse zu erhalten, wurde je Arbeitspaket ein einheitliches Versuchsdesign für alle Flächen festgelegt. Im Folgenden wird das Design der Versuchsserie im AP1 erläutert, um die Bildung der Ertragswerte nachvollziehen zu können. Eine ausführlichere Beschreibung der Aufnahmemethodik aller Arbeitspakete findet sich in Janßen et al. (2017).

Die Einzelversuche wurden hinsichtlich der Allokation der Prüfglieder als vollrandomisiert (CRD, Completely Randomised Design) angelegt. Einige Versuche erfüllen auch die Voraussetzungen einer randomisierten vollständigen Blockanlage (RCBD, Randomised Complete Block Design). Die

Tabelle 2

Übersicht zu Betreuung und Standorteigenschaften hinsichtlich Boden und Klima der betrachteten ProLoc Versuchsflächen (VFL)

VFL	Betreuende Institution	Standortname	Länder-kürzel	Höhe ü. NN [m]	Bodentyp	Bodenart		nFK [mm]		pH		Nieder-schlag		Tempe-ratur	
						0-30 cm	30-60 cm	0-30 cm	30-60 cm	0-60 cm	BZ	VP [mm]	VP [°C]		
1	FVA Baden-Württemberg	Emmendingen	BW	250	Tschernosem	Ut4	Ut4	56	50	6,55	77	459	17,1		
3	LTZ Augustenberg	Aulendorf	BW	545	Niedermoor	Mo	Mo	-	-	6,80	46	511	15,5		
4	LTZ Augustenberg	Forchheim	BW	117	Braunerde	Sl2	St2	34	21	4,90	26	369	17,6		
6	LTZ Augustenberg	Kupferzell	BW	350	Pseudogley	Lt3	Tu2	41	27	7,30	50	375	16,2		
8	BTU Cottbus	Energiewald Welzow	BB	100	Lockersyrosem	Lts	Ls4	28	30	5,65	14	373	16,5		
12	HNE Eberswalde (FH)	Kummerow	BB	3	Braunerde	St2	St2	43	33	4,90	14	321	16,2		
13	FIB Finsterwalde	Grünwalde	BB	103	Regosol	St2	St2	51	38	5,05	38	370	16,3		
14	FIB Finsterwalde	Welzow Süd	BB	130	Lockersyrosem	Sl4	Ss	32	25	7,00	13	374	16,5		
15	ATB Potsdam	Potsdam Bornim	BB	35	Parabraunerde	Su2	Su2	54	39	7,05	36	325	16,8		
16	JLU Gießen	Lehmkaute	HE	230	Parabraunerde	Lu	Lu	43	38	5,70	80	333	15,5		
17	Universität Kassel	Unterrieden	HE	161	Braunerde	Sl3	Sl3	41	38	5,95	39	334	15,4		
18	LFA Mecklenburg-Vorpommern	Gülzow	MV	8	Braunerde	Ss	Ss	33	27	6,35	36	315	15,7		
19	3N Kompetenzzentrum Niedersachsen	Werlte	NI	30	Parabraunerde	Su2	Su2	57	44	5,50	33	356	15,7		
20	Maschinenring Höxter-Warburg	Borlinghausen	NW	297	Pseudogley	Lt3	Tu2	37	29	5,65	34	340	15,4		
24	RWE / RFWU Bonn	Königshovener Höhe	NW	49	Lockersyrosem	Uu	Uu	66	65	7,55	66	317	16,0		
25	RFWU Bonn	Campus Klein-Altendorf	NW	184	Parabraunerde	Lu	Lu	41	37	6,85	72	327	16,0		
28	LLFG Sachsen-Anhalt	Bernburg	ST	72	Tschernosem	Ut4	Ut4	57	54	7,50	100	329	16,6		
29	LLFG Sachsen-Anhalt	Hayn	ST	416	Parabraunerde	Lu	Lu	49	40	6,00	50	349	14,9		
30	LLFG Sachsen-Anhalt	Iden	ST	26	Gley	Ss	Ss	33	27	3,90	19	304	16,2		
31	LFULG Sachsen	Pommritz	SN	256	Braunerde	Sl2	Sl3	43	29	5,90	34	441	16,4		
35	TI – Fachinstitut für Forstgenetik Großhansdorf	Threnthorst	SH	41	Gley	Ls2	Lt2	46	25	6,45	55	343	15,5		
36	Baumschulen Oberdorla GmbH	Lohberg	TH	240	Parabraunerde	Ut4	Ut4	53	44	7,00	50	332	15,5		
37	Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft	Dornburg	TH	244	Parabraunerde	Tu4	Ut4	38	45	6,85	62	357	16,0		

Die Daten wurden in der ersten Projektphase erhoben (Amthauer Gallardo 2014). Bodenart und nutzbare Feldkapazität (nFK) sind auf die Tiefenstufen 0 bis 30 cm sowie 30 bis 60 cm bezogen angegeben. Die nFK wurde basierend auf den Tabellen 4 und 5 von Wessolek et al. (2009) neu berechnet. Der pH Wert ist als Mittelwert aus den Einzelwerten beider Tiefenstufen angegeben. Die Bodenzahlen (BZ) stammen aus der Reichsbodenschätzung bzw. wurden von Amthauer Gallardo (2014) geschätzt. Die Niederschlagssumme und die Tagestemperatur wurden als Mittelwerte über die forstliche Vegetationsperiode (VP, Monate Mai bis September) angegeben. Die Daten hierfür stammen vom Deutschen Wetterdienst.

Berücksichtigung der Blöcke als Zufallseffekt im gemischten Modell brachte jedoch in Modellvergleichen keinen signifikanten Vorteil gegenüber einer einfachen Varianzanalyse (hier nicht dargestellt). Aus diesem Grund wurden alle Versuche als vollrandomisiert analysiert. Die fünf Prüfglieder wurden in vierfacher Wiederholung, also 20 Versuchspartellen, ausgebracht. Jede Versuchspartelle setzt sich aus 5 Reihen je 20 Pflanzen zusammen. Der Pflanzverband wurde in der gesamten Versuchsserie auf einen Reihenabstand von 1,8 m und einen Abstand in den Reihen von 0,5 m festgesetzt. Die Partellen wurden im Versuch so ausgerichtet, dass sich

idealerweise eine für KUP typische zusammenhängende Reihenstruktur ergibt. Außen um die Versuche sollte ein 5 m breiter Rand frei gehalten werden, um mögliche Randeinflüsse von benachbarten Kulturen zu vermeiden. Die Flächen wurden zusätzlich gegen Störeinflüsse wie Wildverbiss eingezäunt. Innerhalb der einzelnen Versuchspartellen wurde ein Partellenkern ausgewiesen, der sich aus den inneren 48 Pflanzen zusammensetzt. Die äußersten zwei Reihen und die beiden ersten und letzten Pflanzplätze der mittleren drei Reihen wurden als Partellenrand belassen. Messungen und Bonituren wurden nur im Partellenkern durchgeführt. Im



Winter wurden jährlich Ausfall, Höhe und Brusthöhen-Durchmesser (kurz: BHD, Durchmesser in 1,3 m Höhe) gemessen und im Sommer der Rostbefall sowie andere pflanzenpathologisch relevante Befallserscheinungen. Nicht alle 48 Pflanzen der Kernparzelle wurden hinsichtlich der beschriebenen Parameter untersucht. Ein Aufnahmeaster wurde festgelegt, dass für den BHD eine Messung von 24 Pflanzen und für die Höhen eine Messung von 8 Pflanzen in der ersten Projektphase vorsah. Der Umfang der BHD Messungen wurde in der zweiten Projektphase von 24 auf 16 Pflanzen reduziert. Die zur BHD Messung herangezogenen Pflanzen wurden ebenfalls nach drei Jahren zur Wiegung für die Biomasseschätzung verwendet. Da die Massen aus den Wiegungen als Frischmassewerte ermittelt wurden, folgte eine Feststellung der Trockensubstanzgehalte. Dazu wurden vom Erntegut je Parzelle vier Mischproben angefertigt, die in Trockenschränken zur Gewichtskonstanz getrocknet wurden. Dieses Vorgehen kam den Vorgaben der DIN Norm zur Bestimmung des Wassergehaltes bei festen Biobrennstoffen nach (DIN, 2010). Über die mittleren Trockensubstanzgehalte je Klon wurden die Frischmassewerte in Trockenmassewerten je Einzelbaum umgerechnet. Über die Summenbildung und Hochrechnung von der Stichprobenfläche wurde die Gesamtbiomasse als Hektarangabe errechnet. Dieses Vorgehen folgt dem bei Röhle (2009) beschriebenen Probebaumverfahren. Da die Berechnung je Ernte erfolgte, ergab sich ein Ertragswert je Parzelle je Rotation. Diese beiden Werte wurden parzellenweise aufsummiert, um die Gesamtwuchsleistung (GWL) nach sechs Jahren zu erhalten. Die Angabe der GWL ist im Folgenden als [ $t_{\text{atro}}$  ha<sup>-1</sup>] zu interpretieren.

## 2.4 Standortkartierung

Die zur Einschätzung des Ertragspotenzials erforderlichen Standortdaten wurden in der ersten Projektphase erhoben bzw. angefordert und für die Modellierung in der zweiten Projektphase weiterverwendet. Die Standortinformationen gliedern sich in Boden- und Klimadaten.

Die Methodik zum bodenkundlichen Teil der Standortkartierung ist bei Amthauer Gallardo (2014) beschrieben. Neben Standortansprachen in Profilgruben wurden auf jeder Fläche an den Profilen und aus Bohrungen Proben für bodenphysikalische und bodenchemische Analysen genommen (Amthauer Gallardo, 2014). Die Profilsprachen erfolgten nach den Standards der KA5 (Ad-Hoc-Arbeitsgruppe Boden der Staatlichen Geologischen Dienste und der Bundesanstalt für Geowissenschaften und Rohstoffe et al. 2005), die Labormethoden zu Bodenchemie und -physik sind im Detail bei Amthauer Gallardo (2014) beschrieben. Die in Tabelle 2 angeführten nFK Werte wurden für beide Tiefenstufen aus den im Labor ermittelten Bodenphysik Daten neu berechnet nach den Tabellen 4 und 5 von Wessolek et al. (2009).

Die Niederschlags- und Temperaturdaten wurden für den Versuchszeitraum vom Deutschen Wetterdienst bezogen. Die in Tabelle 2 enthaltenen Klimadaten basieren auf den mittleren Tagestemperaturen und Tagessummen der Niederschläge für den Versuchszeitraum an den Versuchen nächstgelegenen Messstationen, die auf die

tatsächlichen Versuchsflächenorte interpoliert wurden. Zur Interpolation der Klimadaten wurden die Methoden des WaSiM Modells verwendet (vgl. Schulla, 2017). Die Standorte, an denen in 2008 nach Pflanzung bewässert wurde, erhielten einen Zuschlag zum Niederschlag 2008 entsprechend der Bewässerungsmenge (Amthauer Gallardo, 2014; Janßen et al., 2017).

## 2.5 Versuchsauswertung und verwendete Software

Die statistischen Analysen für diesen Beitrag wurden unter Verwendung der Programmiersprache R (R Core Team, 2018) durchgeführt.

Zur Auswertung der vorliegenden parzellenweisen Ertragsdaten stehen die zwei Ansätze der einphasigen und zweiphasigen Serienauswertung zur Verfügung. Aus statistischer Sicht ist der einphasige Ansatz vorzuziehen (Smith et al., 2001; Piepho et al., 2012). In der praktischen Auswertung von Feldversuchen der Pflanzenzüchtung (sowohl landwirtschaftlich als auch forstlich) wird jedoch häufig der zweiphasige Ansatz verwendet (Piepho et al., 2012; Yan, 2014; Grotehusmann et al., 2017). Dieser sieht in der ersten Phase vor, dass zunächst eine varianzanalytische Auswertung auf Einzelversuchsebene erfolgt. Mit den adjustierten Mittelwerten der Klone je Versuch erfolgt dann in der zweiten Phase, meist mit entsprechender Gewichtung der Mittel, die serienübergreifende Varianzanalyse. Die Auswertung der Ertragsdaten je Einzelstandort wurde als Einfach-Varianzanalyse vorgenommen, der folgendes Modell zugrunde liegt:

$$y_{ir} = \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ir} \quad (1)$$

$y_{ir}$  entspricht hier dem beobachteten Wert der GWL in Wiederholung  $r$  für Klon  $i$ .  $\mu$  ist die mittlere GWL des Einzelversuchs,  $\alpha_i$  ist der Effekt des Klons  $i$  und  $\varepsilon_{ir}$  ist der Restfehler für Klon  $i$  in Wiederholung  $r$ . Der F-Test wurde als Omnibus-Test verwendet, um auf einen signifikanten Einfluss des Faktors Prüfglied/Klon zu testen. Wenn die Nullhypothese, dass alle Klone denselben mittleren Ertrag aufweisen, abgelehnt wurde, wurden anschließend paarweise Vergleiche durchgeführt, um zu ermitteln, welche Gruppen sich signifikant unterscheiden. Die paarweisen Vergleiche wurden mit dem R-Paket „multcomp“ (Bretz et al., 2011) durchgeführt. Dabei wurden Tukey Kontraste angewandt, um alle Prüfglieder untereinander zu vergleichen. Die Adjustierung der p-Werte zur Kontrolle des versuchs- und nicht vergleichsbezogenen Fehlers wurde mit der im Paket implementierten Prozedur nach Benjamini und Hochberg (1995) vorgenommen.

Die Modellvoraussetzungen wie Normalverteilung und Homoskedastizität wurden für die einzelnen Modelle anhand der Residuen überprüft. Dazu erfolgte zum einen eine graphische Analyse mit QQ-Plots und der Darstellung der Residuen über den Schätzwerten. Zusätzlich wurde die Normalverteilungsannahme mit dem Test nach Shapiro und Wilk (1965) in der R Implementierung nach Royston (1982) überprüft. Zum Überprüfen der Varianzhomogenität wurde der Test von Bartlett (1937) angewandt. Letzterer wurde

entsprechend der Empfehlung von Milliken und Johnson (2009) gewählt, da bei den betroffenen Einzelversuchen nach eingehender Überprüfung die Normalverteilungsannahme als erfüllt angesehen wurde. Für vier Versuche wurde keine Varianzhomogenität des Ertrags zwischen den Klonen angenommen (Tabelle 4). Milliken und Johnson (2009) folgend wurde daher der Omnibus-Test von Welch (1951) verwendet. Die paarweisen Vergleiche wurden in diesen Fällen unter Verwendung des in dem R-Paket „multcomp“ implementierten „sandwich“ Schätzers nach Zeileis (2006) angepasst. An zwei Versuchen wurde die Normalverteilungsannahme als nicht erfüllt angesehen. In diesen Fällen wurde der nichtparametrische Kruskal-Wallis Rangsummen Test (Hollander et al., 2014) als Omnibus Test durchgeführt. In beiden Fällen konnte die Nullhypothese nicht abgelehnt werden, weshalb keine Post-hoc-Tests durchgeführt wurden.

Zusätzlich wurde an allen Einzelstandorten die Heritabilität im weiteren Sinne („Broad Sense Heritability“) als Verhältnis der genotypischen zur phänotypischen Varianz berechnet (Lynch und Walsh, 1998):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_\varepsilon^2} \quad (2)$$

$\sigma_g^2$  entspricht der genetisch bedingten Varianz,  $\sigma_\varepsilon^2$  der Residualstreuung. Die Berechnung auf Einzelversuchsebene erfolgte mit dem R-Paket „heritability“ (Kruijer und White, 2016).

Um die Anteile der durch Umwelt, Genotyp und deren Interaktion verursachten Varianz an der Gesamtstreuung zu quantifizieren, wurde eine Varianzkomponentenanalyse durchgeführt. Diese wurde serienübergreifend basierend auf den Parzellendaten nach folgendem mehrfaktoriellen Modell berechnet (verändert nach Yan, 2014):

$$y_{ijr} = \mu + \alpha_i + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + \varepsilon_{ijr} \quad (3)$$

$y_{ijr}$  entspricht hier dem beobachteten Wert der GWL in Wiederholung  $r$  für Klon  $i$  an Standort  $j$ .  $\mu$  ist die mittlere GWL der Versuchsserie,  $\alpha_i$  ist der Effekt des Klons  $i$ ,  $\beta_j$  ist der Effekt am Standort  $j$ ,  $(\alpha\beta)_{ij}$  beschreibt die Wechselwirkung des Effekts des Klons  $i$  mit dem Effekt des Standorts  $j$  und  $\varepsilon_{ijr}$  ist der Restfehler für Klon  $i$  in Wiederholung  $r$ . Die phänotypische Varianz setzt sich basierend auf diesem Modell aus folgenden Varianzkomponenten zusammen (verändert nach Yan, 2014):

$$\sigma_p^2 = \sigma_g^2 + \sigma_l^2 + \sigma_{gl}^2 + \sigma_\varepsilon^2 \quad (4)$$

Dabei ist  $\sigma_p^2$  die phänotypische Varianz,  $\sigma_g^2$  ist die genotypische Varianz,  $\sigma_l^2$  die durch den Standort bedingte Varianz und  $\sigma_{gl}^2$  die Varianz durch Genotyp-Umwelt Interaktionen.  $\sigma_\varepsilon^2$  bezeichnet die Residualstreuung. Die Varianzkomponentenanalyse wurde per Restricted Maximum Likelihood (REML) Schätzung mit der Funktion „remlVCA“ des R-Pakets „VCA“ (Schuetzenmeister und Dufey, 2017) durchgeführt.

Wie bereits eingangs erwähnt wurden einige Standorte von vornherein vollständig von dieser Auswertung ausgeschlossen aufgrund von Schwierigkeiten in der Versuchsanlage, die kein repräsentatives Versuchsergebnis für die

Standortbedingungen erwarten ließen. Auf weiteren Standorten mussten einzelne Prüfglieder aus der Analyse ausgeschlossen werden aufgrund von Mängeln des Pflanzmaterials und darauf folgende Ausfälle. Die Nachbesserungen an diesen Standorten fielen so umfangreich aus, dass dies einer Neuanlage aller vier Parzellen eines Prüfglieds gleich kam. Der Aufwuchs des jeweiligen Prüfglieds war aus diesem Grund zum Zeitpunkt der ersten Ernte überwiegend erst zweijährig. Die hier beschriebenen Analysen wurden zunächst für den vollständigen Datensatz durchgeführt, als aber ersichtlich wurde, dass die beschriebenen Parzellen auch in der Gesamtwuchsleistung teils sehr deutlich unter dem jeweiligen Umweltmittel lagen, wurde die betroffenen Klone in den entsprechenden Versuchen wie bei Amthauer Gallardo (2014) von der Analyse ausgeschlossen. Dies führte in der serienübergreifenden Betrachtung zu unbalancierten, nicht orthogonalen Daten, da nicht mehr alle Prüfglieder an allen Standorten vertreten waren. In Tabelle 2 markieren die Leerstellen die unberücksichtigten Klon-Standort Kombinationen. Die Varianzanalyse und Post-hoc-Tests wurden dann für den am Standort verbleibenden Prüfgliedsatz durchgeführt. In der Biplot Analyse wurden, wie von Yan (2014) empfohlen, die fehlenden Werte durch die Umweltmittel der Einzelversuche ersetzt.

Das Signifikanzniveau für alle durchgeführten Tests wurde auf  $\alpha = 0,05$  festgelegt.

## 2.6 Biplot Analyse

Biplots sind ein Werkzeug, das in der statistischen Analyse eingesetzt werden kann, um durch Dimensionsreduktion Muster in Kreuztabellen bzw. Matrizen zu visualisieren (Yan und Kang, 2003). Die Biplot Analyse wurde von (Gabriel, 1971) eingeführt und kann dazu dienen, basierend auf einer Singulärwertzerlegung eine graphische Approximation der Datenstruktur einer Kreuztabelle zu ermöglichen (Yan, 2014). Dazu wird die Kreuztabelle in ihre Hauptkomponenten zerlegt und die Werte der Hauptkomponenten gegeneinander graphisch dargestellt (Yan, 2014). Die Darstellung der Hauptkomponenten in Biplots kann dadurch zahlreiche Eigenschaften aufweisen, die auf die Verhältnisse der Werte der Ursprungsmatrix untereinander zutreffen (Yan, 2014). Eine ausführliche Dokumentation der theoretischen Grundlagen und der verschiedenen Anwendungsmöglichkeiten von Biplots findet sich in Yan und Kang (2003) sowie Yan (2014). Eine Übersicht über die wichtigsten Eigenschaften ist in Malik und Piepho (2018) enthalten.

Die Analyse von z.B. Ertragsdaten in Kreuztabellen, die zeilenweise den Genotypen und spaltenweise den Standorttypen zugeordnet sind, mithilfe von Biplots findet in der landwirtschaftlichen Züchtung zunehmend breite Anwendung (Yan, 2014). Für den Bereich der Forstpflanzenzüchtung ist die Zahl der Veröffentlichungen wesentlich niedriger (z.B. Correia et al., 2010; Sixto et al., 2011; Gezan et al., 2017).

Zwei Arten von Biplots sind für die Analyse von Fragestellungen der Pflanzenzüchtung hilfreich: GGE und EGE Biplots. E steht in dieser Notation für Environment, also Umwelt, G (Genotype) für Genotyp und GE für die Wechselwirkung

aus Genotyp und Umwelt. Im Folgenden werden die Begriffe Genotyp und Klon sowie Standort, Versuch und Umwelt synonym verwendet, da dies für die Untersuchungen in ProLoc zutrifft. Unter dem Faktor Standort/Versuch/Umwelt werden die gesamten Umwelteinflüsse am jeweiligen Standort subsumiert.

Die GGE und EGE Form des Biplots unterscheiden sich wesentlich durch verschiedene Zentrierungen einer Genotyp-Umwelt Kreuztabelle, die in diesem Fall Ertragsdaten enthält.

Für die GGE Form des Biplots werden von den Ertragswerten der Genotyp-Umwelt Tabelle die Standortmittel (in diesem Fall Spaltenmittel) von den jeweiligen Ertragswerten abgezogen (Yan, 2014). Dadurch sind in den einzelnen Zellen der Matrix nur noch der Einfluss von Genotyp und Genotyp-Umwelt Interaktion enthalten. Der hierauf basierende Biplot eignet sich dazu, die Genotyp-Umwelt Interaktion zu quantifizieren und festzustellen, inwieweit sich hinsichtlich der Klone Gruppen von Standorten bilden, die ähnliche Rangfolgen unter den Prüfgliedwerten erzeugen.

Die Ausgangsdaten für den EGE-Biplot werden durch Subtraktion der Genotyp-Gesamtmittel der GWL von den Genotyp-Mitteln der Einzelversuche berechnet. Daraus ergeben sich in den Zellen der Kreuztabelle Werte, die die Effekte der Umwelt, der Genotyp-Umwelt Interaktion und den Restfehler enthalten. Der hierauf basierende Biplot eignet sich dazu, die Standorte auszuwählen, die für alle oder einige Genotypen die höchsten Erträge in der Versuchsserie lieferten (Yan, 2014). Der Biplot kann nicht zur Auswahl der besten Genotypen verwendet werden (Yan, 2014).

Dem Hinweis von Yan (2014) folgend, werden in die Biplot Analyse nur Standorte einbezogen, die in der einzelversuchsweisen Analyse signifikante Unterschiede zwischen den Prüfgliedern hinsichtlich des Ertrags ergaben.

Die „Information Ratio“ (IR) nach Yan und Tinker (2006) dient dazu, den Informationsgehalt von Hauptkomponenten zu beurteilen. Dazu wird der Anteil der erklärten Varianz im Verhältnis zur durchschnittlich zu erwartenden erklärten Varianz der vorhandenen Dimensionen der Matrix gesetzt. Für die ProLoc Ertragsmatrix ist die maximale Anzahl der Dimensionen fünf, da fünf Prüfglieder verwendet wurden und die Anzahl der Standorte größer ist. Wenn die fünf Dimensionen der Matrix linear unabhängig voneinander sind, sollte jede Dimension 20% der Gesamtstreuung erklären (Yan, 2014). Die erklärte Varianz einer Hauptkomponente der jeweiligen Analyse wird in Verhältnis zu diesen 20% gesetzt. Ist der erhaltene Wert des IR > 1, ist die zugehörige Hauptkomponente informativ und gibt entsprechend Strukturen der zugrunde liegenden Matrix wieder (Yan, 2014). Ist der Wert kleiner 1 ist durch andere Hauptkomponenten bereits ausreichend Streuung erklärt worden (Yan, 2014). Hauptkomponenten mit einer IR < 1 müssen aufgrund des geringen Informationsgehalts nicht tiefergehend untersucht werden. Idealerweise sollten die ersten beiden Hauptkomponenten in der Biplot Analyse einen IR > 1 haben (Yan, 2014), was für den ProLoc Datensatz bei fünf Prüfgliedern eine erklärte Varianz von über 20% je Hauptkomponente bedeutet.

Für die Erstellung der Biplots wurde das R-Paket „gge“ (Wright und Laffont, 2018) verwendet. Aufgrund heterogener Varianzen der Klon-Mittelwerte zwischen den Standorten wurden die Werte vor der Biplot Analyse wurzeltransformiert (vgl. Malik und Piepho, 2018). Zusätzlich wurden die Einzelwerte jeweils mit der Standardabweichung der Prüfgliedmittel je Standort (GGE) und je Klon (EGE) skaliert.

## 3 Ergebnisse

### 3.1 Varianzkomponentenanalyse

Tabelle 3 enthält die Varianzkomponentenanalyse der Gesamtwuchsleistung. Die genotypische Varianz, also die durch den Faktor Klon verursachte Streuung, fällt absolut und relativ sehr niedrig aus. Mit einem Anteil von 0,02% an der Gesamtstreuung ist dies der niedrigste Wert. Im sehr starken Gegensatz dazu übt die Umwelt (VFL als Standort) mit einem Anteil von 81,24% an der Gesamtstreuung den größten Einfluss aus. Die Interaktion aus Genotyp und Umwelt (Klon \* VFL) ist mit 7,73% ebenfalls von größerer Bedeutung als der alleinige Einfluss des Faktors Klon. Die Reststreuung ist mit 11,02% auf einem etwas höheren Niveau.

Das Verhältnis von Streuung (als Standardabweichung) zum Gesamtmittel, ausgedrückt durch den Variationskoeffizienten, bestätigt die Beobachtungen der Varianzkomponenten. Die Genauigkeit der Schätzung der Varianzkomponenten, die durch ihre Varianz (Var(VK)) beurteilt werden kann, ist absolut mit 1,5701 wiederum für den Standort am höchsten und für die anderen Faktoren vergleichsweise klein. Im Bezug auf die Größe der Schätzwerte ist das Verhältnis jedoch für den Faktor Klon ähnlich groß wie für den Standort.

Die durch den Faktor Umwelt bedingte Streuung und die durch die Klon-Standort Wechselwirkung bedingte Streuung

**Tabelle 3**

Varianzkomponentenanalyse der quadratwurzeltransformierten GWL der betrachteten ProLoc Standorte

Ursache	FG	VK	Anteil [%]	Vkoeff [%]	Var(VK)
Gesamt	31,465	4,977	100,00	36,45	1,5748
Klon	0,004	0,001	0,02	0,48	0,0003
VFL	20,827	4,044	81,24	32,86	1,5701
Klon * VFL	43,758	0,385	7,73	10,13	0,0068
Fehler	326,004	0,548	11,02	12,10	0,0018

Die Spalte Ursache gibt die Faktoren der Streuungsursachen an. Dem beschriebenen Modell folgend handelt es sich um den Genotyp (Klon), den Standort (VFL), die Wechselwirkung aus Klon und Standort (Klon \* VFL) und den Restfehler (Fehler). Die Spalte FG bezeichnet die jeweiligen Freiheitsgrade und VK die zugehörigen Varianzkomponenten. Die Spalte Anteil gibt den Anteil der durch den Faktor bedingten Varianz an der Gesamtstreuung an. Zusätzlich sind die Variationskoeffizienten (Vkoeff) und die Streuung der Schätzung der Varianzkomponenten (Var(VK)) angegeben. Die Werte sind auf die jeweils angegebenen Nachkommastellen gerundet.



sollen im Folgenden näher untersucht werden. Besonders für die Interaktion ist zu klären, ob es sich um zufällige Wechselwirkungen handelt oder ob eine Standortplastizität der GWL der Prüfglieder vorliegt.

### 3.2 Einzelflächenweise Auswertung

Tabelle 4 enthält die Ergebnisse der einzelflächenweisen Versuchsauswertung des Ertrags und einige Maßzahlen zur Beurteilung der Einzelversuche. Zusätzlich sind die Ergebnisse von paarweisen Vergleichen auf Versuchsebene nach Klon und auf Serienebene nach Standort dargestellt. Das Gesamtmittel der GWL betrug über alle Standorte und Klone hinweg  $\mu = 42,38 \text{ t}_{atro} \text{ ha}^{-1}$ .

Der höchste Ertrag als Gesamtwuchsleistung wurde am Campus Klein-Altendorf (25) mit  $69,14 \text{ t}_{atro} \text{ ha}^{-1}$  erreicht, gefolgt von Unterrieden (17) mit  $67,86$  und Werlte (19) mit  $66,13 \text{ t}_{atro} \text{ ha}^{-1}$ . Die drei ertragschwächsten Standorte liegen

mit den benachbarten Bergbaufolgeflächen in Welzow (8 und 14) mit  $3,69$  bzw.  $4,45 \text{ t}_{atro} \text{ ha}^{-1}$  sowie Iden (30) mit  $9 \text{ t}_{atro} \text{ ha}^{-1}$  vor. Alle drei Pappelklone erzielten in Klein-Altendorf (25) die höchsten Erträge (Max 1'  $70,99 \text{ t}_{atro} \text{ ha}^{-1}$ ; Hybride 275'  $76,64 \text{ t}_{atro} \text{ ha}^{-1}$ ; AF2'  $85,08 \text{ t}_{atro} \text{ ha}^{-1}$ ). Die höchste Gesamtwuchsleistung für Inger wurde in Werlte (19) mit  $76,66 \text{ t}_{atro} \text{ ha}^{-1}$  erzielt. In Aulendorf (3) konnte die höchste Biomasseleistung für Tordis' mit  $86,61 \text{ t}_{atro} \text{ ha}^{-1}$  ermittelt werden. Der Variationskoeffizient wurde basierend auf den Einzelparzellenwerten berechnet. Insgesamt sind die Werte als groß zu beurteilen, was jedoch auch darin begründet liegen dürfte, dass der Versuchsfehler in der Varianz enthalten ist und die Versuche als vollständig randomisiert ausgewertet wurden. Der Anstieg des Variationskoeffizienten mit abnehmender Ertragsleistung ist in den niedrigeren Versuchsmittelwerten begründet. Im Vergleich mit Vorgaben zur Einzelversuchspräzision aus der landwirtschaftlichen Pflanzenzüchtung erscheinen diese Werte sehr hoch (vgl. Thomas, 2006; Yan, 2014) und liegen

**Tabelle 4**

Ergebnisse der einzelflächenweisen Auswertung der GWL auf den betrachteten ProLoc Flächen

VFL	n	GWL [ $\text{t}_{atro} \text{ ha}^{-1}$ ]						VKoef [%]	$h^2$	Test-statistik	p-Wert	Paarweise Vergleiche					
		VFL Mittel	MAX	HYB	AF2	ING	TOR					VFL	MAX	HYB	AF2	ING	TOR
25	20	69,14	70,99	76,64	85,08	53,68	59,31	20	0,69	9,89	0,0004	k	bc	cd	d	a	ab
17	20	67,86	68,21	71,86	61,82	68,82	68,59	11	0,00	1,42	0,3195 <sup>1</sup>	k	-	-	-	-	-
19	16	66,13	55,27	-	56,50	76,66	76,09	23	0,39	3,51	0,0493	jk	-	-	-	-	-
37	16	61,22	68,58	-	59,71	56,14	60,44	25	0,00	2,71	0,4380 <sup>2</sup>	jk	-	-	-	-	-
3	20	60,41	62,38	45,46	47,57	60,05	86,61	30	0,65	18,13	0,0010 <sup>1</sup>	jk	b	a	a	ab	c
29	20	60,33	66,75	67,55	54,45	53,25	59,63	29	0,00	0,52	0,7215	jk	-	-	-	-	-
28	20	59,94	66,10	56,90	66,77	55,33	54,62	14	0,30	2,74	0,0680	jk	-	-	-	-	-
1	19	59,53	63,85	72,75	39,69	59,47	61,88	20	0,69	9,30	0,0007	jk	bc	c	a	b	bc
16	16	57,81	49,15	-	51,87	60,22	70,00	24	0,26	5,18	0,1588 <sup>2</sup>	jk	-	-	-	-	-
31	20	56,80	57,12	65,66	35,10	60,64	65,49	23	0,79	16,49	0,0000	jk	b	b	a	b	b
15	20	55,75	48,04	47,80	59,28	60,58	63,06	23	0,09	1,39	0,2835	h jk	-	-	-	-	-
36	16	51,51	45,86	-	53,02	48,14	59,02	22	0,01	1,02	0,4180	ij	-	-	-	-	-
24	20	41,55	39,68	25,99	39,79	51,61	50,67	31	0,49	4,77	0,0111	g i	ab	a	ab	b	b
6	12	40,13	47,40	-	38,56	34,44	-	20	0,46	4,39	0,0467	fg hi	-	-	-	-	-
20	20	37,38	35,28	38,24	27,13	42,96	43,30	25	0,30	2,73	0,0687	e g	-	-	-	-	-
35	20	33,02	37,43	18,49	25,34	43,95	39,87	32	0,85	23,83	0,0000	d g	b	a	a	b	b
13	20	28,40	35,78	33,81	21,57	19,99	30,82	34	0,35	3,20	0,0435	def	-	-	-	-	-
4	20	27,62	39,88	42,95	26,13	18,76	10,38	49	0,87	27,47	0,0000	de	c	c	b	ab	a
18	20	22,92	31,24	18,98	18,64	24,85	20,90	38	0,15	1,72	0,1976	d	-	-	-	-	-
12	20	12,70	14,89	16,16	7,08	12,26	13,14	44	0,17	1,81	0,1792	c	-	-	-	-	-
30	20	9,00	7,86	5,69	18,18	9,13	4,12	83	0,34	3,06	0,0497	bc	-	-	-	-	-
14	20	4,45	5,50	5,90	7,07	2,17	1,61	88	0,16	6,26	0,0174 <sup>1</sup>	ab	b	ab	ab	a	a
8	20	3,69	4,62	6,02	5,20	1,68	0,93	83	0,35	6,35	0,0227 <sup>1</sup>	a	bc	bc	c	ab	a
Klon Mittel		44,43	39,83	39,37	42,38	45,48											

Die Daten sind absteigend nach dem Versuchsflächenmittel (VFL Mittel) sortiert. VFL gibt die ID des Versuches an, n die Anzahl an betrachteten Parzellen je Versuch. VFL Mittel enthält die mittlere GWL über die vier Klone je Versuch. Die mittleren Erträge je Klon sind in den Spalten mit den entsprechenden Abkürzungen enthalten. Die letzte Zeile beinhaltet die mittlere GWL je Klon über alle Standorte. Der Variationskoeffizient (VKoef) wurde für den Gesamtversuch über alle Parzellen berechnet, ebenso wie die Heritabilität. Der Wert der Teststatistik F und der zugehörige p-Wert entstammen der versuchsweisen Einfach-Varianzanalyse mit dem Faktor Klon als unabhängige und GWL als abhängige Variable. In mit <sup>1</sup> gekennzeichneten Zeilen war die Voraussetzung der Homoskedastizität nicht erfüllt, in mit <sup>2</sup> gekennzeichneten Zeilen war die Normalverteilungsannahme nicht erfüllt. Hier wurden entsprechende Anpassungen bei den Tests vorgenommen. Die Werte der Teststatistiken beziehen sich auf den jeweils verwendeten Test (s.o.). Den paarweisen Vergleichen liegen unterschiedliche Modelle und Daten zugrunde: Für die Spalte VFL wurden die quadratwurzeltransformierten Klon-Mittelwerte der GWL je Versuchsfläche verwendet und versuchsübergreifend paarweise Vergleiche alle Standorte untereinander durchgeführt. Die Buchstaben stellen homologe Gruppen der Standorte hinsichtlich GWL dar. Die Spalten mit den Klon-Kürzeln enthalten die Ergebnisse der paarweisen Vergleiche aller Klone untereinander je Standort. Datengrundlage sind die Parzellenwerte je Einzelversuch. Die Buchstaben stellen homologe Gruppen der Klone je Standort hinsichtlich GWL dar. Die Spalte VFL kann daher als Ganzes interpretiert werden, die Spalten mit den Klon-Kürzeln müssen zeilenweise im Bezug auf den Standort interpretiert werden.

durchweg über 10%. Thomas (2006) verweist auf mögliche höhere Variationskoeffizienten im forstgenetischen Versuchswesen, letzteres gilt jedoch vor allem, wenn Einzelpflanzen sowohl die Versuchs- als auch Beobachtungseinheit darstellen. Hier wurden jedoch Parzellenwerte verrechnet.

Die größte Heritabilität wurde an den Standorten Forchheim (4) mit 0,87 und Trenthorst (35) mit 0,85 festgestellt. Der niedrigste bis nicht vorhandene Anteil der genotypischen Varianz an der phänotypischen Varianz liegt in Unterrieden (17), Hayn (29) und Dornburg (37) mit einer Heritabilität von jeweils 0 vor. Damit gehen erwartungsgemäß hohe p-Werte aus der einzelversuchsweisen Varianzanalyse einher. Bei einer niedrigen relativen genotypischen Variabilität liegen die p-Werte meist über dem Signifikanzniveau von  $\alpha = 0,05$ , weshalb die Nullhypothese, dass zwischen den Mittelwerten der Klone in der Grundgesamtheit signifikante Unterschiede bestehen, hier nicht abgelehnt werden kann. An 13 von 23 Standorten wurde dagegen ein p-Wert kleiner 0,05 ermittelt und anschließend der Post-Hoc Test durchgeführt. An vier Standorten (6 Kupferzell, 13 Grünwalde, 19 Werlte und 30 Iden) sind die Unterschiede nur sehr schwach signifikant (0,0435 bis 0,0497), in den paarweisen Vergleichen konnten keine signifikanten Unterschiede zwischen den Prüfgliedern ermittelt werden.

Bei Betrachtung der homologen Gruppen ist zu bemerken, dass es keinen Standort gibt, an dem die paarweisen Vergleiche getrennte homologe Gruppen hinsichtlich der Gattungszugehörigkeit der Prüfglieder ergeben haben. An allen Standorten ist mindestens ein Weidenprüfglied immer einer Gruppe zugehörig, zu der auch Pappelprüfglieder zählen. Der Fall, dass ein Klon in der Ertragsleistung von allen anderen signifikant verschieden und dabei überlegen ist, tritt nur am Moorstandort Aulendorf (3) für ‚Tordis‘ auf. Auf allen anderen Standorten, sind die Weiden nicht signifikant verschieden und gehören immer einer Gruppe an. In Betrachtung der Gruppenzugehörigkeit der Pappeln untereinander stechen Aulendorf (3) und Trenthorst (35) wiederum hervor, da hier ‚Max 1‘ keiner der Gruppen der beiden anderen Pappelklone angehört. In beiden Fällen gibt es jedoch Überschneidungen mit den Weidenprüfgliedern. Auf allen anderen Versuchsflächen sind immer mindestens zwei Pappelklone einer Gruppe zugehörig. Der Klon ‚AF2‘ ist in Emmendingen (1) und Pommritz (31) signifikant verschieden von allen anderen Prüfgliedern und unterlegen. In Forchheim trifft dies auf das Verhältnis von ‚AF2‘ zu den beiden anderen Pappelklonen zu. An den beiden ertragsschwächsten Standorten in Welzow (8 und 14) wurden zwar signifikante Unterschiede zwischen den Prüfgliedern festgestellt, allerdings ist die Überlegenheit der Pappeln hier kritisch zu beurteilen, da diese Überlegenheit auf einem insgesamt niedrigen Ertragsniveau von geringer praktischer Bedeutung ist.

Für die paarweisen Vergleiche der GWL zwischen den Versuchen ist vom Standort Klein-Altendorf (25) bis Gülzow (18) ein „gleitender Übergang“ zu beobachten. Dies bedeutet, dass die ertragsschwächeren Standorte in diesem Bereich immer zu einer Gruppe gehören, in der Standorte sind, die wiederum der nächst höher gelegenen Gruppe mit ertragsstärkeren Standorten angehören. Dadurch ergibt sich ein

Kollektiv bzw. Übergang von der Gruppe mit den wüchsigsten Standorten des Buchstaben k bis hin zur Gruppe mit dem Buchstaben d. Hier besteht jedoch ein „Bruch“ zwischen den Standorten, da zwischen den im Ertragsniveau aufeinander folgenden Standorten Gülzow (18, Gruppe d) und Kummerow (12, Gruppe c) signifikante Unterschiede in der durchschnittlichen Gesamtwuchsleistung bestehen.

Die Standorte mit dem größten Biomassepotenzial gehören der homologen Gruppe k an, die insgesamt elf Flächen umfasst. Erwähnenswert ist noch der Übergang von Potsdam Bornim (16) zu Oberdorla (36), weil ab hier kein Anschluss mehr an die vollständige Spitzengruppe mit dem Buchstaben k besteht.

### 3.3 EGE Biplot

Abbildung 2 enthält den EGE Biplot zur Untersuchung des Anbauoptimums der Klone. Wie zur Methodik der Biplot Analyse beschrieben, wurden hierzu die Gesamt-Klon-Mittelwerte von den Ertragswerten in Tabelle 4 abgezogen. Die Zellenwerte wurden vor der Analyse wurzeltransformiert. Hier dargestellt sind nur Standorte, an denen nach dem Omnibus-Test signifikante Unterschiede zwischen den Genotypen ermittelt wurden.

91% der Gesamt-Quadratsummenabweichung werden durch die erste Hauptkomponente erklärt, durch die zweite nur 5%. Die Information Ratio liegt bei der ersten Hauptkomponente mit 4,55 deutlich über 1 im Gegensatz zu der IR der zweiten Hauptkomponente mit 0,24. Bei der Interpretation des Biplot sollte daher beachtet werden, dass durch Unterschiede der ersten Hauptkomponente (also entlang der Abszisse) deutlich mehr Varianz erklärt wird als durch Unterschiede entlang der Ordinate. Aufgrund des Anteils der durch beide Hauptkomponenten erklärten Varianz an der Gesamtvarianz von in Summe 96% gibt dieser Biplot die Datenstruktur der zugrunde liegenden EGE Matrix gut wieder.

Im Biplot werden insgesamt sieben Sektoren aufgespannt durch die Versuche Klein-Altendorf (25), Werlte (19), Königshovener Höhe (24), Trenthorst (35), Iden (30), Energiewald Welzow (8) und Forchheim (4). Diese Standorte markieren auch die Eckpunkte des umhüllenden Polygons. Die Sektoren ergeben sich durch das Zeichnen einer Linie aus dem Ursprung, die orthogonal zu der verbindenden Linie zwischen zwei Eckpunkten verläuft. In nur zwei dieser so entstehenden Sektoren fallen die Koordinaten aller Klone, die sich nach Gattungen aufteilen. ‚Inger‘ und ‚Tordis‘ fallen in den Sektor des Versuchs in Werlte (19), zu dem der Standort Aulendorf (3) nahe platziert ist. Die Pappel-Prüfglieder fallen alle in den Sektor der durch die Koordinate des Standorts Klein-Altendorf als Eckpunkt gebildet wird. Die mittleren EGE Werte als Verhältnis zum Gesamtmittel des Versuchs nehmen von rechts nach links ab und sind rechts vom Ursprung positiv und links davon negativ. Die Standorte Campus Klein-Altendorf (25) und Werlte (19) liegen daher an der Spitze in ihrer durchschnittlichen Überlegenheit zum Mittel, die beiden Standorte in Welzow (8 und 14) dagegen liegen deutlich unterm Mittel. Die erste Hauptkomponente dürfte daher hier den Standorteinfluss wiedergeben. Die zweite

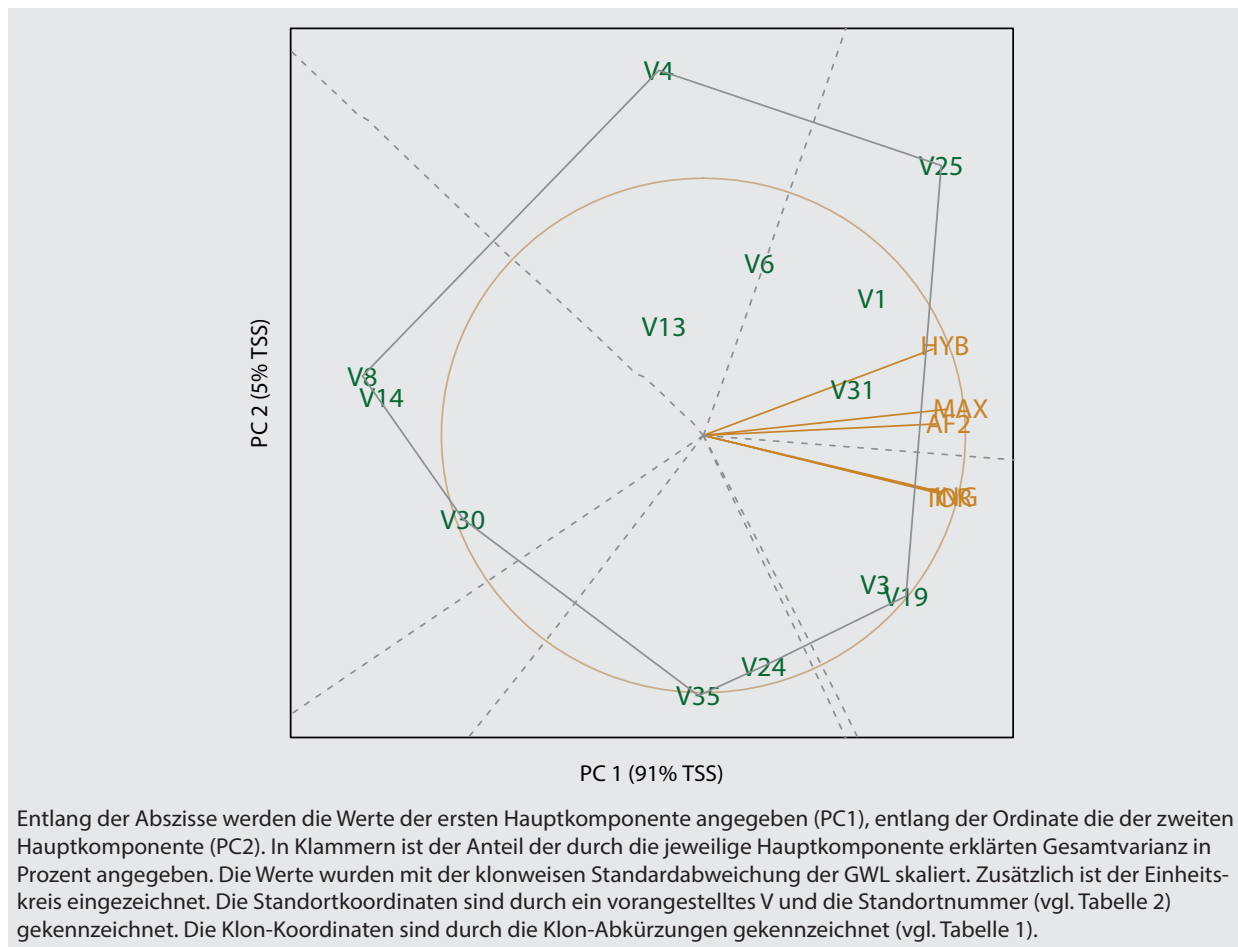


Abbildung 2

EGE Form des Biplot basierend auf der Hauptkomponentenanalyse der um den Genotyp-Effekt bereinigten wurzeltransformierten Ertragsdaten.

Hauptkomponente gibt die Rangverschiebungen aufgrund der Genotyp-Umwelt Interaktion wieder. Am Standort 25 sind z. B. alle Klon-Ertragswerte dem Gesamt-Klon-Mitteln überlegen, die Überlegenheit fällt jedoch für die Pappeln höher aus als für die Weiden. Der Unterschied ist für den Klon „AF2“ am deutlichsten. In Aulendorf (3) und Werlte (19) ist dies im Bezug auf die Gattung genau umgekehrt. Die Rangfolgen der Standorte Emmendingen (1) und Pommritz (31) liegen zwischen denen von Klein-Altendorf und Werlte bzw. Aulendorf. Die Standorte lieferten im Mittel überdurchschnittliche Erträge. Bis auf „AF2“ liegen alle Prüfglied-Werte deutlich über den Gesamt-Klon-Mitteln, mit höheren Werten besonders für „Hybride 275“. Da die Weiden aber auch vergleichsweise gut abschneiden und „AF2“ hier deutlich zurückfällt, sind die Koordinaten der Standorte 1 und 31 zwischen denen der Standorte 25 und 19 platziert.

Standorte, in deren Sektor kein Klon-Vektor fällt, weisen auch kein Optimum in der Ertragsüberlegenheit zum Klon-Mittel für diese Prüfglieder auf. Hinzu kommt, dass Standorte links des Ursprungs in ihrer Gesamtleistung unterdurchschnittlich sind. Auch wenn hier signifikante Unterschiede vorliegen, spielen sich diese auf einem niedrigen Niveau ab.

Insgesamt betrachtet sind die Unterschiede zwischen den Mittelwerten der Versuche entschieden größer ausgeprägt als die Unterschiede durch Genotyp-Umwelt Interaktion zwischen und innerhalb der Versuche. Dies wird gut durch die Anteile der erklärten Streuung der beiden Hauptkomponenten repräsentiert. Der Einfluss der Genotyp-Umwelt Interaktion soll im GGE Biplot näher evaluiert werden.

### 3.4 GGE Biplot

In Abbildung 3 ist der GGE Biplot mit der Darstellungsvariante des „which-won-where-pattern“ enthalten. Die erste Hauptkomponente erklärt 58% der Gesamtvarianz, die zweite Hauptkomponente 31%. Die IR Werte der Hauptkomponenten betragen 2,88 für die erste bzw. 1,57 für die zweite. Basierend auf diesen beiden Werten und mit in Summe erklärten 89% der Gesamtvarianz sind diese beiden Hauptkomponenten daher geeignet, die Struktur der zugrunde liegenden GGE Matrix wiederzugeben.

Die Überlegenheit von „AF2“ zum Versuchsmittel ist am Standort Iden (30) am größten, gefolgt von 14 Welzow-Süd und 25 Campus Klein-Altendorf. Dies wird im Biplot entsprechend wieder gegeben, da die Vektoren der genannten

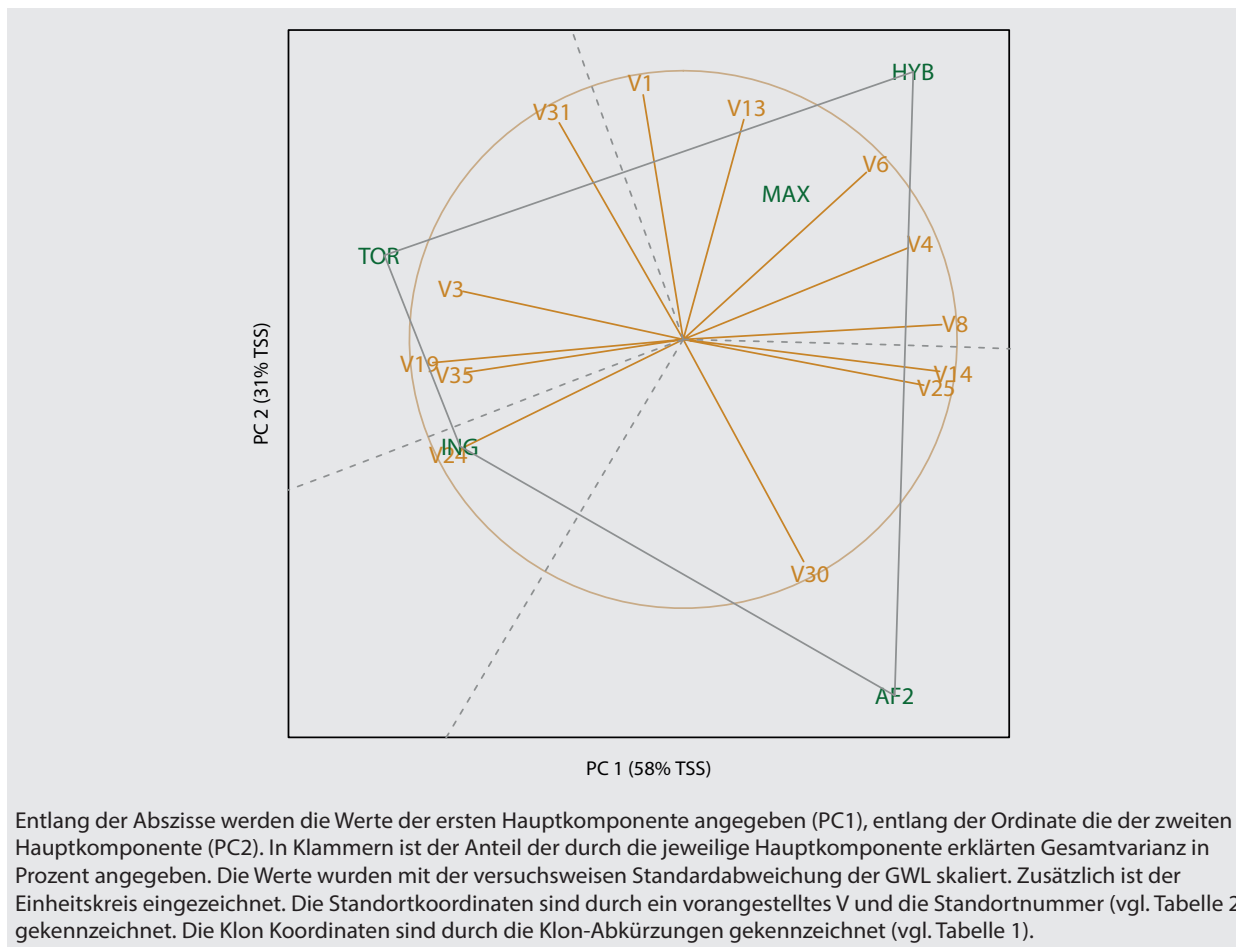


Abbildung 3

GGE Form des Biplot basierend auf der Hauptkomponentenanalyse der um den Umwelt-Effekt bereinigten wurzeltransformierten Ertragsdaten.

Standorte in den Sektor von ‚AF2‘ fallen. Während in Iden die beiden anderen Pappel-Prüfglieder unterdurchschnittlich abschneiden, liegen die Ertragswerte für ‚Max 1‘ und ‚Hybride 275‘ an den Standorten 14 und 25 über dem Durchschnitt. Dies erklärt die größere Nähe zur Sektorengrenze. Zudem sollte berücksichtigt werden, dass basierend auf den paarweisen Vergleichen ‚AF2‘ immer einer Gruppe mit einem anderen Pappel-Prüfglied angehörte.

Die Prüfglieder ‚Max 1‘ und ‚Hybride 275‘ teilen sich einen Sektor, in den insgesamt fünf Standorte fallen, an denen diese Klone dem Versuchsmittel deutlicher überlegen sind als die anderen Klone. Von Interesse sind hier auch die Winkel der Standortvektoren untereinander. Je spitzer der Winkel desto größer ist die positive Korrelation der Rangfolgen der Prüfglieder hinsichtlich der Genotyp-Umwelt Interaktion. Bei zunehmend stumpfen Winkeln zwischen den Vektoren wird die Korrelation negativ und größer. Ein gutes Beispiel hierfür sind die Standorte Emmendingen (1) und Iden (30), da in Emmendingen ‚AF2‘ am deutlichsten unterdurchschnittlich abschneidet und in Iden dagegen deutlich überdurchschnittlich.

Durch die Weidenprüfglieder werden zwei Sektoren gebildet. In dem Sektor für ‚Tordis‘ liegen vier Flächen und im Sektor für ‚Inger‘ nur eine Fläche, nämlich Königshovener

Höhe (24). Hier ist zu beachten, dass der Großteil der Standorte ähnliche Rangfolgen hinsichtlich der Prüfglieder aufweist und dass drei Standorte nahe der Sektorgrenze liegen, also die Differenzierung der Weidenprüfglieder hier geringer ausfällt. Ausgenommen davon sind der Standort Aulendorf (3), an dem nur ‚Tordis‘ überdurchschnittlich abgeschnitten hat, und Pommritz (31), wo ‚Tordis‘ und ‚Hybride 275‘ ähnlich gute Biomasseleistungen aufweisen. Letzteres erklärt die Nähe zum ‚Hybride 275‘ Sektor.

Bei der Betrachtung der Aufteilung der Standortvektoren sind zwei Kollektive erkennbar. Auf der linken Seite die Standorte, an denen die Weiden besser abschneiden, und auf der rechten Seite die Standorte, auf denen die Pappeln positive Interaktionen aufweisen. Pommritz (31) stellt einen Übergang dar, innerhalb der Pappeln und Weiden gibt es Übergänge, die jedoch für die Pappeln zwischen den Prüfgliedern ‚Max 1‘ mit ‚Hybride 275‘ und ‚AF2‘ größer ausfallen. Hier sollte nochmals betont werden, dass in der GGE Darstellung der Standort-Effekt fehlt. Wenn nur die Standorte betrachtet werden sollen, an denen signifikante Unterschiede zwischen den Prüfgliedern vorlagen und die über dem ProLoc Gesamtittel liegen, reduziert sich dies auf die Standorte 1, 3, 19, 25, und 31.

## 4 Diskussion

Das Hauptziel im ProLoc Verbundvorhaben war die Standortleistungsschätzung und die Ermittlung der ertragsbestimmenden standörtlichen Eigenschaften. Vor diesem Hintergrund sind die in der Varianzkomponentenanalyse ermittelten Anteile der Streuungsursachen, die für den Faktor Standort am größten ausfielen, als positiv für das Projektziel zu beurteilen. Die Boden- und Klimabedingungen, die innerhalb dieses Faktors mit der Biomasseleistung korrelieren, wurden im Projekt (Amthauer Gallardo, 2014; Janßen et al., 2017) und anderen Untersuchungen (Murach et al., 2008; Ali, 2009; Aust, 2012; Petzold, 2013) für Standortbedingungen in Deutschland bereits herausgestellt. Überwiegend sind hier Parameter wie Bodenart, Bodengüte (ausgedrückt durch die Boden- und Ackerzahl), Wasserspeicherkapazität und klimatische Variablen wie Temperatur und Niederschlag in unterschiedlicher zeitlicher Auflösung als ertragsbestimmend identifiziert worden. Für die Ertragsentwicklung nach Rückschnitt ergibt sich bei Janßen et al. (2017) und Horn et al. (2013) eine enge Korrelation mit dem Ertrag vor der Ernte. Zum Nährstoffbedarf und der Entwicklung der Nährstoffgehalte unter KUP sei auf Boelcke und Kahle (2008) und Kahle et al. (2007) hingewiesen.

Entscheidend für die Modellierung des Ertrags ist neben der Quantifizierung des Umwelteffekts in den genannten Eigenschaften, jedoch auch, ob eine Standortplastizität also signifikante Interaktion zwischen Genotyp und Umwelt vorliegt und ob diese wiederum einen reproduzierbaren Zusammenhang mit Standorteigenschaften aufweist. Das Ziel dieser Arbeit war es, diese möglichen Rangverschiebungen der Klone näher zu untersuchen und mögliche klonspezifische Anbauoptima zu identifizieren.

Zur Beurteilung der Genotyp-Umwelt Interaktion wurden dazu überwiegend Methoden und Werkzeuge aus dem Bereich der Pflanzenzüchtung angewandt. Es sollte dabei bedacht werden, dass es sich bei ProLoc vom Versuchsziel um kein Züchtungsprogramm handelt. Für eine Versuchsserie, die der Selektion von überlegenen Genotypen dienen soll, wäre die erwähnte durch den Faktor Genotyp verursachte niedrige Varianz fatal. Zudem wurde eine deutlich niedrigere Prüfgliedzahl, als dies z. B. bei den Versuchsserien des FastWOOD Züchtungsprojekts üblich war (Grotehusmann et al., 2017; Fey et al., 2018), ausgebracht. Die Anwendbarkeit der genutzten Methoden erübrigt sich jedoch dadurch nicht, da der Prüfgliedsatz in ProLoc bewusst so ausgewählt wurde, dass sich aufgrund der unterschiedlichen Gattungen und Kreuzungskombinationen eine Differenzierung erwarten ließ. Diese fiel im Vergleich der Faktoren sehr niedrig aus und lag auch für die Interaktionen auf einem niedrigen Niveau. Für die Betrachtung und Analyse der Interaktionen ist der Biplot Ansatz basierend auf der zweiphasigen Versuchsauswertung gut geeignet. Die EGE und GGE Form des Biplots für die Gesamtwuchsleistung erlauben eine Identifizierung der Standorte, die ein überdurchschnittliches Wachstum ermöglichen bzw. die sich hinsichtlich der Rangfolge der Klone ähneln. Ausbaupotenziale der Analyse ergeben sich durch die mögliche Verwendung des einphasigen Analyseansatzes oder durch

zusätzliche Verwendung geeigneter Gewichtungen, für die in Abhängigkeit vom Datensatz unterschiedliche Parameter getestet werden sollten (Möhring und Piepho, 2009).

Als Grenzwert für einen wirtschaftlichen Anbau wird von Petzold et al. (2010) ein durchschnittlicher Gesamtwuchs von 8 bis 10  $t_{atro}$  ha<sup>-1</sup> a<sup>-1</sup> genannt. Dieser Grenzwert sollte vor dem Hintergrund aktueller Hackschnitzelpreise neu evaluiert werden und kann hier als nur absolut unterer Grenzwert gelten. Bei dem Versuchszeitraum in ProLoc von sechs Jahren entspricht diese Grenze einer Gesamtwuchsleistung von 48 bis 60  $t_{atro}$  ha<sup>-1</sup>. Der Mittelwert aller Klone und Versuche liegt bei 42,38  $t_{atro}$  ha<sup>-1</sup>. Die Versuche, die in ihrem Ertragsniveau über dem Mittel liegen, liegen alle im beschriebenen Grenzbereich oder darüber. Die Überlegung, in der Analyse der Genotyp-Umwelt Interaktion den Fokus auf die überdurchschnittlich guten Standorte zu legen, bestätigt sich dadurch. Standorte, die darunter liegen, sind zwar für die Standortleistungsschätzung von Bedeutung, die Verschiebungen in den Rangfolgen der Klone sind jedoch von geringer praktischer Relevanz aufgrund des insgesamt niedrigen Ertragsniveaus.

Wie durch die Einzelversuchsauswertung und die GGE Biplot Analyse bestätigt, finden sich im Bereich überdurchschnittlicher Erträge insgesamt fünf von zwölf Standorten, an denen statistisch signifikante Unterschiede des Faktors Klon hinsichtlich GWL festgestellt werden. Von diesen fünf Versuchen zeigen wiederum vier Tendenzen, die Prüfglieder nach Gattung zu differenzieren. Innerhalb der Gattungen sind die Unterschiede jeweilig gering. Die Standorte Aulendorf (3) und Werlte (19) weisen im Vergleich zu den Standorten Klein-Altendorf und Emmendingen vor allem Unterschiede hinsichtlich der Bodenzahl (Aulendorf: 46, Werlte: 33, Emmendingen: 77, Klein-Altendorf: 72) auf. Zusätzlich sind die Durchschnittstemperaturen der Vegetationsperiode in Emmendingen (16,0°C) und Klein-Altendorf (17,1°C) höher als in Werlte (15,7°C) und Aulendorf (15,5°C), auch wenn diese Unterschiede gering ausfallen. Die Tendenz zur höheren Temperatur bei den anderen Standorten der Pappelgruppe im GGE Biplot zeigt sich auch bei den unterdurchschnittlichen Standorten. So liegen die Mitteltemperaturen an diesen Standorten im Bereich von 16,0°C bis 17,6°C, die der Standorte in den Weidensektoren dagegen bei 15,5°C bis 16,0°C. Dem ist jedoch entgegen zu stellen, dass an mehreren Standorten, die relativ und absolut niedrige Mitteltemperaturen aufweisen, kein statistisch signifikanter Unterschied zwischen den Prüfgliedmitteln bestand. Allen voran ist hier Hayn (29) im Harz mit 14,9°C zu nennen. Hier besteht sogar die Tendenz, dass die Pappeln über dem Versuchsmittel abschneiden. Vor diesem Hintergrund könnten Untersuchungen zur Wärmeverteilung in der Vegetationsperiode und eine Analyse des Austrieb- und Abschlussverhaltens der Klone zur Klärung beitragen. Ähnliche Tendenzen wie für die Temperatur sind für die Bodenzahl zu beobachten, da Standorte existieren, an denen zwar relativ geringe Bodenzahlen vergeben wurden, die jedoch ebenfalls nicht differenzierend hinsichtlich der Prüfgliedmittel zwischen den Gattungen wirken, z. B. Unterrieden (17) wo von den Pappeln einzig ‚AF2‘ unterdurchschnittlich abschneidet, ‚Hybride 275‘ etwas



überdurchschnittlich und die Erträge der restlichen Prüfglieder alle nah am Standortmittel liegen. Hinzu kommt, dass an den Standorten mit überdurchschnittlichen Erträgen und statistisch signifikanten Unterschieden zwischen den Klonen meist doch gattungsübergreifende homologe Gruppen vorliegen. Für die überdurchschnittlichen Standorte lassen sich weitere Versuchsorte finden, die in den dargestellten Standortbedingungen weitgehend vergleichbare Werte, jedoch tendenziell andere Rangfolgen aufweisen. Miteinander zu vergleichen wären z.B. die Standorte Werlte (19) mit Potsdam Bornim (15), sowie Klein-Altendorf (25) mit Lehmkauze (16) und Emmendingen (1). Bei letzterem ist zu berücksichtigen, dass das schlechte Abschneiden von ‚AF2‘ wahrscheinlich durch Pathogenbefall bedingt ist, der die anderen Prüfglieder nicht betroffen hat. Dies bestätigen Beobachtungen aus dem FastWOOD Verbundvorhaben zum Blattrostbefall mit *Melampsora larici-populina*, welche für ‚AF2‘ und den Klon ‚Robusta‘ (ebenfalls *P. deltoides* × *P. nigra*) stets überdurchschnittlich hoch waren (Fey et al., 2018). Hinsichtlich der Ertragsdynamik ist auch auf die Zunahme der Ausfälle bei ‚AF2‘ nach der zweiten Ernte hinzuweisen (vgl. Janßen et al., 2017). Letzteres schlägt sich auch in den Erträgen nieder, die für ‚AF2‘ in der ersten Rotation noch vergleichsweise hoch waren, dann aber nachlassen, während ‚Hybride 275‘ höhere Zuwächse aufweist und teils die Rückstände durch Nachpflanzung aufholt. Vor diesem Hintergrund bleiben die Ergebnisse späterer Umtriebszeiten abzuwarten, die für einige fortgeführte ProLoc Flächen noch erhoben werden oder für die ProLoc Klone als Kontroll-Prüfglieder auf FastWOOD-Flächen (Grotehusmann et al., 2017; Fey et al., 2018) ermittelt werden können. Die Analyse der Genotyp-Umwelt Interaktion sollte daher noch getrennt für die Umtriebszeiten und die Ertragsdynamik durch Rückschnitt erfolgen.

Die hier dargestellten Ergebnisse müssen vor dem Hintergrund der gewählten Umtriebszeit, der damit verbundenen Pflanzzahl und den gewählten Klonen interpretiert werden und lassen Erweiterungen auf andere Bewirtschaftungsvarianten in Kurzumtriebsplantagen nur bedingt zu. Die Analysen sollten daher auf die Versuche der weiteren Arbeitspakete in ProLoc erweitert werden. Die Betrachtungen könnten damit um die Aspekte der verlängerten Umtriebszeit und daran angepassten Pflanzabständen ergänzt werden (vgl. Janßen et al., 2017).

Um generalisierte Aussagen über die Standortplastizität von interspezifischen Hybriden bestimmter Kreuzungskombinationen zu treffen, reicht der verwendete Datensatz nicht aus, da je Kombination nur ein Genotyp getestet wurde. Um solche Beurteilungen zu ermöglichen, sollten die vorgestellten Analysen um den Datensatz des FastWOOD Züchtungsprogramms für Schwarz- und Balsampappeln und Weiden erweitert werden. Hier liegen für verschiedene Kreuzungskombinationen Ertragswerte mehrerer sowohl intersektionaler als auch interspezifischer Hybride vor (Grotehusmann et al., 2017; Fey et al., 2018). Zusätzlich wurden sowohl die Pappel- als auch Weiden-Prüfglieder aus ProLoc getestet, was die Vergleichbarkeit der Ergebnisse vereinfacht. Der Einbezug von Stabilitätsmaßen ähnlich wie bei Sixto et al. (2014) könnte die Aussagen zusätzlich fundieren.

Basierend auf dem sehr geringen Einfluss des Faktors Genotyp und dem geringen Einfluss der Genotyp-Umwelt Interaktion, die keine deutlichen Muster in Abhängigkeit der Standortbedingungen zeigt, kann basierend auf den dargestellten Analysen der Gesamtwuchsleistung keine Empfehlung zu jeweilig verschiedenen Anbauoptima der verwendeten Klone ausgesprochen werden. Dieses Ergebnis wird aktuell in das Modell zur Standortleistungsschätzung implementiert.

## Danksagung

Die Autoren sind dem Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft zu besonderem Dank für die finanzielle Unterstützung verpflichtet. Dem Projektträger Fachagentur nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR) möchten wir für die professionelle Projektabwicklung danken.

Den Kooperationspartnern im Arbeitspaket 1 des ProLoc Verbundvorhaben gilt ebenfalls unser großer Dank für die partnerschaftliche Zusammenarbeit über sieben Jahre Projektlaufzeit und besonders für die Betreuung der Flächen vor Ort: Manuel Karopka (FVA Baden Württemberg); Klaus Mastel, Frieder Seidl (LTZ Augustenberg); Bettina Stoll, Frank Burger (LWF Bayern); Dirk Freese, Ansgar Quinkenstein (BTU Cottbus); Dieter Murach, Rainer Schleppehorst, Holger Hartmann (HNEE Eberswalde); Dirk Knoche (FIB Finsterwalde); Peter Kaulfuß, Ralf Pecenka (ATB Potsdam Bornim); Lothar Behle Schalk (Universität Giessen); Michael Wachendorf, Reinhold Stülpnagel (Universität Kassel); Ludger Tapken (LK Niedersachsen); Marie-Luise Rottmann-Meyer (3N Niedersachsen); Barbara Boelcke, Andreas Gurgel (LFA Mecklenburg Vorpommern); Norbert Hofnagel (Biomassehof Borlinghausen); Ralf Pude, Volker Wenghöfer, Georg Völkerling (Universität Bonn); Henning Kurth (LLFG Sachsen Anhalt); Kerstin Jaekel, Sabine Mau, Pierre Seibold (IfULG Sachsen); Georg von Wühlisch, Stefan Jencsik (Thuenen Institut); Hardy Dembny (Baumschule Oberdorla); Andrea Biertümpfel, Armin Vetter (TLL). Christine Wachendorf und Josefine Möller vom Teilprojekt Bodenkunde danken wir ebenso für die Zusammenarbeit. Allen weiteren Kooperationspartnern im Arbeitspaket 2, allen ehemaligen Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern im Projekt und den zahlreichen Hilfskräften sei an dieser Stelle ebenfalls sehr gedankt.

## Literaturverzeichnis

- Ad-Hoc-Arbeitsgruppe Boden der Staatlichen Geologischen Dienste und der Bundesanstalt für Geowissenschaften und Rohstoffe, Sponagel H (ed) (2005) Bodenkundliche Kartieranleitung : mit 103 Tabellen und 31 Listen. Stuttgart : Schweizerbart, 438 p
- Ali W (2009) Modelling of biomass production potential of poplar in short rotation plantations on agricultural lands of Saxony, Germany. Dresden : Techn Univ, 130 p
- Amthauer Gallardo D (2014) Standortbasierte Ertragsmodellierung von Pappel- und Weidenklonen in Kurzumtriebsplantagen. Dresden : Techn Univ, 201 p
- BLE - Bundesanst Landwirtsch Ernährung (2018) Erhebung zur Versorgungssituation von forstlichem Vermehrungsgut im Bundesgebiet (Erfassungszeitraum 01.07.2016 - 30.06.2017) [online].

- Zu finden in <[https://www.ble.de/SharedDocs/Downloads/DE/Landwirtschaft/Saat-und-Planzgut/Erhebung2016\\_2017.pdf?\\_\\_blob=publicationFile&v=4](https://www.ble.de/SharedDocs/Downloads/DE/Landwirtschaft/Saat-und-Planzgut/Erhebung2016_2017.pdf?__blob=publicationFile&v=4)> [zitiert am 25.10.2018]
- Arbeitskreis Standortskartierung in der Arbeitsgemeinschaft Forsteinrichtung (2016) Forstliche Standortsaufnahme : Begriffe, Definitionen, Einteilungen, Kennzeichnungen, Erläuterungen. Eching bei München : IHW-Verl, 400 p
- Aust C (2012) Abschätzung der nationalen und regionalen Biomassepotentiale von Kurzumtriebsplantagen auf landwirtschaftlichen Flächen in Deutschland. Freiburg i Br : Univ, 145 p
- Bartlett MS (1937) Properties of sufficiency and statistical tests. *Proc R Soc Math Phys Eng Sci* 160:268–282, doi: 10.1098/rspa.1937.0109
- Bärwolff M, Hansen H, Hofmann M, Setzer F (2012) Energieholz aus der Landwirtschaft. Gülzow-Prüzen : FNR, 54 p
- Benjamini Y, Hochberg Y (1995) Controlling the false discovery rate : a practical and powerful approach to multiple testing. *J R Stat Soc B* 57:289–300
- Boelcke B (2006) Schnellwachsende Baumarten auf landwirtschaftlichen Flächen : Leitfaden zur Erzeugung von Energieholz. Schwerin : Minist Ernähr Landwirtsch Forst Fisch Mecklenburg-Vorpommern, 40 p
- Boelcke B, Kahle P (2008) Energieholzproduktion mit Weiden und Pappeln : Ertragsbildung und Grundnährstoffbedarf. *Pflanzenbauwiss* 12:78–85
- Bretz F, Hothorn T, Westfall PH (2011) Multiple comparisons using R. Boca Raton : CRC Press, 187 p
- Caslin B, Finnan J, McCracken A (2012) Willow varietal identification guide [online]. Zu finden in <[https://www.google.com/url?sa=t&rc=j&q=&escr=s&source=web&cd=1&ved=2ahUKEwiYu4GhwKHeAhWBKFAKHUNCeYQFjAAegQICRAC&url=https%3A%2F%2Fwww.teagasc.ie%2Fmedia%2Fweb%2Fpublications%2F2012%2FWillow\\_Identification\\_Guide\\_2012.pdf&usq=AOvVaw1bwXREDIzoJwV8R8jDGP9B](https://www.google.com/url?sa=t&rc=j&q=&escr=s&source=web&cd=1&ved=2ahUKEwiYu4GhwKHeAhWBKFAKHUNCeYQFjAAegQICRAC&url=https%3A%2F%2Fwww.teagasc.ie%2Fmedia%2Fweb%2Fpublications%2F2012%2FWillow_Identification_Guide_2012.pdf&usq=AOvVaw1bwXREDIzoJwV8R8jDGP9B)> [zitiert am 25.10.2018]
- Correia I, Alia R, Yan W, David T, Aguiar A, Almeida MH (2010) Genotype × environment interactions in *Pinus pinaster* at age 10 in a multi-environment trial in Portugal : a maximum likelihood approach. *Ann For Sci* 67:612–612, doi: 10.1051/forest/2010025
- Dickmann DJ, Kuzovkina J (2014) Poplars and willows of the world, with emphasis on silviculturally important species. In: Isebrands JG, Richardson J (eds) *Poplars and willows : trees for society and the environment*. Wallingford : CAB, pp 8–91
- DIN – Deutsches Institut für Normung e.V. (2010) DIN EN 14774-1 – Feste Biobrennstoffe – Bestimmung des Wassergehaltes – Ofentrocknung – Teil 1: Gesamtgehalt an Wasser – Referenzverfahren. Berlin : Beuth
- Fey C, Stiehm C, Hofmann M, Moos M, Grothausmann H, Steiner W, Janßen A (2018) Züchtung und Evaluierung von Schwarz- und Balsampappelklonen hinsichtlich Ertrag und Blattrosttoleranz in vier FastWOOD Versuchsserien [online]. Zu finden in <<https://doi.org/10.3220/LBF1534945636000>> [zitiert am 26.10.2018]
- Filat M, Chira D, Nică MS, Dogaru M (2010) First year development of poplar clones in biomass short rotation coppiced experimental cultures. *Ann For Res* 53(2):151-160
- FISBo BGR (2014) Web Map Service (WMS) zur Karte der Bodengroßlandschaften von Deutschland [online]. Zu finden in <<https://services.bgr.de/wms/boden/bgI5000/?service=WMS&version=1.3.0&request=getCapabilities>> [zitiert am 26.10.2018]
- Gabriel KR (1971) The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika* 58:453–467
- Gezan SA, de Carvalho MP, Sherrill J (2017) Statistical methods to explore genotype-by-environment interaction for loblolly pine clonal trials. *Tree Genet Genomes* 13(1), doi: 10.1007/s11295-016-1081-0
- Grothausmann H, Stiehm C, Janßen A, Hartmann KU, List J, Karopka M, Moos M, Schildbach M, Schirmer R (2017) Pappelsortenprüfungen im Projekt FastWOOD : Ergebnisse nach 2. Rotation. *Forstarchiv* 88(2):47–54, doi: 10.4432/0300-4112-88-47
- Hofmann M (1999) Bereitstellung von genetisch hochwertigem Vermehrungsgut für Kurzumtriebsbestände. In: Hofmann M (1999) Modellvorhaben "Schnellwachsende Baumarten" : zusammenfassender Abschlussbericht. Münster : Landwirtschaftsverl, pp 151–239, Schr Nachwachs Rohstoffe 13
- Hofmann M (2005) Pappeln als nachwachsender Rohstoff auf Ackerstandorten : Kulturverfahren, Ökologie und Wachstum unter dem Aspekt der Sortenwahl. Hann Münden : Forschungsinst schnellwachs Baumarten, 143 p, Schr Forschungsinst schnellwachs Baumarten 8
- Hollander M, Wolfe DA, Chicken E (2014) *Nonparametric statistical methods*. Hoboken : Wiley, 819 p
- Horn H, Skibbe K, Röhle H (2013) Wuchsleistung von KUP aus Pappel in Folge-rotationen. *AFZ Wald* 68(7):53–55
- Janßen A, Fehrenz S, Fey-Wagner C, Hüller W (2012) Züchtung von Schwarz- und Balsampappeln für den Kurzumtrieb. In: Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (ed) *Züchtung und Ertragsleistung schnellwachsender Baumarten im Kurzumtrieb : Erkenntnisse aus drei Jahren FastWOOD, ProLoc und Weidenzüchtung*. Göttingen : Univ Verl, pp 33–54, Beitr Nordwestdtch Forstl Versuchsanst 8
- Janßen A, Fey-Wagner C, Hofmann M (2010) Verbundvorhaben FASTWOOD : Züchtung schnellwachsender Baumarten ; Teil Pappeln [online]. Zu finden in <<https://docplayer.org/52963434-Verbundvorhaben-fastwood-zuechtung-schnellwachsender-baumarten-teil-pappeln.html>> [zitiert am 30.10.2018]
- Janßen A, Stiehm C, Hofmann M, Schmidt C (2017) Erfassung von Klon-Standort-Wechselwirkungen bei Pappel und Weide auf landwirtschaftlichen Standorten in kurzen Umtriebszeiten – ProLoc (Ertrags – Programm – Locus) – Projektphase II : Schlussbericht zum Vorhaben. Hann Münden : Nordwestdtch Forstl Versuchsanst, 97 p
- Kahle P, Hildebrand E, Baum C, Boelcke B (2007) Long-term effects of short rotation forestry with willows and poplar on soil properties. *Arch Agron Soil Sci* 53:673–682, doi: 10.1080/03650340701648484
- Kruijer W, White I (2016) Heritability : marker-based estimation of heritability using individual plant or plot data : 1.2 [online]. Zu finden in <<https://cran.r-project.org/package=heritability/index/html>> [zitiert am 30.10.2018]
- Lazdina D, Bardulis A, Bardule A, Lazdins A, Zeps M, Jansons A (2014) The first three-year development of ALASIA poplar clones AF2, AF6, AF7, AF8 in biomass short rotation coppice experimental cultures in Latvia. *Agron Res* 12(2):543–552
- Lindegaard KN, Carter MM, McCracken A, Shield IF, MacAlpine W, Hinton Jones M, Valentine J, Larsson S (2011) Comparative trials of elite Swedish and UK biomass willow varieties 2001–2010. In: Booth E (ed) *Biomass and energy crops IV*. Wellesbourne : AAB, pp 57–66
- Lynch M, Walsh B (1998) *Genetics and analysis of quantitative traits*. Sunderland : Sinauer, 980 p
- Malik WA, Piepho H-P (2018) Biplots : do not stretch them! *Crop Sci* 58(3):1061-1069, doi: 10.2135/cropsci2017.12.0747
- Milliken GA, Johnson DE (2009) *Analysis of messy data*. Boca Raton : CRC Pr, 690 p
- Möhring J, Piepho H-P (2009) Comparison of weighting in two-stage analysis of plant breeding trials. *Crop Sci* 49:1977–1988, doi: 10.2135/cropsci2009.02.0083
- Murach D, Murn Y, Hartmann H (2008) Ertragsermittlung und Potenziale von Agrarholz. *Forst Holz* 63:18-23
- Petzold R (2013) Standortökologische Aspekte und Anbaupotenziale von Kurzumtriebsplantagen in Sachsen. Dresden : Techn Univ, 120 p
- Petzold R, Feger K-H, Röhle H (2010) Standortliche Voraussetzungen für Kurzumtriebsplantagen. In: Bemann A, Knust C (eds) *AGROWOOD : Kurzumtriebsplantagen in Deutschland und europäische Perspektiven*. Berlin : Weißensee-Verl, pp 44–53
- Piepho H-P, Möhring J, Schulz-Streeck T, Ogutu JO (2012) A stage-wise approach for the analysis of multi-environment trials : stage-wise analysis of trials. *Biom J* 54:844–860, doi: 10.1002/bimj.201100219
- R Core Team (2018) R : a language and environment for statistical computing 3.4.4 [Software] [online] Zu finden in <<https://cran.r-project.org/>> [zitiert am 02.11.2018]
- Rau HM, Schulzke R, Albrecht J (1988) Steigerung und Sicherung der Holzproduktion durch Auswahl, Prüfung und züchterische Verbesserung geeigneten Ausgangsmaterials bei schnellwachsenden Baumarten. *Schr Forschungsinst schnellwachs Baumarten* 5:114-148
- Röhle H (2009) Arbeitskreis Biomasse : Verfahrensempfehlungen zur Methodik der Biomasseermittlung in Kurzumtriebsbeständen. In: Nagel J (ed) *Jahrestagung 25.-27. Mai 2009, Ascona (Schweiz) : Beiträge zur Jahrestagung*. Göttingen : Dt Verband forstl Versuchsanst, pp 220–226

- Royston JP (1982) Algorithm AS 181 : the W test for normality. *Appl Stat* 31:176, doi: 10.2307/2347986
- Schuetzenmeister A, Dufey F (2017) VCA : Variance component analysis 1.3.3 [Software] [online]. Zu finden in <<https://CRAN.R-project.org/package=VCA>> [zitiert am 02.11.2018]
- Schulla J (2017) Model description WaSiM (Water balance Simulation Model) [online]. Zu finden in <[http://www.wasim.ch/downloads/doku/wasim/wasim\\_2017\\_en.pdf](http://www.wasim.ch/downloads/doku/wasim/wasim_2017_en.pdf)> [zitiert am 01.11.2018]
- Shapiro SS, Wilk MB (1965) An analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometrika* 52:591, doi: 10.2307/2333709
- Sixto H, Gil P, Ciria P, Camps F, Sanchez M, Canellas I, Voltas J (2014) Performance of hybrid poplar clones in short rotation coppice in Mediterranean environments : analysis of genotypic stability. *GCB Bioenergy* 6:661–671, doi: 10.1111/gcbb.12079
- Sixto H, Salvia J, Barrio M, Ciria MP, Canella I (2011) Genetic variation and genotype-environment interactions in short rotation *Populus* plantations in southern Europe. *New Forests* 42(2):163–177, doi: 10.1007/s11056-010-9244-6
- Smith A, Cullis B, Thompson R (2001) Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. *Biometrics* 57:1138–1147, doi: 10.2307/3068246
- Thomas E (2006) *Feldversuchswesen : 196 Tabellen*. Stuttgart : Ulmer, 387 p
- Wachendorf C, Möller J (2016) *Schlussbericht zum Vorhaben C- und N-Dynamik in Böden etablierter Kurzumtriebsplantagen – Verbundprojekt : Erfassung von Klon-Standort-Wechselwirkungen bei Pappel und Weide auf landwirtschaftlichen Standorten in kurzen Umtriebszeiten (ProLoc)*. Kassel: Universität Kassel, 97 p
- Welch BL (1951) On the comparison of several mean values : an alternative approach. *Biometrika* 38:330–336
- Wessolek G, Kaupenjohann M, Renger M, Facklam M (2009) *Bodenphysikalische Kennwerte und Berechnungsverfahren für die Praxis*. Berlin : Techn Univ, 80 p, *Bodenökologie und Bodengenese* 40
- Wright K, Laffont J-L (2018) gge: genotype plus genotype-by-environment biplots 1.4 [Software] [online]. Zu finden in <<https://CRAN.R-project.org/package=gge>> [zitiert am 02.11.2018]
- Yan W (2014) *Crop variety trials : data management and analysis*. Hoboken : Wiley, 360 p
- Yan W, Kang MS (2003) *GGE biplot analysis : a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. Boca Raton : CRC Pr, 271 p
- Yan W, Tinker NA (2006) Biplot analysis of multi-environment trial data : principles and applications. *Can J Plant Sci* 86:623–645, doi: 10.4141/P05-169
- Zeileis A (2006) Object-oriented computation of sandwich estimators. *J Stat Softw* 16:1–16