



**Universität für Bodenkultur Wien**  
University of Natural Resources  
and Life Sciences, Vienna

# Masterarbeit

## Vergleich von Hybrid- und Populationsroggen unter konventionellem und biologischem Anbau

verfasst von

**Brigitte GRUBER, BSc**

im Rahmen des Masterstudiums

**Nutzpflanzenwissenschaften**

zur Erlangung des akademischen Grades

**Diplom-Ingenieurin**

Wien, Dezember 2021

Betreut von:

Ao.Univ.Prof. Dipl.-Ing. Dr.nat.techn. Heinrich Grausgruber  
Institut für Pflanzenzüchtung  
Department für Nutzpflanzenwissenschaften

## **EIDESSTATTLICHE ERKLÄRUNG**

Ich erkläre eidesstattlich, dass ich die vorliegende Masterarbeit selbstständig angefertigt, keine anderen als die angegebenen Hilfsmittel benutzt und alle aus ungedruckten Quellen, gedruckter Literatur oder aus dem Internet im Wortlaut oder im wesentlichen Inhalt übernommenen Formulierungen und Konzepte gemäß den Richtlinien wissenschaftlicher Arbeiten zitiert bzw. mit genauer Quellenangabe kenntlich gemacht habe.

Ort, Datum

Brigitte Gruber (eigenhändig)

## VORWORT

Diese Masterarbeit wurde im Rahmen des Projektes RYE-SUS durchgeführt. RYE-SUS ist ein Verbund von elf europäischen und kanadischen Forschungsinstitutionen bzw. Pflanzenzuchtunternehmen und wurde unter der ERA-NET Cofund von SusCrop aus dem Forschungs- und Innovationsprogramm Horizont 2020 der Europäischen Union gefördert (Fördernummer: 771134).



## **DANKSAGUNG**

An dieser Stelle möchte ich mich ganz herzlich bei Herrn Prof. Dr. Heinrich Grausgruber für die gute wissenschaftliche Betreuung, die Hilfe bei der statistischen Auswertung und der Erstellung von Graphiken während meiner Masterarbeit bedanken. Vielen Dank auch für die Möglichkeit an diesem interessanten, internationalen Projekt mitzuarbeiten.

Ein herzliches Dankeschön gilt Frau DI Elisabeth Zechner und DI Franz Wieser sowie das ganze Team in der Saatzucht Edelhof für die Hilfe und Bereitstellung des Labors zur Durchführung sämtlicher Qualitätsanalysen.

Weiters danke ich Frau Prof. Dr. Regine Schönlechner, Frau Rubina Rumler MSc. und Frau Mary Violet Berger am Institut für Lebensmittelwissenschaften und Lebensmitteltechnologie für die Unterstützung und Bereitstellung des Labors, um den zweiten Teil meiner Analysen durchführen zu können.

Vielen Dank auch an Dr. Bernd Hackauf vom Julius Kühn-Institut in Groß Lüsewitz und Dr. Franz Joachim Fromme von der Hybro Saatzucht für die Bereitstellung der Daten der ausländischen Versuchsstandorte zu agronomischen und qualitativen Merkmalen. Vielen Dank auch für die fachlichen Anregungen und die Teilnahme am Projekt-Meeting.

Ich möchte mich auch von ganzem Herzen bei meiner Familie, meinen Freunden und Studienkollegen bedanken, die mich während meines Studiums und der Anfertigung dieser Masterarbeit immer unterstützt und motiviert haben.

**INHALTSVERZEICHNIS**

EIDESSTATTLICHE ERKLÄRUNG .....	i
VORWORT .....	ii
DANKSAGUNG .....	iii
INHALTSVERZEICHNIS .....	iv
KURZFASSUNG.....	vii
ABSTRACT.....	viii
ABKÜRZUNGEN UND EINHEITEN .....	ix
<b>1 EINLEITUNG UND FRAGESTELLUNG.....</b>	<b>1</b>
<b>2 LITERATURÜBERSICHT .....</b>	<b>3</b>
2.1 Roggen ( <i>Secale cereale</i> L.) .....	3
2.1.1 Bedeutung und Verbreitung.....	3
2.1.2 Geschichte, Evolution.....	5
2.1.3 Blühbiologie.....	7
<i>Mutterkorn</i> .....	8
2.2 Roggenzüchtung .....	9
<i>Zuchtziele</i> .....	9
2.2.1 Populationszüchtung – Restsaatgutmethode.....	10
2.2.2 Hybridzüchtung.....	11
2.2.3 Kurzstrohgene.....	14
2.3 Qualitätseigenschaften.....	16
2.3.1 Stärke .....	16
2.3.2 Arabinoxylane.....	16
2.3.3 Protein.....	17
2.4 Qualitätsanalysen.....	17
2.4.1 Nah-Infrarot-Spektroskopie (NIRS) .....	18
2.4.2 Fallzahl nach Hagberg .....	18
2.4.3 Rotationsviskosimeter.....	19
2.5 Genotyp-Umwelt-Interaktion (GEI).....	22
2.5.1 Adaptation und Ertragsstabilität.....	23
2.5.2 Stabilitätskonzepte .....	24
2.5.3 Stabilitätsparameter .....	25
<i>Varianzanalyse und Ökovalenz</i> .....	25
<i>Regressionsanalyse</i> .....	25
<i>Site highest yield (SHY)</i> .....	27

	<i>Superiority Index</i> .....	27
	<i>Multivariate Analysen</i> .....	28
<b>3</b>	<b>MATERIAL UND METHODEN</b> .....	<b>30</b>
3.1	Pflanzenmaterial .....	30
3.2	Standorte .....	32
3.2.1	Boden .....	33
3.2.2	Klima .....	34
3.3	Kulturführung .....	37
	<i>Aussaat</i> .....	37
	<i>Düngung</i> .....	37
	<i>Pflegemaßnahmen</i> .....	37
	<i>Ernte</i> .....	37
3.4	Hauptmerkmale .....	38
3.5	Qualitätsanalysen .....	38
3.5.1	Protein, Stärke .....	38
3.5.2	Wasserlösliche Arabinoxylane (WAX) .....	39
3.5.3	Hektolitergewicht, Tausendkornmasse .....	39
3.5.4	Fallzahl .....	40
3.5.5	Stärkeverkleisterung .....	41
3.6	Statistik .....	42
<b>4</b>	<b>ERGEBNISSE UND DISKUSSION</b> .....	<b>43</b>
4.1	Varianzanalyse .....	43
4.2	Beschreibende Statistik .....	44
	<i>Kornertrag</i> .....	44
	<i>Wuchshöhe</i> .....	47
	<i>Hektolitergewicht, Tausendkornmasse</i> .....	48
	<i>Protein, Stärke</i> .....	50
	<i>Wasserlösliche Arabinoxylane (WAX)</i> .....	52
4.3	Korrelationsanalyse und Zuchtfortschritt .....	53
	<i>Agronomische &amp; qualitative Merkmale</i> .....	53
	<i>Fallzahl</i> .....	57
	<i>Stärkeverkleisterung</i> .....	59
4.4	Univariate Stabilitätsanalysen .....	60
4.5	Multivariate Stabilitätsstatistik .....	62

---

5	ZUSAMMENFASSUNG UND SCHLUSSFOLGERUNG .....	66
6	LITERATURVERZEICHNIS.....	68
7	TABELLENVERZEICHNIS .....	76
8	ABBILDUNGSVERZEICHNIS .....	77
9	ANHANG .....	80

**KURZFASSUNG**

Die aktuellen Roggensorten sind im Vergleich zu Weizen durch einen wesentlich niedrigeren Kornertrag gekennzeichnet. Dabei spielt die Wuchshöhe für die genetische Verbesserung der Roggensorten eine zentrale Rolle. Roggen ist besonders anfällig für Lager und Auswuchs, was in weiterer Folge zu einer minderwertigen Backqualität der Roggenbrote führen kann. Um die Standfestigkeit und das Ertragspotenzial von Roggensorten zu verbessern, wird im Rahmen des Projektes RYE-SUS die Nutzung des dominant vererbten Kurzstrohgens *Ddw1* geprüft. Dafür wurde an 12 in- und ausländischen Standorten ein Vorversuch mit 15 Populationssorten, 4 Hybridsorten, 3 alten Landsorten und 2 aktuellen Zuchtstämmen angelegt und unter den 3 Managementsystemen biologisch, „Low-input“ und „High-input“ bewirtschaftet. Die Qualitätsparameter wurden mittels NIRS, Fallzahl und Rotationsviskosimeter erhoben. Die statistische Auswertung der Ertragsstabilität wurde gemäß den Stabilitätsparametern *Superiority Index*, Umweltvarianz, Ökovalenz und Regression, sowie den Modellen AMMI und GGE durchgeführt. Die Ergebnisse zeigten einen signifikanten Einfluss der unterschiedlichen Sortentypen auf agronomische und qualitative Merkmale. Die modernen Hybridsorten übertrafen in vielen Merkmalen die Populationssorten und beide Sortentypen unterschieden sich aufgrund des Züchtungsfortschrittes signifikant von den alten Landsorten. Die Hybridsorten erzielten die höchsten Erträge trotz einer hohen Genotyp-Umwelt-Interaktion und zeigen eine Anpassung an ertragreiche Standorte. Die Populationssorten erzielten niedrigere und stabilere Erträge im Vergleich zu den Hybridsorten und sind an die Mehrheit der Standorte angepasst. Die Korrelation zwischen Fallzahl und Viskosität war signifikant. Es konnten einige Genotypen mit niedrigen Fallzahlen und Viskositäten identifiziert werden, welche für Fütterungszwecke bevorzugt werden. Das Management zeigte statistisch keinen signifikanten Einfluss auf agronomische und qualitative Merkmale.

**ABSTRACT**

Current rye varieties are characterized by a significantly lower grain yield compared to wheat. In this context, plant height plays a major role for the genetic improvement of rye varieties. Rye is particularly susceptible to lodging and sprouting, which can subsequently lead to inferior baking quality of rye breads. To improve lodging resistance and to increase the yield potential of rye varieties, the dominant dwarfing gene *Ddw1* for breeding of hybrid and population varieties is being tested in the RYE-SUS project. For this purpose, a multi-environmental trial was set up at 12 domestic and foreign locations with 15 population varieties, 4 hybrid varieties, 3 old landraces and 2 current breeding lines and managed under the 3 management systems organic, "low-input" and "high-input". The quality parameters were determined by NIRS, falling number and rapid visco analyser and the statistical evaluation of yield stability was carried out according to the stability parameters, superiority index, environmental variance, ecovalence and regression, as well as the models AMMI and GGE. The results showed a significant influence of the different breeding types on agronomic and qualitative traits. The modern hybrid varieties were superior to the population varieties in many traits and both breeding types differed significantly from the old landraces due to breeding progress. The hybrid varieties achieved the highest yields despite a high genotype-environment interaction and show specific adaptation to high-yielding sites. The population varieties achieved lower and more stable yields compared to the hybrid varieties and show a broad adaptation. The correlation between falling number and viscosity was significant. Some genotypes with low falling numbers and viscosities could be identified, which are preferred for feeding purposes. The different management systems showed statistically no significant influence on agronomic and qualitative traits.

**ABKÜRZUNGEN UND EINHEITEN**

AMMI	Additive Main Effects and Multiplicative Interaction
AX	Arabinoxylane
cm	Zentimeter
CMS	Cytoplasmatische männliche Sterilität
cP	Centipoise
dt	Dezitonne
ENV	Umwelt
FIN VISK	Finale Viskosität
g	Gramm
GEI	Genotyp-Umwelt-Interaktion
GEN	Genotyp
GEN×ENV	Genotyp-Umwelt-Interaktion
GEN×MAN	Genotyp-Management-Interaktion
GGE	Genotype Main Effects and Genotype × Environment Interaction
ha	Hektar
HLG	Hektolitergewicht (kg hL <sup>-1</sup> )
HYB	Hybridsorte
ICC	International Association for Cereal Science and Technology, Wien
kg	Kilogramm
KOER	Kornertrag (dt ha <sup>-1</sup> )
L	Liter
LA	Lager
LS	Landsorte
LSD	Lysergsäurediethylamid
m	Meter
MAN	Management
min	Minute
mm	Millimeter
mPa.s	Millipascalsekunde
NIR	Nah-Infrarot
NIRS	Nah-Infrarot-Spektroskopie
nm	Nanometer
P	Poise
Pa.s	Pascalsekunde

PEAK VISK	Maximale Viskosität (cP)
POP	Populationsorte
PROT	Proteingehalt (%)
REP (ENV)	Wiederholung innerhalb der Umwelt
Rf	Restorer to fertility Gene
RVA	Rapid Visco Analyser
s	Sekunde
SHY	Site highest yield
SREG	Sites Regression
STAR	Stärkegehalt (%)
TKM	Tausendkornmasse (g)
TYP	Sortentyp
WAX	Wasserlösliche Arabinoxylane (%)
WHOE	Wuchshöhe (cm)
WUAX	Wasserunlösliche Arabinoxylane
ZS	Zuchtstamm

## 1 EINLEITUNG UND FRAGESTELLUNG

Roggen zeichnet sich im Gegensatz zu anderen Getreidearten durch seine ausgesprochen gute Winterhärte sowie Trockenstresstoleranz aus und wird daher vorwiegend auf nährstoffarmen und sandigen Böden mit geringerer Wasserspeicherkapazität in Mittel- und Osteuropa angebaut (Geiger & Miedaner, 2009; Laidig et al., 2017). Bis 1960 war Roggen die dominierende Getreideart in Deutschland (Laidig et al., 2017). Große Züchtungsfortschritte bei selbstbefruchtenden Kulturen wie Weizen und Gerste führten zu einem Rückgang der Roggenanbauflächen in Regionen, wo Stresstoleranz eine untergeordnete Rolle spielt (Geiger & Miedaner, 2009). Durch die Zulassung der ersten drei Hybridsorten 1984 in Deutschland konnte ein höheres Ertragspotenzial im Vergleich zu herkömmlichen Populationssorten erzielt werden (Laidig et al., 2017).

Die größten Herausforderungen bei Roggen sind Lager, Auswuchs und ein geringerer Ertrag im Vergleich zu Weizen. Die Zuchtziele bei Roggen konzentrieren sich daher auf die Erhöhung des Kornertrages, die Verbesserung der Standfestigkeit und Trockenstresstoleranz sowie die Auswahl von auswuchstoleranten Sorten. Die Wuchshöhe hat einen bedeutenden Einfluss auf die Standfestigkeit und den Kornertrag in der Roggenzüchtung (Hackauf et al., 2020). Da jedoch der Halm das Hauptassimilationsorgan des Roggens ist, erreichen kurzstrohige Roggensorten keine hohen Kornerträge (Geiger & Miedaner, 2009).

Roggen unterscheidet sich hinsichtlich der chemischen Inhaltsstoffe von Weizen und enthält weniger Stärke und Protein, jedoch mehr freie Zucker und Ballaststoffe. Die Backqualität der Roggenteige wird vor allem durch die Stärkeeigenschaften, die  $\alpha$ -Amylase-Aktivität und den Arabinoxylangehalt bestimmt. Dabei spielen die wasserlöslichen Arabinoxylane durch ihre viskosen Eigenschaften für die Backqualität der Roggenbrote eine große Rolle und verzögern den Stärkeabbau. Zudem wirkt sich der Verzehr von Roggenvollkornprodukten, bedingt durch den hohen Ballaststoffanteil, positiv auf die Gesundheit der Menschen aus (Järvan et al., 2018).

Im Rahmen des Projektes RYE-SUS soll durch die Einkreuzung eines dominant vererbten Kurzstrohgenes (*Ddw1*) die Standfestigkeit und das Ertragspotenzial von Hybrid- und Populationsroggensorten verbessert werden (Hackauf et al., 2020). Die Nutzung von Kurzstrohgenen zählt zu den erfolgreichsten Züchtungsstrategien, um die Standfestigkeit von Getreide zu verbessern (Braun et al., 2019). *Ddw1* zählt zu den Gibberellin-empfindlichen Kurzstrohgenen und wurde bereits in der Züchtung von Populationssorten erfolgreich eingesetzt, jedoch wurde das Potenzial von *Ddw1* in der Hybridzüchtung noch nicht völlig ausgeschöpft (Braun et al., 2019). Daher wird im Rahmen von RYE-SUS das *Ddw1* Gen erstmals in den Saatelter-Pool von Hybridroggen eingeschleust, um standfeste Halbzwerge zu entwickeln. Es wird angenommen, dass die genetisch reduzierten Gibberellinhalte der Halbzwerge die Standfestigkeit verbessern und sich positiv auf die Ertragsquantität sowie Qualität der Roggenproduktion auswirken (Hackauf et al., 2020).

Dabei wurde im ersten Versuchsjahr von RYE-SUS ein mehrortiger Roggensortenversuch mit modernen Hybrid- und Populationssorten, alten Landsorten und aktuellen Zuchtstämmen unter den drei Managementsystemen biologisch, „Low-input“ und „High-input“ angelegt. Die verwendeten Genotypen enthalten noch kein Kurzstrohgen, würden aber als potenzielle Ausgangselter in Frage kommen, da sie wichtige Sorten in den unterschiedlichen Projektpartnerländern darstellen. Im Rahmen dieser Masterarbeit wurde dieses Sortiment auf ihre agronomischen und qualitativen Merkmale näher untersucht.

Folgende Fragen sollen, in Hinsicht auf die verschiedenen Sortentypen, durch die vorliegende Arbeit beantwortet werden:

- Gibt es signifikante Unterschiede zwischen Hybrid- und Populationsroggensorten bezüglich agronomischer und qualitativer Merkmale?
- Kann ein Züchtungsfortschritt bei Hybrid- und Populationsroggensorten im Vergleich zu den alten Landsorten festgestellt werden?
- Haben die unterschiedlichen Managementsysteme einen Einfluss auf agronomische bzw. qualitative Merkmale?

## 2 LITERATURÜBERSICHT

### 2.1 Roggen (*Secale cereale* L.)

Roggen gehört innerhalb der Familie *Poaceae* (Süßgräser) zur Tribus *Triticeae* und zur Gattung *Secale* mit vier Arten (Miedaner, 1997; Plarre, 1985).

Roggen ist diploid und besitzt  $2n = 14$  Chromosomen. Durch den Mechanismus der gametophytischen Selbstinkompatibilität ist Roggen als einziges kleinkörniges Getreide ein Fremdbefruchter (Geiger & Miedaner, 2009).

#### 2.1.1 Bedeutung und Verbreitung

Roggen wird hauptsächlich als Körnerfrucht für die Verwendung von Brotgetreide angebaut. Weitere Verwendungsmöglichkeiten sind die Nutzung als Grünfütterpflanze sowie die Herstellung von Bioethanol und Biogas als erneuerbare Energiequellen. Roggen wird zunehmend auch als Futtermittel verwendet, weil die Körner energiereich sind und mehr verdauliche Proteine und Nährstoffe als Hafer und Gerste enthalten (Geiger & Miedaner, 2009).

Durch den schnellen Zuchtfortschritt bei Weizen in den 1960er Jahren rückten die Ertragssteigerungen bei Roggen als Fremdbefruchter immer mehr in den Hintergrund. Mit der Einführung der Hybridzüchtung seit den 1980er Jahren konnte auch bei Roggen eine deutliche Ertragssteigerung im Vergleich zu herkömmlichen Populationssorten erzielt werden (Miedaner, 2014; Oberforster & Werteker 2011).

Russland, Polen, Deutschland, Belarus und Ukraine gehören zu den Hauptanbauländern von Roggen und produzieren ungefähr 75% der Welternte (FAOSTAT, 2019; Miedaner, 2017). Seit den 1960er Jahren nahmen die Roggenanbauflächen kontinuierlich ab und die Erträge stiegen an. Die Roggenerträge variieren in Europa derzeit (Stand 2019) von rund  $17 \text{ dt ha}^{-1}$  in Russland bis  $50 \text{ dt ha}^{-1}$  in Deutschland (Tabelle 1) (FAOSTAT, 2019). Die höchsten Erträge werden in Deutschland erzielt, was auf das hohe Potenzial von Roggen unter intensiven Anbaubedingungen deutet (Geiger & Miedaner, 2009).

Tabelle 1: Roggenproduktion Welt (Quelle: FAOSTAT – Production, crops; Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rom)

Land	Anbaufläche (1000 ha)			Ertrag (dt ha <sup>-1</sup> )		
	2000	2010	2019	2000	2010	2019
Welt	9831	5021	4213	20,5	23,7	30,4
Europa	8576	4267	3516	21,1	24,1	31,4
Russische Föderation	3439	1367	824	15,8	12,0	17,3
Polen	2130	1060	904	18,8	26,9	26,7
Deutschland	843	627	636	49,3	46,3	50,9
Belarus	723	343	319	18,8	21,4	23,7
Ukraine	638	279	115	15,2	16,7	29,0
China	636	180	132	15,3	31,7	38,6
Türkei	147	141	112	17,7	25,9	27,7
USA	120	109	125	17,8	17,4	21,5
Kanada	115	97	103	22,7	24,4	32,5
Österreich	52	46	44	34,8	35,3	45,7
Estland	29	13	29	21,0	19,8	41,2

Die Hauptanbauggebiete in Österreich sind das Mühl- und Waldviertel sowie das Nord- und Mittelburgenland (Abbildung 1).

Im Jahr 2019 stieg die Roggenanbaufläche in Österreich für die Verwendung als Brotgetreide im Vergleich zum Vorjahr um 7,3% auf 43.679 ha. Die BIO-Winterroggenfläche betrug im Jahr 2019 15.853 ha, das sind 36,4% der gesamten Roggenanbaufläche. Sommerroggen hat nur eine sehr geringe Bedeutung. Die in Österreich am meisten angebauten Feldfrüchte sind Winterweichweizen, gefolgt vom Körnermais und der Wintergerste. Flächenmäßig steht der Roggenanbau an neunter Stelle. Der Selbstversorgungsgrad bei Roggen in Österreich lag im Wirtschaftsjahr 2018/2019 bei 107% mit einem Pro-Kopf-Verbrauch von 9,3 kg (BMLRT, 2020). In Österreich lagen die Roggenerträge in den letzten zehn Jahren im Mittelbereich, bei 43 dt ha<sup>-1</sup> (FAOSTAT, 2019).

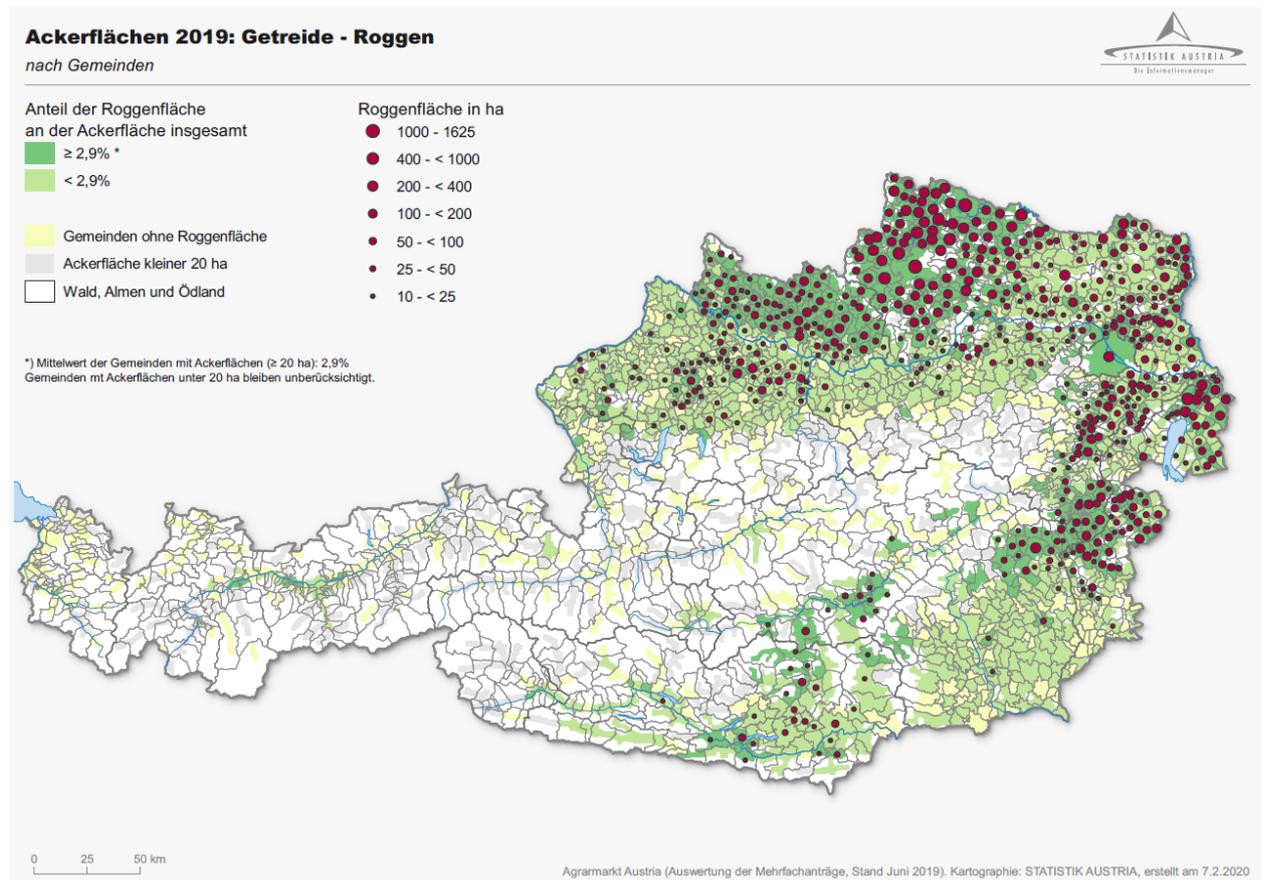


Abbildung 1: Verteilung der Roggenackerflächen in Österreich 2019 (Bildquelle: Statistik Austria, 2020)

### 2.1.2 Geschichte, Evolution

Roggen hat, ebenso wie auch Weizen und Gerste, seinen Ursprung in Vorderasien im Gebiet des sogenannten „Fruchtbaren Halbmonds“ (Abbildung 2). In diesem Gebiet befinden sich die heutigen Staaten Türkei, Libanon, Syrien, Irak, Iran und Afghanistan (Miedaner, 1997). Während 1947 der russische Botaniker Roshevitz 14 Arten beschrieb, werden heute aufgrund neuerer Forschungsergebnisse in der Gattung *Secale* vier Arten unterschieden: *S. montanum* (Bergroggen), *S. cereale* spp. *cereale* (Kulturroggen), *S. vavilovii* und *S. silvestre* (Wildroggen) (Miedaner, 1997). Unter diesen vier Roggenarten gibt es einjährige und ausdauernde Winter- und Sommerformen, sowie selbst- und fremdbefruchtende Arten, Wild- und Kulturformen. Aus den spindelbrüchigen Wildarten entwickelten sich die heute noch bekannten Unkrautformen mit zunehmend festeren Ähren und größeren Körnern, aus denen der heute angebaute Kulturroggen hervorging. Innerhalb der Art *S. cereale* gibt es weitere Unterarten, die aus Kreuzungen zwischen Wildroggenformen und Einkreuzung von Wildroggen in Unkrautroggen entstanden sind. Diese unterscheiden sich nur in wenigen Details voneinander und stellen eine Übergangsform vom Wild- zum Kulturroggen dar, welche auch „Primitivroggen“ genannt werden. Diese Formen kommen noch

heute in ihrem Ursprungsgebiet als Ungras in Weizen und Gerste vor. Wild- und Primitivroggenformen stellen ein Genreservoir für die Verbesserung des Kulturroggens dar (Miedaner, 2014).

Erste Formen von Primitivroggen gehen auf 6600 v. Chr. in Nordsyrien zurück. Roggen kam als Unkraut in Weizen und Gerste vor und wurde als solches immer wieder versehentlich ausgesät. Mit der Ausbreitung des Getreidebaus nach Norden und Nordwesten (Abbildung 2) etablierte sich Roggen mit seiner anspruchslosigkeit und Winterhärte als sekundäre Kulturpflanze. Dazu kam es, als in ungünstigen Jahren mit kalten Wintern oder Frühsommertrockenheit die Weizenernte ausfiel und der Roggen aufgrund seiner höheren Konkurrenzkraft übrigblieb (Miedaner, 1997; Kranz, 1973).

Mit der Einführung des Ackerbaus nach Europa, durch die bandkeramische Kultur, wurde Roggen als Unkrautsamen mit den kultivierten Getreidearten verbreitet. Durch die Slawen, um ca. 1800 v. Chr., wurde Roggen erstmals als Reinkultur im heutigen Ungarn, Polen, Tschechien und der Slowakei angebaut. Die Bedeutung des Roggenanbaus stieg und zu Beginn des Mittelalters entwickelte dieser sich zur Hauptgetreideart (Miedaner, 1997; Kranz, 1973).

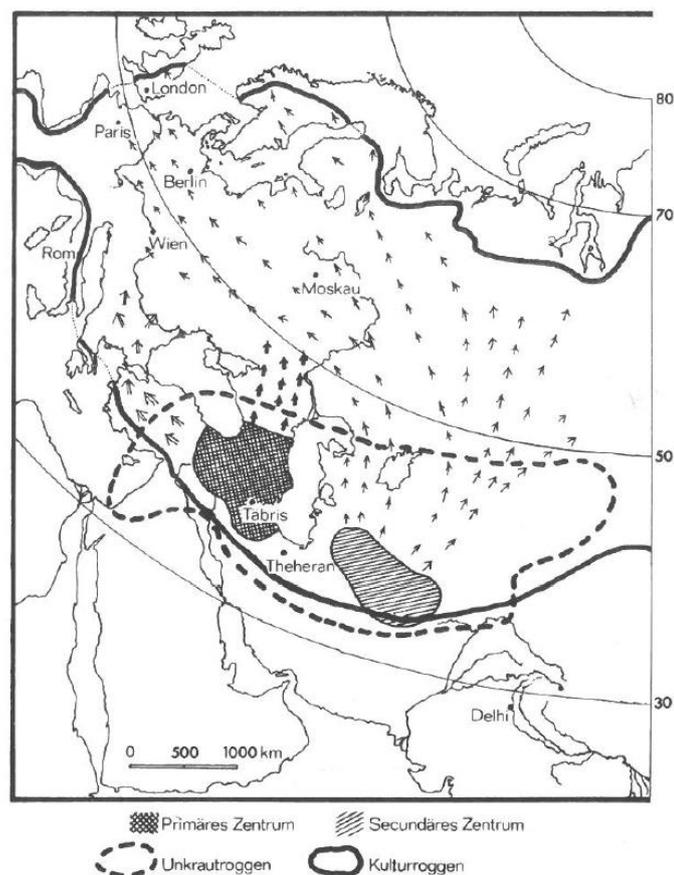


Abbildung 2: Genzentren und Ausbreitung des Roggens  
(Bildquelle: Plarre, 1985)

Da die meisten Gene innerhalb der Art *S. cereale* heterozygot vorliegen, können sich Unkrautformen rasch durch natürliche Selektion an neue Bedingungen anpassen (Miedaner, 2014).

Bis Mitte des 19. Jahrhunderts waren keine Sorten bekannt. Die genetisch vielfältigen Populationen passten sich durch natürliche Auslese in den unterschiedlichsten Regionen an, daraus entstanden die heutigen Landsorten. Diese sind gut an regional maßgebende Klima- und Bodenverhältnisse angepasst, die Kornerträge sind aber im Vergleich zu Zuchtsorten gering. Landsorten sind bedingt durch ihre Langstrohigkeit anfällig für Lager und in weiterer Folge kann es zu frühzeitigen Keimprozessen vor der Ernte (Auswuchs) kommen. Moderne Hybrid- und Populationsorten sind deutlich standfester und weniger auswuchsgefährdet (Miedaner, 2014).

### 2.1.3 Blühbiologie

Der Blütenstand des Roggens ist eine Ähre. Je Ährchen sind zwei Blütchen mit je einer zweifiedrigen Narbe mit anschließendem Fruchtknoten und drei Staubbeuteln vorhanden (Abbildung 3). Der Blühvorgang beginnt nach Anschwellen des Schwellkörpers durch Wasseraufnahme aus dem Fruchtknoten. Die Staubbeutel treten zum Freilassen des Pollens aus den gespreizten Spelzen hervor (Laube & Quadt, 1959). Der Blühverlauf des Roggens wird stark von Temperatur und Luftfeuchtigkeit beeinflusst. Der Blühbeginn kann durch einen mechanischen Reiz gefördert werden. Eine verzögerte Blüte bei kühlem und regnerischem Wetter führt zu einer ungleichmäßigen Ausbildung der Körner (Römer, 1941). Bei Dauerregen bleibt die Blüte aus (Miedaner, 1997).

Der hohe Grad an Selbststerilität ist bedingt durch das ungleichzeitige Reifwerden von Staubbeutel und Narbe (Dichogamie) sowie durch den Mechanismus der Selbstunverträglichkeit. Es kommt somit nur zu einer Befruchtung, wenn Pollenkorn und Narbe unterschiedlicher genetischer Herkunft sind (Miedaner, 1997).

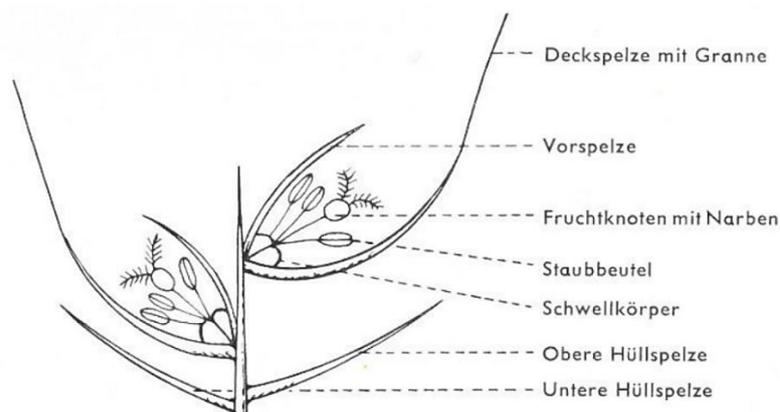


Abbildung 3: Schematische Darstellung eines Roggenährchens (Bildquelle: Laube & Quadt, 1959)

Roggen hat eine sehr hohe Pollenproduktion, um sich erfolgreich fortpflanzen zu können. Ein Staubbeutel kann 3000 bis 4000 Pollenkörner enthalten, was an einer Einzelpflanze bereits ein bis drei Millionen Pollenkörner ergibt. Die gebildete Pollenwolke ist mit bloßem Auge über einem Roggenbestand zu sehen (Miedaner, 1997).

Aus Roggenpollen können Extrakte zur Behandlung von benigner Prostatahyperplasie gewonnen werden. Diese gutartige chronische Vergrößerung der Prostata ist eine der häufigsten urologischen Erkrankungen des Mannes. Neben den derzeitigen Behandlungsmöglichkeiten wird die Phytotherapie als alternative Medizin zur Behandlung von Prostatavergrößerung immer häufiger eingesetzt (Keehn et al., 2016). In Österreich beschäftigt sich die Firma Waldland im Waldviertel bereits seit Jahrzehnten mit der Gewinnung von Roggenpollen für die pharmazeutische Industrie (Anonymus, 2012).

### **Mutterkorn**

Durch ungünstige Witterungsbedingungen während der Blüte oder unvollständiger Restaurierung der Fertilität von Hybridsorten kommt es zu einer reduzierten Pollenproduktion und folglich zu einer mangelnden Bestäubung, wodurch eine Infektion mit dem Mutterkornpilz (*Claviceps purpurea*) begünstigt wird (Abbildung 4). *C. purpurea* bildet alle drei Hauptgruppen der Mutterkorn-Alkaloide: Clavine, D-Lysergsäure und ihre Derivate, und Ergopeptine. Diese Alkaloide führten im frühen Mittelalter bis zum Ende des 20. Jahrhunderts zu epidemieartigen Vergiftungen, welche auch als Ergotismus bezeichnet wurde. Die Symptome einer Mutterkorn-Vergiftung reichen von Muskelkrämpfen, Fieber und Halluzinationen bis zum Absterben von Gliedmaßen (Miedaner & Geiger, 2015; Katzung, 2012; Wegulo & Carlson, 2011).



Abbildung 4: Mutterkorn-Sklerotien bei Roggen

Die gebildeten Mutterkorn-Sklerotien sind für Mensch und Tier giftig und gesetzlich mit einem Grenzwert von 0,05% (500 mg/kg) für Nahrungsmittel bzw. 0,1% für Futtermittel festgelegt (Miedaner & Geiger, 2015). *C. purpurea* zählt daher zu den wirtschaftlich bedeutendsten Krankheiten bei Roggen und sollte in der Produktion auf ein Minimum reduziert werden (Hackauf et al., 2020).

Heute werden diese Alkaloide in geringen Mengen für medizinische Zwecke verwendet. Die erste medizinische Anwendung von Mutterkorn wurde als wehenförderndes Mittel im Kräuterbuch von Adam Lonicer im Jahr 1582 beschrieben. Die moderne Forschung der Mutterkornalkaloide begann 1918 mit der Extraktion von Ergotamin, welches bis heute zur Behandlung von Migräne eingesetzt wird. Die Droge

Lysergsäurediethylamid (LSD) wurde erstmals 1938 von dem Schweizer Chemiker Albert Hofmann aus den Mutterkornalkaloiden synthetisiert und wenige Jahre später wurde die halluzinogene Wirkung auf das Nervensystem beschrieben (Miedaner & Geiger, 2015; Katzung, 2012).

## 2.2 Roggenzüchtung

Roggen ist aufgrund seiner gametophytischen Selbstinkompatibilität ein Fremdbefruchter mit zufälliger Windbestäubung (Miedaner, 2017). Die Züchtung erfolgt bei fremdbefruchtenden Pflanzen wie Roggen grundsätzlich als Populationszüchtung durch offen abblühende oder synthetische Sorten (Geiger & Miedaner, 2009). Dadurch entsteht eine heterogene Population mit weitgehend heterozygoten Pflanzen (Miedaner, 2017).

### Zuchtziele

Die wichtigsten Zuchtziele bei Roggen sind ein hoher Kornertrag, Kurzstrohigkeit und Standfestigkeit sowie Resistenz gegen Schneeschimmel (*Microdochium nivale*), Mehltau (*Blumeria graminis* f. sp. *secalis*), *Rhynchosporium*-Blattflecken (*Rhynchosporium secalis*), Braunrost (*Puccinia recondita* f. sp. *secalis*) und Mutterkorn (*Claviceps purpurea*) (Abbildung 5) (Miedaner, 2017). Da Roggen vor allem auf nährstoffarmen und sandigen Böden angebaut wird, ist die Toleranz gegenüber Trockenheit und Nährstoffstress ein wichtiger Faktor für die Ertragsstabilität. Im Vergleich zu Weizen besitzt Roggen eine geringere Anfälligkeit gegenüber abiotischen Stressfaktoren wie Trockenheit, Stickstoffmangel und hohen Konzentrationen von Aluminium, Zink und Natrium im Boden (Geiger & Miedaner, 2009; Hede et al., 2001). Die Qualitätseigenschaften konzentrieren sich auf eine hohe Tausendkornmasse sowie gute Auswuchsfestigkeit, welche für die Mahl- und Backfähigkeit des Roggens bedeutend sind (Miedaner, 2017; Miedaner & Hübner, 2011; Buksa et al., 2010). Auswuchsfeste Sorten können durch hohe Fallzahlen und einer daraus resultierenden niedrigen  $\alpha$ -Amylase-Aktivität selektiert werden. Ein weiterer wichtiger Qualitätsparameter von Roggen für die Verwendung als Brotgetreide ist ein hoher Pentosengehalt, welcher durch hohe Viskositätseigenschaften erreicht wird. Jedoch haben Pentosane gegensätzliche Effekte auf die Back- und Futterqualität, weshalb Sorten mit niedrigem Pentosengehalt und hohem Proteingehalt für die Verwendung als Futtermittel gefordert sind (Miedaner & Hübner, 2011; Geiger & Miedaner, 2009; Boros, 2007).

Zu den spezifischen Zuchtzielen der Ethanolproduktion gehören ein hoher Stärkegehalt und eine hohe Enzymaktivität bei gleichzeitig niedrigen Protein- und Pentosengehalten. Der Stärkegehalt kann indirekt über die Tausendkornmasse selektiert werden. Bei der Verwendung von Roggen als Biogassubstrat spielen ein hoher Biomassertrag sowie Resistenz gegen Lager eine wichtige Rolle. Roggen eignet sich

aufgrund des raschen Wachstums im Frühjahr und der Anpassung an niedrige Temperaturen auch als Futterpflanze, mit den Zuchtzielen eines frühen Wachstumsbeginnes im Frühjahr, und einer hohen Rostresistenz (Miedaner & Hübner, 2011; Geiger & Miedaner, 2009).



Abbildung 5: Zuchtziele bei Roggen. Toleranz und Resistenzen gegen (a) Auswuchs, (b) Schneeschimmel, (c) Mutterkorn, (d) *Rhynchosporium*-Blattflecken (Bildquellen: Miedaner, 2017)

### 2.2.1 Populationszüchtung – Restsaatgutmethode

Da sich bei Fremdbefruchtern die Allele einer Population nach jeder Befruchtung neu durchmischen, kommt es immer wieder zur Aufspaltung von Gameten mit unerwünschten Allelkombinationen, deren Häufigkeiten aber durch Selektion verringert werden können (Miedaner, 2017).

Eine wirksame Befruchtungsregulierung wird durch die Restsaatgutmethode erzielt. Dabei wird nur ein Teil des Saatgutes der selektierten Ausgangspflanzen als A1-Stämme ausgesät. Es erfolgt eine Vorprüfung der Nachkommenschaft auf hochheritable Merkmale (Frühreife, Wuchshöhe, Krankheitsresistenzen, Tausendkornmasse, Fallzahl) und eine Selektion der besten Familien. Da die A1-Stämme von einer unselektierten Pollenwolke bestäubt wurden, können diese nicht als Saatgut weitergeführt werden. Deshalb wird im zweiten Jahr das Restsaatgut der besten Ausgangspflanzen als A2-Stämme in Isolierlage angebaut, damit nur die besten, vorselektierten Stämme untereinander abblühen. Die Restsaatgutmethode ermöglicht somit auch eine Selektion auf Seiten des Pollenspenders. Dieser Vorgang wird als B-Stämme wiederholt, um ausreichend Saatgut für eine mehrortige Leistungsprüfung zu erlangen. Die erste Leistungsprüfung erfolgt mit den B1-Stämmen und der Selektion auf Kornertrag, Wuchshöhe, Standfestigkeit, Krankheitsresistenzen, Tausendkornmasse und Fallzahl. Die besten B1-Stämme werden aus dem Restsaatgut der A2-Stämme erstellt und als B2-Stämme in Isolierlage angebaut und vermehrt

(Abbildung 6) (Laube & Quadt, 1959; Miedaner, 2017). Die Restsaatgutmethode mit Nachkommenschaftsprüfung wurde seit 1921 durch Laube bei 'Petkus' durchgeführt und beruht auf den Erfolg des 'Petkuser Roggens' (Laube & Quadt, 1959). Der Vorteil der Restsaatgutmethode liegt darin, dass das Restsaatgut nur einmal von einer unselektierten Pollenwolke in der Ausgangspopulation bestäubt wurde und daher die Häufigkeiten der gewünschten, positiven Allele höher sind als ohne Restsaatgut (Miedaner, 2017).

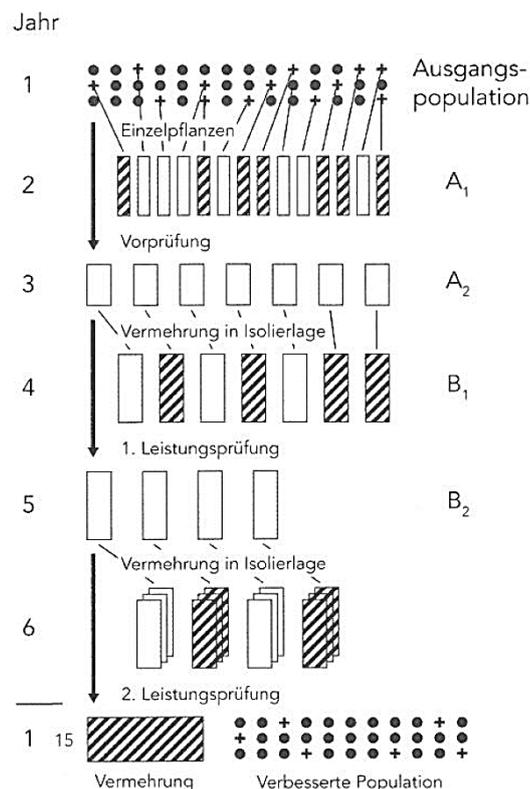


Abbildung 6: Restsaatgutmethode (Bildquelle: Miedaner, 2017)

### 2.2.2 Hybridzüchtung

Durch die Einführung der Hybridzüchtung wurden die ersten Hybridsorten 1984 in Deutschland zugelassen, die zu einer Ertragssteigerung von 15-20% im Gegensatz zu herkömmlichen Populationsorten führten (Miedaner, 2014). Durch gezielte Kreuzung zwischen zwei genetisch unterschiedlichen Populationen ermöglicht die Hybridzüchtung die Nutzung der Heterosis, eine Leistungssteigerung in der  $F_1$ -Generation gegenüber dem Elternmittel (Birchler et al., 2010; Geiger & Miedaner, 2009).

Um reine Inzuchtlinien herzustellen, muss die natürliche Selbstinkompatibilität des Roggens durch die Nutzung selbstfertiler Gene überwunden werden. Für die weitere Produktion von Hybridsaatgut ist ein Hybridmechanismus erforderlich, welcher bei Roggen durch cytoplasmatische männliche Sterilität (CMS) genutzt wird (Geiger & Miedaner, 2009). Putt (1954) entdeckte die männliche Sterilität bei Roggen und

vermutete, dass diese von einer Interaktion zwischen Genen im Zellkern und dem Cytoplasma kontrolliert wird. Das System der CMS, welche neben den männlich sterilen Linien auch *Maintainer*- und *Restorer*-Linien beinhaltet, wurde in den frühen 1970er Jahren von Geiger & Schnell (1970) und Kobyljanski (1971) beschrieben (zit. in Börner et al., 1998). Mit der Entdeckung der CMS verlagerte sich die Zuchtmethodik von offen abblühenden Sorten zu Hybridsorten (Vendelbo et al., 2020).

Es werden drei Typen von CMS unterschieden: P-Typ ('Pampa'), V-Typ ('Vavilov') und G-Typ ('Gülzow'). Die verwendeten Hybridroggensorten in dieser Versuchsserie stammen alle auf Basis des P-Cytoplasmas. Das 'Gülzow'-Cytoplasma wurde von Adolf & Winkel (1985) untersucht. Die männlich sterilen Linien des G-Cytoplasmas wurden aus der Populationsroggensorte 'Schlägler alt' selektiert (Melz & Adolf, 1991). Beim G-Cytoplasma liegt die Herausforderung in der Erhaltung der männlichen Sterilität, weil wenige *Maintainer* vorhanden sind (Adolf & Winkel, 1985). Die Wiederherstellung der Fertilität durch das G-Cytoplasma wird durch drei Gene (*Rfg1*, *Rfg2*, *Rfg3*) bestimmt, ein Hauptgen befindet sich auf Chromosom 4R, während zwei modifizierende Gene auf den Chromosomen 3R bzw. 6R liegen (Melz et al., 2003; Melz & Adolf, 1991).

Das 'Pampa'-Cytoplasma dominiert in der Hybridroggenzüchtung und stammt aus einer argentinischen Landsorte. Entsprechende '*Restorer to fertility*' (*Rf*)-Gene zur Wiederherstellung der Fertilität stammten ursprünglich aus europäischem Roggen (Miedaner et al., 2017). Die männliche Sterilität des P-Cytoplasmas lässt sich leicht erhalten, weil die Kerngene zur Erhaltung der männlichen Sterilität (*Maintainer*) vielfach vorhanden sind (Geiger & Miedaner, 2009). Die Wirkung der *Rf*-Gene ist in europäischem Roggen jedoch unzureichend, was zu Hybriden mit einer reduzierten Pollenausschüttung und folglich zu hohen Mutterkorn-Infektionen unter ungünstigen Witterungsbedingungen führen kann (Geiger & Miedaner, 2009). In den frühen 1990er Jahren wurden effektivere und umweltstabilere *Restorer*-Gene (*Rfp1*, *Rfp2*) für das P-Cytoplasma in iranischem Primitivroggen und argentinischen Landsorten gefunden (Miedaner et al., 2017). Diese dominanten *Rfp*-Gene stellen die männliche Fertilität in allen Hybriden des P-Cytoplasmas zu einem hohen Grad wieder her. Die beiden *Rfp*-Gene aus 'IRAN IX' und 'Pico Gentario' sind auf Chromosom 4RL lokalisiert und werden als *Rfp1* bzw. *Rfp2* bezeichnet. Ein drittes *Rfp*-Gen wird aus dem iranischen Primitivroggen 'Altevogt 14160' beschrieben, welches im selben Markerintervall wie *Rfp1* und *Rfp2* liegt. Das *Rfp*-Gen aus 'IRAN IX' wurde in der Hybridzüchtung aufgrund der vollständigen Wiederherstellung der Fertilität häufig verwendet. Jedoch hat dieses Gen negative Auswirkungen auf mehrere agronomische Eigenschaften, insbesondere dem Kornertrag (Miedaner et al., 2017). Laut Miedaner et al. (2017) kommt es durch das Vorhandensein des *Rfp*-Gens zu einer Erhöhung der Wuchshöhe und des Gesamtpentosangehaltes und zu einer Reduktion des Kornertrages, des Proteingehaltes und des wasserlöslichen Pentosangehaltes. Im Rahmen von RYE-SUS wird untersucht, ob

die negativen Effekte der *Rfp*-Gene durch die positiven Eigenschaften von *Ddw1* auf den Kornertrag ausgeglichen werden können (Hackauf et al., 2020).

Als Ausgangsmaterial in der Hybridroggenzüchtung werden zwei unterschiedliche Genpools, 'Petkus' und 'Carsten' verwendet. Kombinationen zwischen den Sorten aus dem 'Petkus' und 'Carsten' Genpool zeigen die höchste Heterosis und Hybridleistung und werden daher für die Entwicklung von Saaterter- und Pollenelterlinien verwendet (Geiger & Miedaner, 2009). Die Hybridroggenzüchtung basiert auf einer Drei-Wege-Kreuzung mit der Formel  $(A_{CMS} \times B) \times Syn_{Rf}$ . Diese drei Komponenten umfassen eine mütterliche Linie mit dem CMS-Allel ( $A_{CMS}$ ), eine *Maintainer*-Linie (B) und eine väterliche Linie als *Restorer* (R) (Vendelbo et al., 2020; Geiger & Miedaner, 2009). Die 'Petkus'-Saaterterlinie muss männlich steril und ertragreich sein, was durch einen *Single-Cross* zwischen nicht verwandten homozygoten Linien erreicht wird. Die 'Carsten'-Pollenelterlinie muss *Restorer*-Gene aufweisen und ist in der Regel ein „Synthetik“ aus zwei Inzuchtlinien durch offenes Abblühen. Der teilweise ingezüchtete *Restorer-Synthetik* ist in seiner genetischen Struktur heterogen und besitzt zudem sehr gute *Restorer*-Eigenschaften zur Wiederherstellung der Fertilität (Geiger & Miedaner, 2009).

Die Hybridsaatgutproduktion ist ein mehrstufiger Prozess (Abbildung 7), und um genetische Kontaminationen in der Saatgutproduktion zu vermeiden, muss diese unter besonderer Berücksichtigung der Isolierung erfolgen, da der Roggenpollen mittels Windbestäubung über große Entfernungen transportiert werden kann. Die Vermehrung der mütterlichen Linien ( $A_{CMS}$  und B) erfolgt im Streifenanbau im Verhältnis von 2:1 oder 3:1, abhängig von der Feldgröße, und dauert zwei bis drei Jahre. Die Anbauregion muss durch ein mildes Klima geprägt sein, wie beispielsweise in Norditalien oder Südfrankreich, weil die Inzuchtlinien anfällig gegenüber abiotischen Stressfaktoren sind und dies zu einer mangelnden Bestäubung führen kann. Für die Basissaatgutproduktion wird das Verhältnis von Saaterter zu Pollenelter auf 4:1 ausgeweitet. Um Saatgutverunreinigungen zwischen den Linien  $A_{CMS}$  und B während der Ernte zu vermeiden, werden die *Maintainer*-Reihen nach der Blüte entfernt. Die *Restorer Synthetiks* werden, ähnlich wie synthetische Sorten, jedoch unter strengerer räumlicher Isolierung, im Gegensatz zu Populationssorten, vermehrt. Der letzte Schritt in der Produktion von zertifiziertem Saatgut besteht aus einer Mischung von 95% Saaterter und 5% *Restorer Synthetik*. Dieses Verfahren senkt die Kosten der Hybridsaatgutproduktion im Vergleich zum Streifenanbau der weiblichen und männlichen Linien. Obwohl der *Restorer Synthetik* im Gegensatz zu Hybriden ein niedrigeres Ertragsniveau aufweist, hat diese geringe Mischung von 5% an *Restorer Synthetik* keinen signifikanten Einfluss auf die Ertragsleistung der Sorte. Um eine optimale Bestäubung zu ermöglichen, wird die Saatgutproduktion von einem 5-10 Meter breiten „Mantel“ umgeben, welcher vor der Ernte entfernt wird (Geiger & Miedaner, 2009).

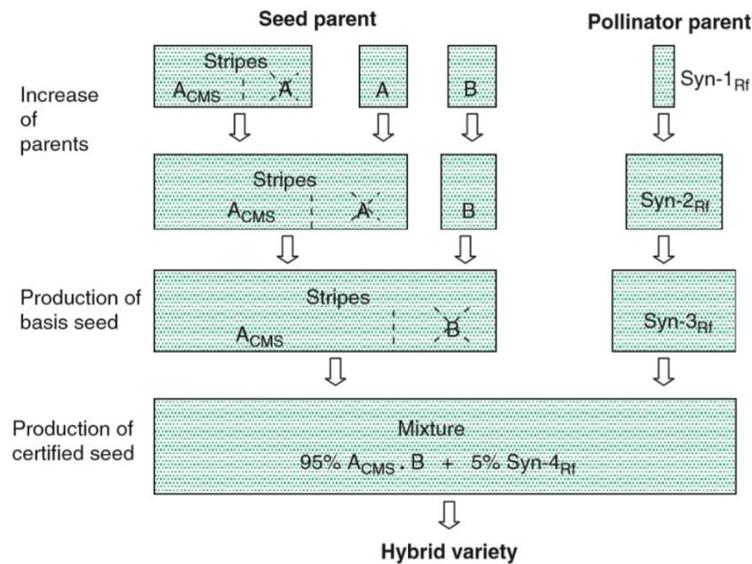


Abbildung 7: Hybridsaatgutproduktion (Bildquelle: Geiger & Miedaner, 2009)

### 2.2.3 Kurzstrohgene

Große Ertragssteigerungen bei Weizen und Reis konnten, während der „Grünen Revolution“, durch die Nutzung von Kurzstrohgenen erreicht werden. Bei Weizen wurden die Kurzstrohgene *Rht-B1b* und *Rht-D1b* erstmals Anfang des 20. Jahrhunderts in der japanischen Sorte ‘Norin 10’ genutzt (Shindler, 2016). Diese Sorte wurde später intensiv von US-Institutionen und CIMMYT genutzt (Reitz & Salmon, 1968), sodass ‘Norin 10’ heute weltweit in 70% aller kommerziellen Weizensorten enthalten ist. Die „Grüne Revolution“ bei Reis verlief parallel zu Weizen und begann ebenfalls im Fernen Osten mit der Einführung von ertragreichen, halbzweigigen ‘Indica’-Sorten, welche das Kurzstrohgen aus der chinesischen Sorte ‘Dee-geo-woo-gen’ enthalten (Hedden, 2003).

Bei Roggen wurde das Potenzial der Kurzstrohgene noch nicht vollständig genutzt, aber es wurde das dominante Kurzstrohgen *Ddw1* entdeckt, welches von Kobyljanski (1972) als *Humilus (Hl)* bezeichnet und später von Melz (1989) umbenannt wurde (zit. in Hackauf et al., 2020). Bei Roggen sind mehrere Mutanten mit Gibberellin-empfindlichen und Gibberellin-unempfindlichen Kurzstrohgenen bekannt (Braun et al., 2019). Bei Gibberellin-empfindlichen Mutanten kann ein hochwüchsiger Phänotyp durch eine äußere Applikation von Gibberellinen wiederhergestellt werden. *Ddw1* gehört zu den Gibberellin-empfindlichen Kurzstrohgenen, ist ein spontaner Mutant aus einer Akzession der Genbank des Vavilov-Instituts in St. Petersburg, und ermöglicht eine deutliche Reduktion der Wuchshöhe bei Roggen (Braun et al., 2019). Da die Blätter das Hauptassimilationsorgan bilden, sind die morphologischen Merkmale entscheidend für die Steigerung des Ertragspotenzials. Ähnlich wie bei Weizen, wird die Ähre bei den halbzweigigen *Ddw1*-Genotypen hauptsächlich über das Fahnenblatt mit Assimilaten versorgt, während bei den hohen Genotypen der Stängel das Hauptassimilationsorgan ist (Hackauf et al., 2020).

Die Gibberelline als Pflanzenhormone sind bei Pflanzen gegenüber abiotischen Stressreaktionen von Bedeutung (Hackauf et al., 2020). So zeigten Teff (*Eragrostis tef* (Zucc.) Trotter) und Fingerhirse (*Eleusine coracana* Gaertn.) bei chemisch induzierten Gibberellinmangel eine positive Reaktion auf den Kornertrag sowie Toleranz gegen Lager und Trockenheit (Plaza-Wüthrich et al., 2016). Bei Reis führte das Enzym Gibberellin 2-oxidase 6 (*GA2ox6*) zu einer reduzierten Gibberellin-Konzentration und folglich zu einer reduzierten Wuchshöhe, zu produktiveren Halmen, einem ausgedehnten Wurzelsystem, einer höheren Wassernutzungseffizienz und Photosyntheserate, sowie zu einer erhöhten abiotischen und biotischen Stresstoleranz (Lo et al., 2017). Bei Halbzwergroggen wurde eine erhöhte Expression des C20-Gibberellin 2-Oxidase Gens (*ScGA2ox12*) identifiziert, welches im Stängel von *Ddw1*-Genotypen reguliert wird (Braun et al., 2019). Es wird vermutet, dass die Halbzwergrlinien neben einer verbesserten Standfestigkeit auch eine erhöhte Trockenstresstoleranz besitzen, da die *Ddw1*-Mutanten den Gibberellin-Biosyntheseweg der Roggenpflanze positiv beeinflussen (Hackauf et al., 2020).

*Ddw1* wurde bereits erfolgreich in der Züchtung von Populationssorten verwendet, um die Wuchshöhe zu verbessern und eine Produktionssteigerung zu erzielen. Bei Populationssorten kann es jedoch zu einer zunehmenden Frequenz von rezessiven *ddw1*-Allelen und damit zu zunehmend hohen Pflanzen kommen (Hackauf et al., 2020). Durch Marker-gestützte Selektion kann bereits im Keimlingsstadium eine genaue Identifizierung von *Ddw1*, sowie eine Unterscheidung zwischen homozygoten und heterozygoten Halbzwerger erzielt, und somit die Effizienz in der Roggenzüchtung gesteigert werden (Braun et al., 2019). Im Rahmen von RYE-SUS wurde *Ddw1* erstmals in den 'Petkus'-Pool eingeschleust, um halbzwerigige Hybriden mit dem 'Pampa'-Cytoplasma zu entwickeln (Abbildung 8) (Hackauf et al., 2020).

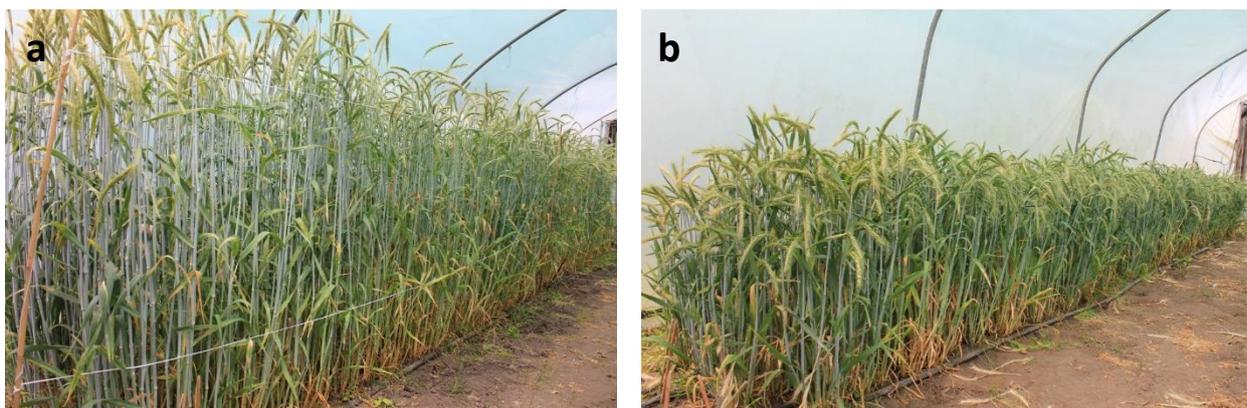


Abbildung 8: Marker-gestützte Einkreuzung von *Ddw1* in Elitesaatgut-Elternlinien: (a) Langstrohlinien mit dem rezessiven Allel (*ddw1ddw1*); (b) Halbzwerge mit dem dominanten Allel (*Ddw1Ddw1*). (Bildquellen: Hackauf et al., 2020)

## 2.3 Qualitätseigenschaften

In der traditionellen Roggenbrotherstellung spielt der Fermentationsprozess eine wesentliche Rolle (Järvan et al., 2018). In Nordeuropa wird Roggen vor allem als Roggenvollkorn-Sauerteigbrot konsumiert (Deleu et al., 2020). Der Sauerteig besteht aus einer Mischung von Mehl, Wasser, Milchsäurebakterien und Hefen (Järvan et al., 2018). Roggen besitzt unter allen Getreidearten den höchsten Gehalt an Ballaststoffen. Der Verzehr von Roggenvollkornbrot trägt zu einer verbesserten Darmfunktion bei und erhöht das Sättigungsgefühl aufgrund des hohen Anteils an Arabinoxylane und Fruktane. Weiters können Roggenvollkornprodukte eine gesundheitsfördernde Wirkung durch Regulierung des Blutzuckerspiegels und des Cholesterinspiegels haben, sowie das Risiko von Herz-Kreislauf-Erkrankungen und bestimmten Krebsarten reduzieren (Deleu et al., 2020; Järvan et al., 2018). Die antioxidative Wirkung der phenolischen Verbindungen ist in traditionellen Roggensauerteigbroten höher als im klassischen Weißbrot (Järvan et al., 2018).

### 2.3.1 Stärke

Stärke gehört mit ungefähr 69% bis 73% in der Trockenmasse zu den Hauptbestandteilen von Roggen. Stärke besteht aus den zwei Glukosepolymeren Amylose und Amylopektin. Amylose ist ein lineares, wenig verzweigtes Polymer von hauptsächlich  $\alpha$ -(1,4) D-Glucose-Einheiten. Der Amylosegehalt in Roggenstärke schwankt zwischen 12% und 30% in der Trockenmasse. Den Großteil der Stärke nimmt Amylopektin ein, welches aus Ketten von  $\alpha$ -(1,4) D-Glucose-Einheiten besteht, die mit  $\alpha$ -(1,6) Verbindungen verbunden und somit stärker verzweigt sind (Deleu et al., 2020).

Die Backqualität der Roggenmehle hängt stark von den Eigenschaften der Stärke und der  $\alpha$ -Amylase-Aktivität ab (Deleu et al., 2020). Die Qualität der Roggenmehle kann jährlich schwanken, weil die Amylase-Aktivität von der Temperatur und der Niederschlagsmenge während der Vegetationszeit beeinflusst wird (Järvan et al., 2018). Roggenmehle mit hoher  $\alpha$ -Amylase-Aktivität ergeben einen weichen, klebrigen und zu flüssigen Teig für die Brotverarbeitung bedingt durch den enzymatischen Stärkeabbau. Die endogenen Amylasen haben ein Temperaturoptimum von 50-52°C und einen optimalen pH-Wert von 5,5. Durch einen höheren Säuregrad des Teiges während der Gärung kann die Enzymaktivität reduziert werden. Die Amylasen werden bei einem pH-Wert von unter 4,0 inaktiv (Deleu et al., 2020).

### 2.3.2 Arabinoxylane

Arabinoxylane (AX) werden auch als Pentosane bezeichnet, gehören mit 3,8% bis 6,5% zu den Hauptbestandteilen der Nicht-Stärke-Polysaccharide und sind aufgrund ihres hohen Wasserhaltevermögens für die Roggenbrotherstellung entscheidend. Weitere Nicht-Stärke-

Polysaccharide sind Fruktane, Cellulose und  $\beta$ -D-Glucan. AX sind eine heterogene Gruppe von strukturell unterschiedlichen Polymeren, bestehend aus zwei Zuckerresten von Xylose und Arabinose. An einigen Arabinoseresten wird eine Ferulasäure verestert, welche einen positiven Einfluss auf die Viskosität der Roggenteige hat. AX werden in wasserlösliche und wasserunlösliche Fraktionen unterteilt. Wasserlösliche Arabinoxylane (WAX) und wasserunlösliche Arabinoxylane (WUAX) können das 11- bzw. 10-fache ihres Eigengewichts an Wasser aufnehmen und daher zur Bildung viskoser Roggenteige beitragen (Deleu et al., 2020). WUAX sind aufgrund ihrer stark kovalenten (Ester- und Etherbindungen) und nicht-kovalenten Bindungen (Wasserstoffbrückenbindungen) zu anderen AX-Fragmenten, Proteinen oder anderen Zellwandbestandteilen nicht extrahierbar. Im Gegensatz dazu sind WAX nur lose an die Zellwandstruktur gebunden und ihre Gehalte im Roggenkorn reichen von 1,5% bis 4,1% (Deleu et al., 2020). WAX wirken sich positiv auf die Verarbeitung der Roggenteige aus, weil sie die Viskosität der Teige erhöhen, die Brotkrume und das Volumen verbessern und den Stärkeabbau verzögern (Järvan et al., 2018). Roggenmehle enthalten höhere WAX-Gehalte und niedrigere Proteingehalte als Weizenmehle (Deleu et al., 2020; Buksa et al., 2016).

Für die Verwendung des Roggenkorns als Futtermittel sind jedoch hohe Gehalte an AX unerwünscht, weil eine hohe Viskosität, bedingt durch die hohe Wasseraufnahme der AX, die Verdauung von Nährstoffen und deren Absorption im Darmtrakt, vor allem bei Monogastrier, beeinträchtigt (Kobyliansky et al., 2017; Jürgens et al., 2012).

### **2.3.3 Protein**

Der Rohproteingehalt von Roggen liegt in Österreich zwischen 7% und 14%. Für die Backfähigkeit sind Gehalte von 9% bis 11% günstig (AGES, 2020). Roggenproteine spielen bei der Brotherstellung eine untergeordnete Rolle. Im Gegensatz zu Weizenproteine bilden die Roggenproteine bei der Teigbereitung keine kohärente Struktur, was auf qualitative und quantitative Unterschiede zwischen Weizen- und Roggenproteine zurückzuführen ist. Weiters können die hohen AX-Gehalte im Roggen die Protein-Aggregation verhindern. Obwohl die Roggenproteine für die Bildung der Teigstruktur keinen wesentlichen Einfluss haben, sind die Proteine für das Aroma und den Geschmack der Roggensauerteigbrote verantwortlich (Deleu et al., 2020).

## **2.4 Qualitätsanalysen**

Für die Bestimmung der verschiedenen Qualitätsparameter des Roggens kommen verschiedene instrumentelle Methoden zum Einsatz, darunter die Nah-Infrarot-Spektroskopie (NIRS), die Messung der Fallzahl, der Amylograph sowie der Rapid Visco Analyzer (RVA).

### 2.4.1 Nah-Infrarot-Spektroskopie (NIRS)

Die Nah-Infrarot-Spektroskopie (NIRS) wird in der Pflanzenzüchtung zur Messung von Qualitätsparametern wie Rohprotein-, Stärke-, und Feuchtegehalt von ganzen Getreidekörnern oder Mehlproben verwendet (Pohl & Senn, 2011). Die NIRS nutzt elektromagnetische Strahlung durch Anregung von Molekülschwingungen in einem Wellenlängenbereich von 780 bis 2500 nm (Miller, 2001). Die NIRS bezieht sich auf Obertöne und Kombinationen von chemischen Verbindungen (C–H, O–H, N–H), die einen Einfluss auf viele Inhaltsstoffe der Probe haben. Die chemische Information der Probe wird anhand verändernder NIR-Spektren gegen eine Referenzprobe kalibriert und analysiert. Die Erfassung der NIR-Spektren erfolgt durch Transmission, Reflexion oder durch eine Kombination beider Methoden. Im Transmissionsmodus fällt der Lichtstrahl durch die Probe und wird mittels eines gegenüberliegenden Detektors gemessen (Alander et al., 2013). Messungen im Transmissionsmodus werden in einem niedrigeren Wellenlängenbereich (570 bis 1050 nm) durchgeführt, während Reflexionsmessungen zwischen 1100 und 2500 nm stattfinden. Das höhere Energieniveau des Lichtes im unteren Wellenlängenbereich ermöglicht eine Messung im Inneren der Körner. Durch eine große Kalibrierungsdatenbank (ANN - *artificial neural network*) von Referenzwerten können die Proben mit einem hohen Maß an Genauigkeit und Stabilität analysiert werden (FOSS, 2012).

Die NIRS bietet eine kostengünstige und zerstörungsfreie Analyse, im Gegensatz zu aufwändigen nasschemischen Untersuchungen, und ermöglicht eine schnelle Vorhersage von Qualitätsparametern für einen beschleunigten Züchtungsprozess (Pohl & Senn, 2011).

### 2.4.2 Fallzahl nach Hagberg

Die Fallzahl misst die Aktivität der Amylasen und ist ein wichtiger Parameter zur Qualitätsbestimmung der Roggenmehle (Linina et al., 2019; Perten, 1964). Niedrige Fallzahlen ergeben schmierige Roggenteige und wirken sich negativ auf die Form und das Volumen der Brote aus. Während der Brotherstellung werden geringe Konzentrationen an  $\alpha$ -Amylase für die Produktion von Zuckern für einen optimalen Gärprozess benötigt, jedoch kann ein Überschuss an  $\alpha$ -Amylase negative Auswirkungen auf die Brotqualität haben. Die  $\beta$ -Amylase ist ein Enzym mit zuckerproduzierenden Eigenschaften, beschleunigt die Gärung des Teiges und verbessert die Qualität der Roggenbrote (Järvan et al., 2018).

Die Fallzahl hängt stark von den Witterungsbedingungen während der Vegetationszeit und vom Genotyp ab (Linina et al., 2019). Da Roggen eine geringe Dormanz aufweist, kann es unter warmen und feuchten Witterungsbedingungen in der Reifephase zu frühzeitigen Keimprozessen (Auswuchs) der Roggenkörner kommen (Linina et al., 2019; Geiger & Miedaner, 2009). Dadurch kommt es zu einem Anstieg der proteolytischen und amylolytischen Enzyme, welche die Reservestoffe Stärke, Protein und AX spalten und

teilweise wasserlöslich machen, was sich folglich in einer niedrigeren Fallzahl und einer verminderten Backfähigkeit auswirkt (Järvan et al., 2018; Miedaner & Hübner, 2011).

Die Fallzahlmessung beruht auf der Viskosität einer Mehl-Wasser-Suspension in einem kochenden Wasserbad. Das Messergebnis ist die Zeit in Sekunden, welche ein Rührstab durch diese Suspension benötigt. Je dünnflüssiger die Suspension ist, desto größer ist die Amylase-Aktivität, der Rührstab sinkt schnell und die Fallzahl ist niedrig. Die Werte können zwischen 62 und 400 s liegen. Warme, trockene Witterungsbedingungen während der Reifephase führen zu hohen Fallzahlen. Sehr niedrige Fallzahlen von 62 bis 100 s deuten auf eine erhöhte  $\alpha$ -Amylase-Aktivität und Auswuchs hin (AGES, 2020).

### 2.4.3 Rotationsviskosimeter

Während die Fallzahl nur die Aktivität der stärkeabbauenden  $\alpha$ -Amylase misst, erfassen Viskosimeter wie der Amylograph und der Rapid Visco Analyser (RVA), auch die Aktivität anderer stärkeabbauender Enzyme. Der Amylograph zeigt das Verhalten der Stärke während der Erhitzung und misst die Temperatur zu Beginn der Stärkeverkleisterung, sowie die maximale Viskosität der Stärkeverkleisterung (Järvan et al., 2018). Die Analysezeit des Amylographs beträgt aufgrund einer Abkühlrate von  $105^{\circ}\text{C min}^{-1}$  ungefähr zwei Stunden (Balet et al., 2019).

Der RVA wurde zur schnellen Messung von auswuchsgefährdetem Getreide sowie zur Qualitätsanalyse der Stärke entwickelt. Der RVA arbeitet ähnlich wie der Amylograph und hat die Vorteile mit einer kleineren Probe und einem schnelleren Testzyklus zu arbeiten und zusätzlich ein Temperaturprofil mit einer entsprechenden Windows Software aufzuzeichnen (Balet et al., 2019; Batey & Curtin, 2000). Der RVA misst die Veränderung der Viskosität einer Mehl-Wasser-Suspension innerhalb kontinuierlicher Aufheizung und Abkühlung über einen Zeitverlauf von 13 min. Die Mehl-Wasser-Suspension wird bei einer Temperatur von  $50^{\circ}\text{C}$  erhitzt und 10 s lang bei einer Drehzahl von  $160 \text{ min}^{-1}$  gerührt, um eine gute Durchmischung zu erreichen. Die Mehl-Wasser-Suspension wird 1 min lang bei  $50^{\circ}\text{C}$  gehalten, innerhalb von 3,42 min auf  $95^{\circ}\text{C}$  erhitzt, 2,3 min bei maximaler Temperatur gehalten und innerhalb von 3,48 min schließlich wieder auf  $50^{\circ}\text{C}$  abgekühlt, sowie weitere 2 min konstant gehalten. Die Viskosität wird als Strömungswiderstand einer Flüssigkeit bezeichnet, welcher im RVA durch das Rotieren der Plastikpaddel in einer Mehl-Wasser-Suspension mit einer festgelegten Geschwindigkeit gemessen und als Kurve aufgezeichnet wird. Die Einheiten der Viskosität sind „Pascalsekunden“ oder „Poise“:  $0,1 \text{ Pa}\cdot\text{s} = 1 \text{ Poise (P)}$  oder  $1 \text{ mPa}\cdot\text{s} = 1 \text{ Centipoise (cP)}$  (Booth & Bason, 2007).

Der Test gliedert sich in 5 Stufen: (1) Zugabe von Wasser zur Mehlprobe (*Initial*), (2) Erhitzen (*Heating*), (3) Halten der maximalen Temperatur (*Holding*), (4) Abkühlung (*Cooling*) und (5) eine abschließende Haltephase (*Final holding*) (Balet et al., 2019). Aus den erhaltenen RVA-Kurven werden folgende Parameter abgelesen (Abbildung 9):

- *Peak Viscosity* (cP): Maximale Viskosität, die in der Aufheizphase erreicht wird
- *Trough* oder *Holding strength* (cP): Minimale Viskosität nach Erreichen der Maximaltemperatur
- *Final Viscosity* (cP): Finale Viskosität zum Prozessende
- *Pasting Temperature* (°C): Temperatur, bei der die Viskosität erstmals um mindestens 25 cP über einen Zeitraum von 20 s ansteigt
- *Peak Time* (s): Zeitpunkt an dem die maximale Viskosität auftritt

Die weiteren Prozessparameter *Breakdown* (*Peak Viscosity* - *Trough Viscosity*) und *Setback* (*Final Viscosity* - *Trough Viscosity*) werden von den drei Grundparametern abgeleitet (Ragae & Abdel-Aal, 2006; Batey & Curtin, 2000). Die Form der RVA-Kurve kann sich je nach Getreideart und Vollkornschrot unterscheiden (Ragae & Abdel-Aal, 2006).

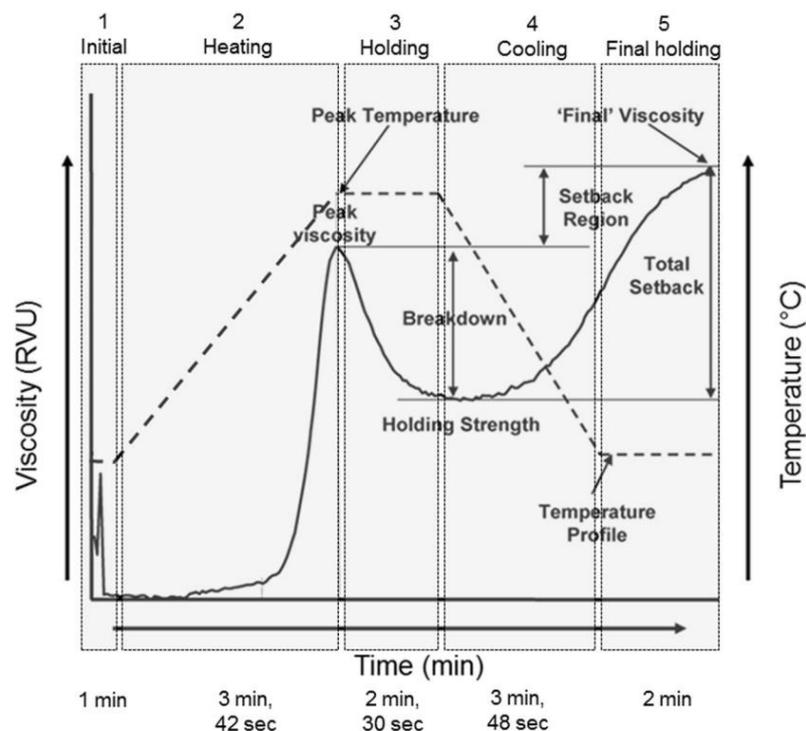


Abbildung 9: Typische RVA-Kurve mit Angabe der wichtigsten Parameter während der Analyse (Bildquelle: Balet et al., 2019)

Während der ersten Phase nimmt die Stärke große Mengen an Wasser auf und die Stärkekörner beginnen zu quellen (Deleu et al., 2020). Bei niedrigen Temperaturen (<50°C) ist die Quellung der Stärkekörner gering. In der zweiten Phase der Temperaturerhöhung quellen die Stärkekörner stärker auf und die innere kristalline Struktur schmilzt, bedingt durch den Abbau der Wasserstoffbrückenbindungen (Balet et al., 2019; Batey, 2007). Bei Roggenteige kommt es bei einer Temperatur von 53°C bis 64°C zur Stärkeverkleisterung, die im Vergleich zu Weizenteige niedriger liegt. Oberhalb dieser Verkleisterungstemperatur kommt es zu irreversiblen Veränderungen der molekularen Stärkestruktur (Deleu et al., 2020). Durch die Scherwirkung des Plastikpaddels kommt es zur Zerrüttung der gequollenen Stärkekörner und die Stärkemoleküle (Amylose) werden freigesetzt. Dieser Prozess kann durch den Anstieg der Viskosität der Stärkesuspension beobachtet werden. Die maximale Viskosität hängt vom Ausmaß der Quellung und Zerrüttung der Stärkekörner ab und dient als Hinweis für das Wasserhaltevermögen der Stärke (Balet et al., 2019; Batey, 2007).

Während der Haltephase (*Holding Stage*) des Viskositätstests ist die Mehl-Wasser-Suspension einer hohen Temperatur und mechanischer Scherspannung ausgesetzt, das zum Aufbrechen der Stärkekörner und zur Auslaugung der Amylose führt. Die Fähigkeit der Stärke dieser Beanspruchung standzuhalten ist ein wichtiger Faktor in vielen Prozessen. Diese Testphase ist mit einem Abbau der Viskosität (*Breakdown*) verbunden. Ein hoher Wert des *Breakdowns* ist mit einer hohen maximalen Viskosität korreliert, welcher wiederum vom Grad der Stärkequellung während der Erhitzung abhängt. So führen mehr Stärkekörner mit einem hohen Quellvermögen zu einer höheren maximalen Viskosität (Ragae & Abdel-Aal, 2006).

Während der Abkühlphase verbinden sich die Stärkemoleküle neu, dies führt zur Bildung einer Gelstruktur und zum Anstieg der finalen Viskosität. Diese Phase wird als *Setback* beschrieben und hängt mit der Retrogradation und Neuordnung der Stärkemoleküle zusammen (Ragae & Abdel-Aal, 2006). Es wird angenommen, dass sich zuerst die Amylose-Moleküle nach dem Backprozess neu verbinden und es während der Lagerung der Brote zur Rekristallisation von Amylopektin (Retrogradation) kommt, wobei letztere für die Bildung der Brotkrume verantwortlich gemacht wird (Deleu et al., 2020). Bei der abschließenden Haltephase bleibt die Temperatur konstant, während die Viskosität bis zu einem gewissen Punkt weiter ansteigt (=Finale Viskosität) (Balet et al., 2019). Die Verkleisterungseigenschaften der Stärke sind von der Größe der Stärkekörner, dem Amylose-, Lipid- oder Proteingehalt und der Amylopektin-Struktur abhängig (Balet et al., 2019).

Es wird angenommen, dass Amylopektin für die Quellung der Stärkekörner verantwortlich ist, während Amylose die Granulatquellung hemmt (Garimella Purna et al., 2015). *Waxy* Mutanten bei Getreide enthalten wenig bis keine Amylose und quellen durch den hohen Amylopektin-Gehalt beim Erhitzen unter Zugabe von Wasser stark auf. Während die Viskosität steigt, fragmentieren die Stärkekörner bei höheren

Temperaturen, wodurch es zu einem schnelleren Abbau der Endviskosität kommt (Garimella Purna et al., 2015). Bei Roggen wurde die *waxy* Mutation (*Wx*) erstmals von Korzun et al. (1997) beschrieben.

## 2.5 Genotyp-Umwelt-Interaktion (GEI)

Im Zuge mehrortiger Ertragsversuche bezieht sich der Begriff Genotyp auf eine Sorte und der Begriff Umwelt auf die Gesamtheit von Klima, Boden und biotischen Faktoren sowie Bewirtschaftungsbedingungen in einem einzelnen Versuch, der an einem bestimmten Standort in einem Jahr durchgeführt wird (Annicchiarico, 2002).

Die Hauptursache von Ertragsschwankungen zwischen Genotypen ist auf das Vorhandensein von GEI zurückzuführen und hängt von den jeweiligen Umweltbedingungen ab, in denen die Genotypen angebaut werden (Becker & Leon, 1988). Um die Bedeutung der GEI näher zu diskutieren, muss zwischen fixen Umwelteffekten, wie klimatische und pflanzenbauliche Faktoren, und zufälligen Umwelteffekten, wie die Jahreswitterung, unterschieden werden (Becker, 2019). Diese Wechselwirkungen von Genotyp und Umwelt können teilweise als eine Reaktion auf Umweltstressfaktoren wie Trockenheit oder Krankheiten zurückgeführt werden (Becker & Leon, 1988). Weiters kann die genetische Struktur des Pflanzenmaterials einen Einfluss auf das Ausmaß der GEI haben. So interagieren Sorten, welche ein geringes Maß an Heterogenität aufweisen (reine Linien) stärker mit der Umwelt als Sorten mit höherem Heterozygotiegrad (offen bestäubte Populationen), da ein geringerer Anteil an adaptiven Genen anfälliger gegenüber veränderten Umweltbedingungen reagiert. Diese Sortentypen sind einerseits ertragsstabiler, jedoch kann das Ertragspotenzial von Populationssorten aufgrund ihrer heterogenen Struktur nicht völlig ausgeschöpft werden (Annicchiarico, 2002).

In Abbildung 10 werden 6 von insgesamt 24 möglichen Interaktionstypen anhand zwei unterschiedlicher Genotypen A und B in zwei Umwelten X und Y grafisch dargestellt. „Typ 1“ und „Typ 2“ zeigen keine Interaktion, weil die Linien in der Abbildung parallel verlaufen und der Unterschied zwischen den zwei Genotypen immer gleichbleibt und folglich nicht von der Umwelt abhängt. „Typ 3“ zeigt einen sogenannten „*scale effect*“, weil der Unterschied in der Umwelt X größer wird und folglich die Interaktion von der Umwelt abhängt. Genotyp A bleibt dennoch in beiden Umwelten leistungsstärker und B verschlechtert seine Leistung in Umwelt X. „Typ 4-6“ zeigen einen sogenannten „*cross-over effect*“, bei dem sich die Rangfolge der Genotypen ändert und der Leistungsunterschied zwischen den beiden Genotypen in jeder Umwelt unterschiedlich groß sein kann (Allard & Bradshaw, 1964).

In der Praxis sind GEI wesentlich komplexer, weil viel mehr Genotypen und Umwelten berücksichtigt werden müssen und es zu einer großen Anzahl an möglichen Interaktionsarten kommen kann (Allard & Bradshaw, 1964).

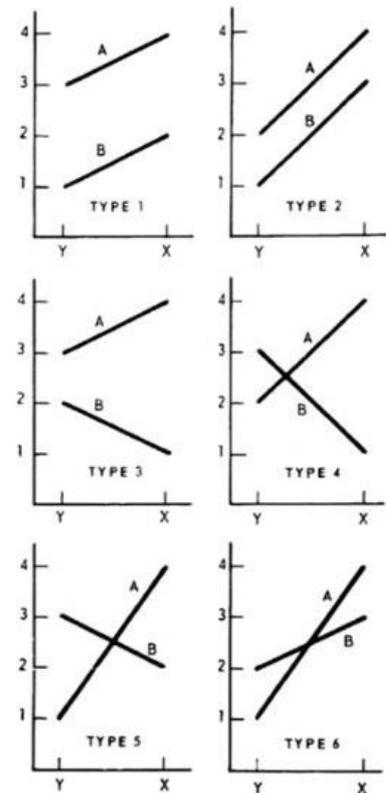


Abbildung 10: Verschiedene Typen einer Genotyp-Umwelt-Interaktion (Bildquelle: Allard & Bradshaw, 1964)

Einerseits werden GEI als ein Hindernis für die Verbesserung von Nutzpflanzen in einer Zielregion bezeichnet, weil diese Effekte zu instabilen Ernteerträgen führen und sich negativ auf das Einkommen der Landwirte auswirken. Andererseits können GEI neue Chancen bieten, insbesondere durch die Auswahl von Genotypen, die positive Wechselwirkungen mit dem Standort und den vorherrschenden Umweltbedingungen aufweisen (Annicchiarico, 2002).

### 2.5.1 Adaptation und Ertragsstabilität

Der Begriff Adaptation wird in der Pflanzenzüchtung als die Anpassungsfähigkeit eines Genotyps beschrieben, welcher in einer bestimmten Umwelt oder unter bestimmten Managementbedingungen hohe Erträge erzielen kann. Weiters kann zwischen Züchtung auf breite und spezifische Anpassung unterschieden werden. Die Züchtung auf breite Anpassung konzentriert sich auf Genotypen, die in fast allen Umwelten gut abschneiden, während die Züchtung auf spezifische Anpassung sich auf bestimmte Umwelten innerhalb einer Zielregion spezialisiert. Spezifisch angepasste Genotypen können gut auf vorherrschende Umweltbedingungen in einem bestimmten Gebiet reagieren, vorausgesetzt es kommt zu keinen starken jährlichen Schwankungen (Annicchiarico, 2002). Nur wiederholbare GEI, das bedeutet fixe, vorhersehbare Umwelteffekte sind für die Adaptationsanalyse und der Sortenempfehlung von

Bedeutung. Diese wiederholbaren Interaktionen können entweder durch den Anbau von spezifisch angepassten Genotypen ausgenutzt oder durch breit angepasste Genotypen minimiert werden. Die verbleibende GEI mit zufälligen Umwelteffekten soll in Hinblick auf die Ertragsstabilität berücksichtigt werden. Diese Interaktion mit dem Zeitfaktor kann nicht vollständig genutzt werden, weil die klimatischen Bedingungen jährlichen Schwankungen unterliegen (Annicchiarico, 2002).

Daher sind für die Erfassung der GEI bzw. für die Berechnung der Ertragsstabilität mehrortige und mehrjährige Sortenversuche notwendig. Des Weiteren werden verschiedene Stabilitätskonzepte und Stabilitätsparameter beschrieben, um die GEI zu analysieren.

### 2.5.2 Stabilitätskonzepte

Eine hohe Ertragsstabilität bezieht sich auf die Fähigkeit eines Genotyps konstant hohe oder niedrige Erträge über mehrere Umwelten zu erzielen (Annicchiarico, 2002). Unter dem Begriff der Ertragsstabilität wird auch die phänotypische Stabilität verwendet, während die genotypische Zusammensetzung der Sorten stabil bleibt (Becker & Leon, 1988).

Die meisten Stabilitätsmaße beziehen sich auf eines der zwei gegensätzlichen Stabilitätskonzepte, welche von Becker & Leon (1988) als statisches und dynamisches Stabilitätskonzept bezeichnet werden. Die phänotypische Stabilität gemäß dem statischen Konzept wurde von Römer (1917) durch die Umweltvarianz der Genotypen beschrieben und umfasst alle Abweichungen vom Genotyp-Mittel. Stabile Genotypen gemäß der Umweltvarianz reagieren nicht auf wechselnde Umweltbedingungen, wie beispielsweise ein verbessertes Nährstoffangebot (Piepho, 2005; Becker & Leon, 1988). So neigt ein stabiler Genotyp gemäß dem statischen Stabilitätskonzept dazu, konstante Erträge in verschiedenen Umwelten zu erzielen. Das statische Stabilitätskonzept eignet sich für die Erhaltung erwünschter Merkmale wie Qualitäts- oder Resistenzeigenschaften gegen Krankheiten (Becker & Leon, 1988). In Hinblick auf die Qualitätsmerkmale wird das statische Konzept von Robert & Denis (1996) auch als ökonomisches Konzept bezeichnet. Den Ertrag betreffend ist eine statisch stabile Sorte meist mit einem niedrigem Ertragsniveau verbunden, weshalb für die Messung der Ertragsstabilität das dynamische Konzept empfohlen wird, um gleichzeitig stabile und ertragreiche Genotypen zu finden (Becker & Leon, 1988). Ein stabiler Genotyp gemäß dem dynamischen Konzept erzielt eine Ertragsreaktion in jeder Umwelt, welche immer parallel zur mittleren Reaktion der getesteten Genotypen verläuft, also eine GEI von Null aufweist (Annicchiarico, 2002). Die Einstufung von Genotypen nach ihrer Ertragsstabilität kann je nach Stabilitätskonzept große Unterschiede aufweisen (Annicchiarico, 2002). So kann beispielsweise ein Genotyp gemäß dem statischen Stabilitätskonzept als stabil, aber nach dem dynamischen Stabilitätskonzept als instabil bewertet werden. Die Herausforderung einer einheitlichen Schlussfolgerung liegt darin, dass die Reaktion eines Genotyps auf die Umwelt multivariat ist und der parametrische Ansatz

eine univariate Stabilitätsanalyse durchführt. Als Alternative zu den parametrischen Stabilitätsstatistiken kann ein nicht-parametrischer Ansatz durch die Gruppierung von Genotypen nach ihrer Reaktionsmuster auf eine Reihe von Umwelten zum Einsatz kommen (Lin et al., 1986).

### **2.5.3 Stabilitätsparameter**

#### ***Varianzanalyse und Ökovalenz***

Mittels Varianzanalyse kann die Variabilität zwischen den Umwelten und Genotypen bewertet werden. Die Varianzanalyse kann auch für die Analyse von Adaptationen oder für die Bewertung der Ertragsstabilität herangezogen werden (Annicchiarico, 2002). Die Modelle der Varianzanalyse unterscheiden sich in der Anzahl und Art der Faktoren, sowie der Beziehung zwischen den Faktoren (Genotyp, Umwelt, Block innerhalb der Umwelt). Ein weiteres Unterscheidungskriterium ergibt sich aus der Definition der einzelnen Faktoren als zufällig oder fix. Der Genotyp-Faktor wird als fix bezeichnet, wenn der Schwerpunkt auf dem Vergleich von Genotypen für Sortenempfehlungen liegt (Annicchiarico, 2002). Bei dieser Modellwahl werden die adjustierten Mittelwerte (*Best Linear Unbiased Estimators*, BLUEs) geschätzt, was der Methode der gewichteten kleinsten Quadrate entspricht (Piepho, 2005). Der Umwelt-Faktor wird als zufällig bezeichnet, wenn das Ziel der Analyse in der Schätzung von Varianzkomponenten, also die Schwankung der Leistung über verschiedene Umwelten, liegt (Piepho, 2005; Annicchiarico, 2002).

Ein weiteres Stabilitätsmaß stellt die Ökovalenz nach Wricke (1962, 1964) dar. Diese berücksichtigt das Ertragspotenzial der Umwelten und zählt zum dynamischen Stabilitätskonzept (Becker & Leon, 1988). Die Ökovalenz wird als Summe der Quadrate der Interaktionen eines Genotyps bezeichnet (Piepho, 2005). Dieses relative Stabilitätsmaß dient dem Vergleich einer bestimmten Gruppe von Genotypen innerhalb einer Versuchsserie (Lin et al., 1986). Laut diesem Stabilitätsmaß besitzt ein stabiler Genotyp eine hohe Ökovalenz bei gleichzeitig niedrigen Werten (Becker & Leon, 1988). Die Ökovalenz berücksichtigt jedoch nicht die unterschiedlichen Reaktionen der Genotypen auf die Umwelten (Piepho, 2005).

#### ***Regressionsanalyse***

Der Regressionsansatz stellt ein weiteres Stabilitätsmaß dar, mit dem zusätzlich zur Ökovalenz die Umweltreaktion mittels einer Regression berechnet wird (Piepho, 2005). Die Regression dient zur Identifizierung spezifischer Genotypen, die entweder an ertragsarme oder ertragsstarke Umwelten angepasst sind (Becker & Leon, 1988). So zeigen Extensivsorten geringere Reaktionen auf verbesserte Umweltbedingungen und sind zudem an ertragsarme Umwelten angepasst, während Intensivsorten sehr stark auf ein verbessertes Nährstoffangebot reagieren können (Haufe & Geidel, 1978). Dabei ergeben sich

zwei statistische Parameter,  $s_d^2$  (Varianz der Abweichung von der Regression) und  $b$  (Steigung der Regression bzw. Regressionskoeffizient), um einen Genotyp zu charakterisieren (Piepho, 2005). In dieser Analyse wird der Regressionskoeffizient  $b$  nach Finlay & Wilkinson (1963) als Stabilitätsparameter für die Bewertung der Genotypen herangezogen. Ein weiteres Stabilitätsmaß ist die Varianz der Abweichung ( $s_d^2$ ) (Piepho, 2005; Lin et al., 1986; Eberhart & Russell, 1966).

Je nach Sichtweise kann ein Genotyp mit  $b = 0$  nach dem statischen Konzept oder  $b = 1$  nach dem dynamischen Konzept als stabil betrachtet werden (Piepho, 2005; Becker & Leon, 1988). So zeigt ein Regressionskoeffizient von  $b = 1$  ein durchschnittliches Verhalten eines Genotyps an und ermöglicht die Einteilung der Werte in  $b < 1$  oder  $b > 1$ . Für die Ertragsstabilität bzw. Ertragssicherheit soll die Varianz der Abweichung  $s_d^2$  niedrig sein und annähernd bei 0 liegen. Aufgrund dieser Einteilung der Regressionsparameter ergeben sich im Wesentlichen vier Sortentypen (Abbildung 11). Demnach werden Sorten mit niedrigen Werten von  $b$  und  $s_d^2$  als ertragstreue Extensivsorten bezeichnet. Intensivsorten besitzen ein hohes  $b$  und werden bei niedrigen  $s_d^2$  als ertragstreu angesehen. Sorten mit einem hohem  $s_d^2$  werden als ertragsinstabil eingestuft, jedoch können spezifische Sortentypen (Lokalsorten) gefunden werden, die unter bestimmten Umweltbedingungen gute Ertragsleistungen erzielen (Haufe & Geidel, 1978).

Die Varianz der Abweichung ( $s_d^2$ ) und die Ökovalenz liefern ähnliche Informationen der Stabilitätsanalyse, zusätzlich lässt die Regressionsanalyse die Interpretation des Regressionskoeffizienten  $b$  zu. Die Regressionsanalyse sollte lediglich für die Schätzung und Interpretation von  $b$  herangezogen werden, andernfalls ist die Ökovalenz als Stabilitätsparameter für die Interpretation von GEI vorzuziehen (Becker & Leon, 1988).

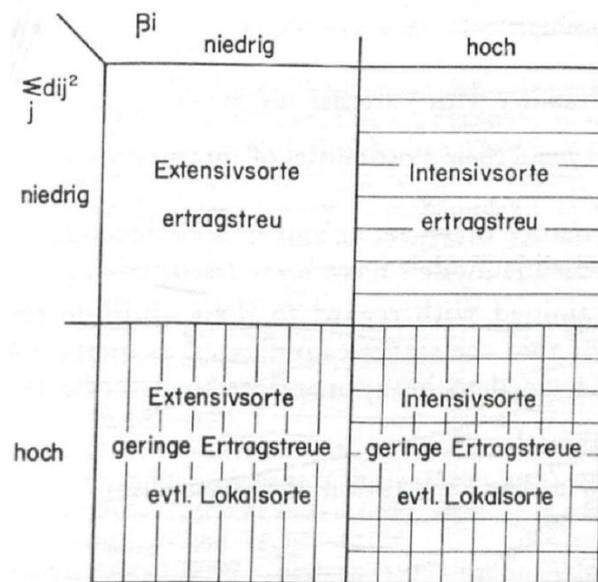


Abbildung 11: Interpretation der Sorten nach ihrer Ertragsstabilität aufgrund der Regressionsparameter  $\sigma_d^2$  und  $b$  (Bildquelle: Haufe & Geidel, 1978).

Die Stabilitätsparameter „*Site highest yield*“ und „*Superiority Index*“ berücksichtigen im Vergleich zu den zuvor erläuterten Stabilitätsparametern auch das Ertragsniveau der Genotypen.

### ***Site highest yield (SHY)***

Der *Site highest yield* (SHY) Index zur Messung der Ertragsstabilität resultiert aus den relativen Erträgen zum ertragsstärksten Genotyp in jeder Umwelt, gemittelt über alle Umwelten. Der SHY Index bewegt sich immer auf einer Skala bis 100%, weil der Höchstertrag von keinem Genotyp übertroffen werden kann (Jensen, 1976).

### ***Superiority Index***

Der *Superiority Index* nach Lin & Binns (1988) wird durch die mittlere quadratische Abweichung zwischen dem absoluten Ertrag des jeweiligen Genotyps und dem Maximalertrag in jeder Umwelt berechnet. Der *Superiority Index* berücksichtigt neben der Ertragsstabilität auch die absolute Ertragsleistung. Im Gegensatz zu den meisten anderen Stabilitätsmaßen misst der *Superiority Index* nur einen Parameter  $P_i$ , welcher für die Bewertung und Selektion von Sorten herangezogen wird. Dabei gilt: Je kleiner der Wert für  $P_i$ , desto stabiler und ertragreicher der Genotyp (Lin & Binns, 1988).

Zusätzlich zu den univariaten Stabilitätsstatistiken werden für die Analyse der GEI multivariate Analysen verwendet (Becker & Leon, 1988). In der Folge werden die beiden am häufigsten verwendeten Methoden AMMI und GGE beschrieben.

### **Multivariate Analysen**

Das *Additive Main Effects and Multiplicative Interaction* (AMMI) Modell und das *Sites Regression* (SREG) Modell bzw. GGE (*Genotype Main Effects and Genotype  $\times$  Environment Interaction*) gehören derzeit zu den wichtigsten statistischen Methoden zur Analyse von Ertragsversuchsdaten. Die Visualisierung von Ertragsversuchsdaten ermöglicht eine genauere Betrachtung der GEI, sowie die Identifizierung der besten Genotypen und die Gruppierung von Umwelten in sogenannte Mega-Umwelten. Diese gewonnenen Erkenntnisse verbessern den Selektionserfolg sowie die Sortenempfehlung und beschleunigen den Züchtungsprozess (Gauch, 2006).

AMMI und GGE kombinieren eine Varianzanalyse, gefolgt von einer Hauptkomponentenanalyse (Gauch, 2006) und visualisieren die mittlere Leistung und Stabilität eines jeden Genotyps (Yan et al., 2007). Bei einem zweifaktoriellen Modell unterteilt die Varianzanalyse die Variation in Genotyp Haupteffekt, Umwelt Haupteffekt und Genotyp-Umwelt-Interaktion. Bei Ertragsversuchen ist häufig der Umwelteffekt am größten, gefolgt von den Interaktionseffekten und dem Genotyp Haupteffekt (Gauch, 2006). Für die Sortenempfehlung sind jedoch nur die Effekte von Genotyp und GEI relevant (Yan, 2001). Bei der Hauptkomponentenanalyse werden die Interaktionen durch eine Summe von multiplikativen Termen modelliert (Piepho, 2005). Dabei umfassen die ersten beiden Hauptkomponenten den Großteil der ursprünglichen Gesamtvariation und bieten eine niedrigdimensionale Darstellung der Daten (Gauch, 2006). Die Koeffizienten für die Genotypen und Umwelten werden als Vektoren im zweidimensionalen Raum als sogenannter Biplot dargestellt. Im Biplot können spezifische Adaptationen erkannt werden. Genotypen nahe dem Ursprung zeigen geringere GEI als solche die weiter entfernt liegen (Piepho, 2005; Burgueño et al., 2001). Ein Winkel kleiner als  $90^\circ$ , oder größer als  $270^\circ$  zwischen einem Vektor zeigt an, dass der Genotyp eine positive Reaktion an diesem Standort hatte. Eine negative Reaktion des Genotyps wird angezeigt, wenn der Winkel zwischen  $90^\circ$  und  $270^\circ$  liegt. So zeigt ein Winkel zwischen zwei Standorten oder Genotypen von Null eine Korrelation von +1, ein Winkel von  $90^\circ$  eine Korrelation von 0 und ein Winkel von  $180^\circ$  eine Korrelation von -1 (Burgueño et al., 2001).

Das AMMI Modell unterteilt die Gesamtvariation in Genotyp Haupteffekt, Umwelt Haupteffekte sowie GEI und ermöglicht eine niedrigdimensionale Visualisierung von GEI nach dem Prinzip der kleinsten Quadrate (Gauch, 2006). Im Gegensatz dazu kombiniert der GGE Biplot den Genotyp Effekt und GEI und erklärt die Variation von Genotyp und GEI zu einem höheren Prozentsatz (Yan et al., 2007). Genotyp und GEI sind mathematische Definitionen der Gesamtvarianz und sollen für die Sortenbewertung gemeinsam

betrachtet werden (Yan et al., 2007). Gauch (2006) argumentierte, dass AMMI anderen Methoden überlegen ist, weil es Genotyp und GEI voneinander trennt und Genotyp und GEI verschiedene Auswirkungen auf die Anpassungsfähigkeit von Sorten haben. So repräsentiert der Genotyp Effekt eine breite Anpassung und GEI eine spezifische Anpassung (Yan et al., 2007; Gauch, 2006).

Zusätzlich zum AMMI Modell werden beim SREG Modell die Umwelten in zwei bis drei Mega-Umwelten unterteilt und innerhalb dieser die Genotypen selektiert, um die GEI gezielt zu nutzen (Yan, 2016). Daher zeigt der GGE Biplot neben der mittleren Leistung und Stabilität eines Genotyps auch die relative Leistung eines jeden Genotyps in jeder Umwelt (Yan et al., 2007). Für die Darstellung der Mega-Umwelten werden ein unregelmäßiges Polygon um die am weitesten vom Biplot-Ursprung entfernten Genotypen erfasst. Senkrechte Linien zu den Polygonseiten unterteilen den Biplot in Sektoren, wobei jeder Sektor seinen eigenen besten Genotypen beinhaltet (Yan et al., 2007). Die Definition von Mega-Umwelten kann auf geographischer Basis sowie durch klimatische Faktoren oder Bewirtschaftungssysteme erfolgen (Annicchiarico, 2002). Beim SREG Modell bestimmen Genotyp und GEI gleichzeitig die Analyse der Mega-Umwelt (Gauch, 2006). Ein rechter Winkel zwischen den Mega-Umwelten zeigt keine genetische Korrelation, was bedeutet, dass die besten oder schlechtesten Genotypen in einer Mega-Umwelt sich stark von denen in der anderen Mega-Umwelt unterscheiden (*cross-over interaction*) (Yan, 2016). Wenn eine Umwelt nahe dem Biplot-Ursprung fällt, also einen sehr kurzen Vektor aufweist, bedeutet dies, dass diese Umwelt wenig bis keine Unterschiede zwischen den Genotypen zeigt und sich alle Genotypen innerhalb dieser Umwelt ähnlich verhalten. Umwelten mit langen Vektoren und einem engen Winkel eignen sich gut für die Identifikation der besten Genotypen (Yan et al., 2007).

### 3 MATERIAL UND METHODEN

#### 3.1 Pflanzenmaterial

Das Pflanzenmaterial wurde im Rahmen des Projektes RYE-SUS von den beteiligten Projektpartnern zur Verfügung gestellt. RYE-SUS ist ein Verbund von elf europäischen und kanadischen Forschungsinstitutionen und Pflanzenzuchtunternehmen und wurde im Rahmen der ERA-NET Cofund SusCrop realisiert. Es handelt sich um 24 Roggensorten, darunter 15 Populationssorten, 4 Hybridsorten, 3 alte Landsorten und 2 aktuelle Zuchtstämme. In Tabelle 2 ist eine Übersicht der verwendeten Roggensorten, dem Erstzulassungsjahr und der Herkunft der jeweiligen Sorte aufgelistet.

Tabelle 2: Verwendete Roggensorten und deren Beschreibung

Sortenname	Abkürzung	Zulassungsjahr	Sortentyp <sup>1</sup>	Herkunft
AC Rifle	ACR	1994	POP	Kanada
Breed H3	H3	-	ZS	Estland
Breed H6	H6	-	ZS	Estland
Norddeutscher Champagner	NCH	1898	LS	Deutschland
Dankowskie Diament	DMT	2005	POP	Polen
Dankowskie Hadron	HAD	2016	POP	Polen
Dankowskie Opal	OPL	2013	POP	Polen
Dankowskie Rubin	RUB	2013	POP	Polen
Dankowskie Skand	SKD	2017	POP	Polen
Dankowskie Turkus	TKS	2016	POP	Polen
Elego	ELG	2009	POP	Österreich
Elias	ELS	2013	POP	Österreich
Elvi	ELV	1993	POP	Estland
Hazlet	HAZ	2006	POP	Kanada
Lungauer Tauern	TAU	1924	LS	Österreich
Reetta	REE	2009	POP	Finnland
Sangaste	SAN	1876	LS	Estland
SU Cossani	COS	2014	HYB	Deutschland
SU Forsetti	FOR	2013	HYB	Deutschland
SU Performer	PER	2012	HYB	Deutschland
SU Popidol	POP	2018	POP	Deutschland
Tulvi	TUL	1986	POP	Estland
Tur	TF1	2013	HYB	Polen
Vambo	VAM	1973	POP	Estland

<sup>1</sup> POP, Populationssorte; HYB, Hybridsorte; LS, Landsorte (Erhaltungssorte); ZS, Zuchtstamm

Sorten aus EU-Ländern werden über den Gemeinsamen Sortenkatalog innerhalb der EU vermarktet (European Commission, 2021). 'Breed H3' und 'Breed H6' sind aktuelle Zuchtstämme aus Estland, die noch nicht zugelassen sind.

'AC Rifle' und 'Hazlet' wurden in Kanada von Agriculture and Agri-Food Canada gezüchtet. 'AC Rifle' ist der erste Halbzwegroggen, der an die Böden der kanadischen Prärien angepasst ist und weist eine durchschnittliche Reduktion der Wuchshöhe von 30% mit einer verbesserten Standfestigkeit im Vergleich zu konventionellen Sorten auf (McLeod & Payne, 1996). 'Hazlet' ist ebenfalls eine kanadische Sorte und erzielt im Gegensatz zu 'AC Rifle' höhere Wuchshöhen und Erträge (McLeod & Gan, 2008). 'AC Rifle' und 'Hazlet' zeichnen sich vor allem durch die extreme Winterfestigkeit von bis zu -30°C aus (McLeod & Payne, 1996; McLeod & Gan, 2008).

Unter den modernen Hybrid- und Populationssorten befinden sich auch alte Landsorten wie 'Norddeutscher Champagner' aus Deutschland, 'Sangaste' aus Estland und 'Lungauer Tauern' aus Österreich, welche auch als Erhaltungssorten bezeichnet werden. 'Lungauer Tauern' ist gut an eine alpine Umwelt angepasst und besitzt eine gute Winterfestigkeit und Resistenz gegen Schneeschimmel und Schwarzrost (Stockhammer, 2007).

Die Sorte 'Elias' ist ein Populationsroggen mit früher Reifezeit (Gelbreife), sehr guter Fallzahlstabilität (Note 6) sowie hohem Tausendkorngewicht und Hektolitergewicht (Note 5) und einer geringen Anfälligkeit gegen Mutterkorn (Note 3). Der Populationsroggen 'Elego' besitzt eine mittlere Reifezeit (Gelbreife) mit hohem Ertragspotenzial, eine gute Krankheitstoleranz und eine verbesserte Fallzahlstabilität (Note 5) (Saatzucht Edelhof, 2021; AGES, 2020).

'SU Performer', 'SU Forsetti' und 'SU Cossani' sind mittelkurze, gut standfeste Hybridsorten mit hohen und stabilen Erträgen der Hybro Saatzucht GmbH & CoKG (Hybro Saatzucht, 2021; Saaten-Union, 2021).

### 3.2 Standorte

Der Sortenversuch umfasste 12 Standorte, darunter 6 in Deutschland, 2 in Österreich, 2 in Polen und jeweils einer in Estland und Kanada. Die Versuchsflächen wurden mit drei unterschiedlichen Managementsystemen (biologisch=0, „Low-input“=1 und „High-input“=2) bewirtschaftet (Tabelle 3). Das Management der Stufen 1 und 2 umfasste eine standortangepasste Düngung sowie den Einsatz eines Herbizides, wobei der Sortenversuch der Stufe 2 zusätzlich mit einem Fungizid und einem Wachstumsregulator behandelt wurde. Aus der Kombination Standort × Management ergaben sich 24 Umwelten. Die beiden Versuche in Lethbridge (Kanada) wurden unabsichtlich mit dem gleichen Management (Stufe 1) bewirtschaftet. In der statistischen Auswertung wurden die beiden Versuche dennoch getrennt verrechnet.

Der Roggensortenversuch wurde auf jeder Versuchsfläche als Blockanlage in zweifacher Wiederholung angelegt. Die Parzellengröße der Versuchsanlagen variierte je nach Standort von 3,45 bis 7 m<sup>2</sup>.

Tabelle 3: Beschreibung der Versuchsstandorte des RYE-SUS Sortenversuches

Standort (Abkürzung)	Land	Management <sup>1</sup>	Partner
Bornhof bei Ankershagen (BF)	Deutschland	1, 2	Hybro Saatzucht
Cicibor (CI)	Polen	1, 2	Hybro Saatzucht
Edelhof bei Zwettl (EH)	Österreich	1	Saatzucht Edelhof
Groß Lüsewitz (GL)	Deutschland	0, 2	Julius Kühn-Institut
Grünseiboldsdorf bei Moosburg (BY)	Deutschland	1, 2	Hybro Saatzucht
Jõgeva (JG)	Estland	0, 1, 2	Estonian Crop Research Institute
Kleptow (KL)	Deutschland	1, 2	Hybro Saatzucht
Koscian (KO)	Polen	1, 2	Danko Plant Breeders
Langenstein bei Halberstadt (BH)	Deutschland	1, 2	Hybro Saatzucht
Lethbridge (LE, LB)	Kanada	1, 1	Agriculture and Agri-Food Canada
Pysdorf bei Raasdorf (RA)	Österreich	0, 1	Universität für Bodenkultur, Wien
Wulfstode bei Amelinghausen (WU)	Deutschland	1, 2	Hybro Saatzucht

<sup>1</sup>Stufe 0, biologisch bewirtschaftet; Stufe 1, standortangepasste Düngung und Herbizid; Stufe 2, standortangepasste Düngung und Einsatz von Herbizid, Fungizid und Wachstumsregulator

### 3.2.1 Boden

Der Standort Raasdorf (AT) liegt auf einer Seehöhe von 154 m. Das Ausgangsmaterial besteht aus kalkhaltigen Feinsedimenten über Schotter. Der Bodentyp ist ein Tschernosem, der sich durch einen hohen Kalkgehalt mit trockenen Wasserverhältnissen auszeichnet (BFW). Der Standort Edelfhof bei Zwettl (AT) liegt auf einer Seehöhe von 570 m. Das Ausgangsmaterial besteht aus kalkfreier Felsbraunerde aus Granit. Die Bodenverhältnisse sind stark sauer bis sauer, mäßig trocken mit einer geringen Speicherkraft und hohen Durchlässigkeit (BFW).

Die Bodenart am Standort Groß Lüsewitz (DE) wird als mittel- bis tiefgründig, lehmig-sandig bis lehmig-schluffig mit meist kalkhaltigem Untergrund beschrieben (Parabraunerde bzw. Fahlerde). Die Bodenart am Standort Bornhof (DE) wird als mittel- bis tiefgründig aus nährstoffreichen Sanden beschrieben (Braunerde bzw. Bänderparabraunerde). Die Bodenart am Standort Kleptow (DE) wird als mittelgründig, lehmig-sandig aus Geschiebelehm bzw. Geschiebemergel mit sandiger Deckschicht beschrieben (Fahlerde, Bänderparabraunerde bzw. Braunerde). Die Bodenart am Standort Wulfstode (DE) wird als mittel- bis tiefgründig, aus trockenen, nährstoffarmen Sanden beschrieben (Braunerde-Podsol bzw. Podsol-Braunerde). Die Bodenart am Standort Langenstein (DE) wird als mittel- bis tiefgründig, lehmig-sandig aus sandvermischem Löss oder Lösslehm beschrieben (Braunerde, Parabraunerde bzw. Fahlerde). Die Bodenart am Standort Grünseiboldsdorf (DE) wird als mittel- bis tiefgründig, aus Löss oder Lösslehm über verschiedenen Gesteinen beschrieben (Parabraunerde, Fahlerde bzw. Pseudogley) (BGR, 2021).

Die Bodenart am Standort Cicibor (PL) ist ein nicht kalkhaltiger, sandig-lehmiger und humusarmer Boden (Luvisol). Der Bodentyp am Standort Koscian (PL) ist ein vom Grundwasser gesättigter Gley. Milde, feuchte Witterungsbedingungen am Standort Jögeva (EE) begünstigen eine intensive chemische und biologische Verwitterung, somit kommen Bodentypen wie ein kalkhaltiger Luvisol (Parabraunerde) oder Gley häufig vor (Jones et al., 2005). Der Standort Lethbridge (CA) liegt auf einer Seehöhe von 910 m. Der Bodentyp ist ein dunkelbrauner Tschernosem mit einer tonigen bis lehmigen Textur (An et al., 2020).

### 3.2.2 Klima

Aus den Wetterdaten der NASA (2021) wurden für die einzelnen Monate Niederschlagssummen und arithmetische Mittelwerte für die Temperatur berechnet. Die entsprechenden Klimadiagramme nach Walter/Lieth wurden mit der Statistiksoftware SAS® 9.4 (SAS Institute, Inc., Cary, NC) erstellt.

In den Abbildungen 12 und 13 sind die monatlichen Niederschlagsmengen und die mittleren sowie minimalen und maximalen Temperaturwerte der 12 Versuchsstandorte für den Versuchszeitraum von September 2019 bis August 2020 in Form von Klimadiagrammen nach Walter & Lieth (1967) dargestellt. Die in den meisten Monaten unterhalb des Niederschlags liegende Temperaturkurve sorgte für ausreichend pflanzenverfügbares Wasser. Es fällt auf, dass der Monat April an den meisten Versuchsstandorten sehr trocken und deshalb die Verdunstung höher als der Niederschlag war. Der kanadische Versuchsstandort Lethbridge verzeichnete als einziger Versuchsstandort sehr trockene Sommermonate, wo die Temperaturkurve den Niederschlag übersteigt.

Das Klima in Lethbridge (CA) ist semiarid bei einem mittleren jährlichen Niederschlag von 381 mm und einer mittleren jährlichen Lufttemperatur von 6,6°C - im langjährigen Durchschnitt von 1988 bis 2017 (An et al., 2020).

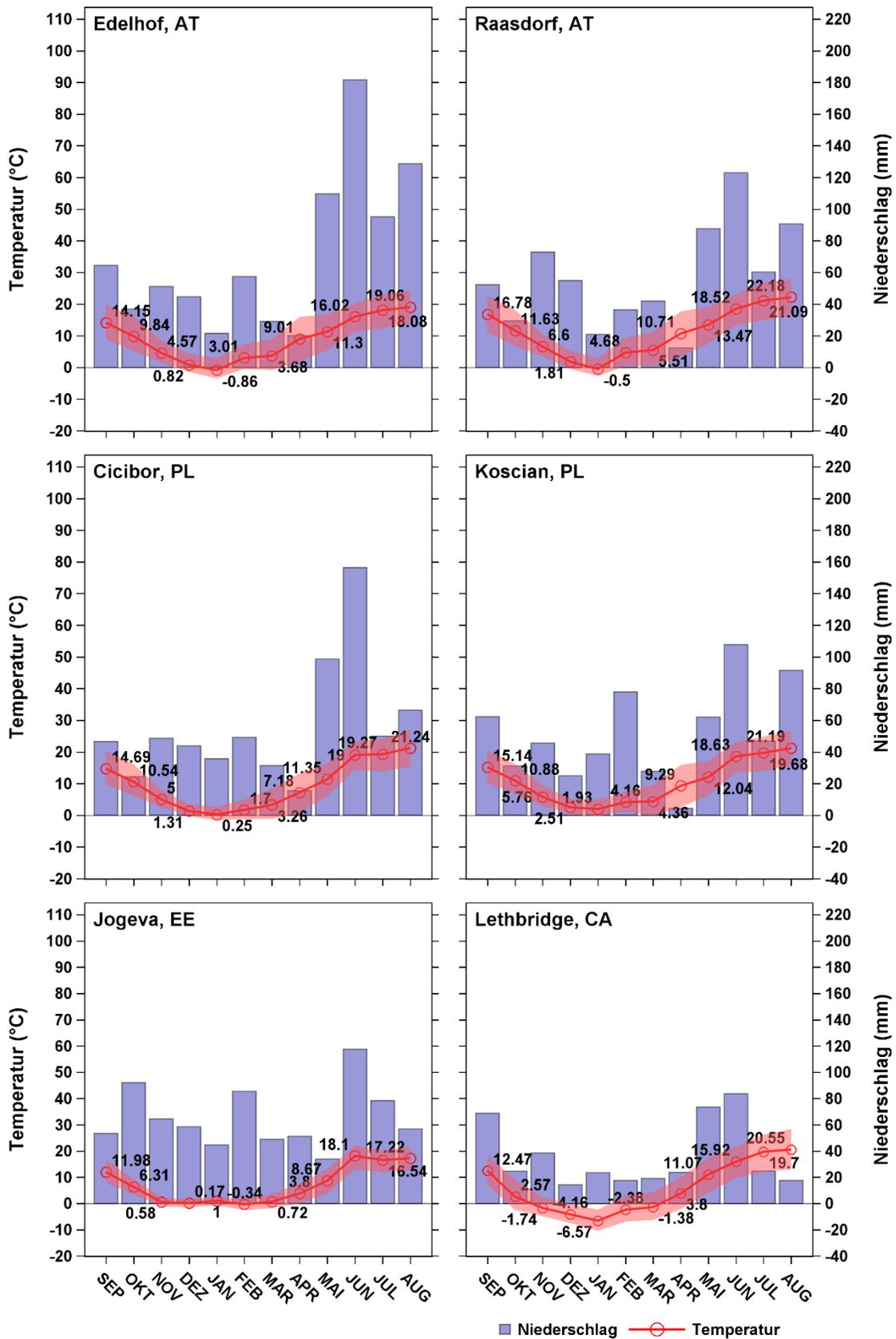


Abbildung 12: Klimadiagramm nach Walter-Lieth für den Versuchszeitraum September 2019 bis August 2020 der Standorte Edelhof, Raasdorf, Cicibor, Koscian, Jögeva und Lethbridge. Dargestellt sind Monatsmittelwerte für Temperatur (°C) in 2 m Höhe und die monatliche Niederschlagssumme (mm) (Datenquelle: NASA)

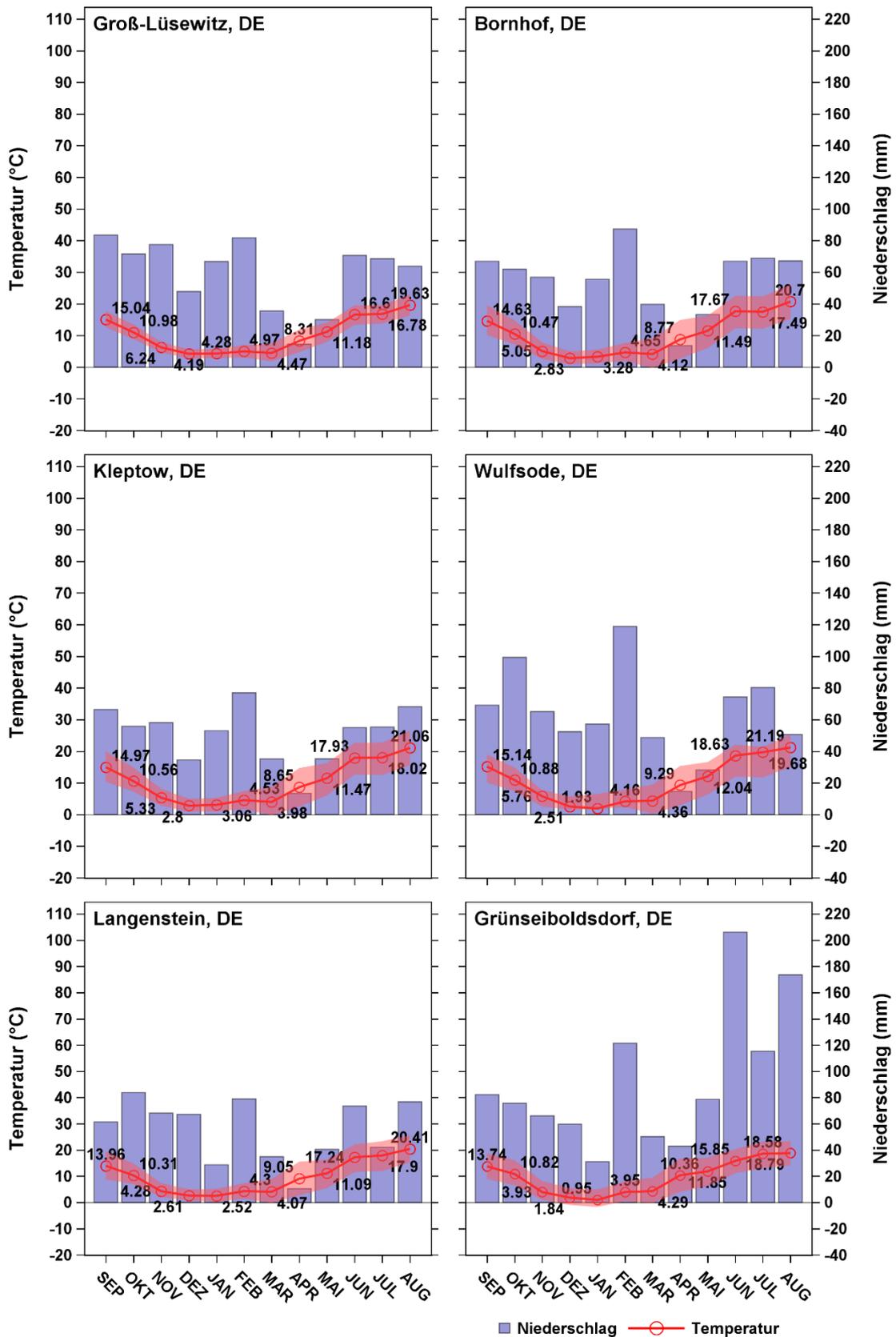


Abbildung 13: Klimadiagramm nach Walter-Lieth für den Versuchszeitraum September 2019 bis August 2020 der deutschen Standorte Groß-Lüsewitz, Bornhof, Kleptow, Wulfstode, Langenstein und Grünseiboldsdorf. Dargestellt sind Monatsmittelwerte für Temperatur (°C) in 2 m Höhe und die monatliche Niederschlagssumme (mm) (Datenquelle: NASA)

### 3.3 Kulturführung

#### **Aussaat**

Die Aussaat erfolgte im Zeitraum von Anfang September (Estland) bis Mitte Oktober (Edelhof). Von den ausländischen Versuchsstandorten ist kein exakter Aussaattermin bekannt. In Österreich wurde der Sortenversuch am Standort Raasdorf am 30. September 2019 auf der konventionell und der biologisch bewirtschafteten Fläche der Versuchswirtschaft der Universität für Bodenkultur Wien, sowie am 18. Oktober 2019 auf den Versuchsflächen der Saatzucht Edelhof in Zwettl angebaut.

#### **Düngung**

Am konventionellen Standort in Raasdorf erfolgte am 16. April eine Düngung mit 200 kg ha<sup>-1</sup> Kalkammonsalpeter (NAC 27 N; 54 kg Reinstickstoff). Am Standort Edelhof erfolgte die erste Stickstoffgabe am 10. März 2020 mit 200 kg ha<sup>-1</sup> Kalkammonsalpeter (NAC 27 N; 54 kg Reinstickstoff), sowie eine zweite Stickstoffgabe am 28. April 2020 mit 150 kg ha<sup>-1</sup> (NAC 27 N; 41 kg Reinstickstoff).

#### **Pflegemaßnahmen**

Am biologischen Standort in Raasdorf erfolgte am 21. April 2020 eine mechanische Unkrautbekämpfung mittels Striegel. Am konventionellen Standort in Raasdorf wurde am 21. April 2020 mit dem Herbizid Express SX (30 g ha<sup>-1</sup>; Wirkstoff Tribenuron) eine Unkrautspritzung durchgeführt.

Am Standort Edelhof wurde am 7. April 2020 mit dem Herbizid Broadway (120 g ha<sup>-1</sup>; Wirkstoff: Pyroxulam, Florasulam), Atlantis OD (0,5 L ha<sup>-1</sup>; Wirkstoff: Mesosulfuron, Iodosulfuron) und Pixxaro (0,25 L ha<sup>-1</sup>; Wirkstoff: Halauxifen-methyl, Fluroxypyr) eine Unkrautspritzung durchgeführt.

Die Kulturführung erfolgte nach drei unterschiedlichen Managementstufen. An den drei Versuchsstandorten Groß Lüsewitz (DE), Jögeva (EE) und Raasdorf (AT) wurde der Sortenversuch biologisch bewirtschaftet. An den elf Versuchsstandorten Bornhof (DE), Cicibor (PL), Edelhof (AT), Grüneiboldsdorf (DE), Jögeva (EE), Kleptow (DE), Koscian (PL), Langenstein (DE), Lethbridge (CA), Raasdorf (AT) und Wulfsode (DE) wurde der Sortenversuch konventionell unter „Low-input“-Bedingungen und an den neun Versuchsstandorten Bornhof (DE), Cicibor (PL), Groß Lüsewitz (DE), Grüneiboldsdorf (DE), Jögeva (EE), Kleptow (DE), Koscian (PL), Langenstein (DE) und Wulfsode (DE) unter „High-input“-Bedingungen bewirtschaftet (Tabelle 3).

#### **Ernte**

Die Ernte erfolgte im Zeitraum von Mitte Juli (Raasdorf) bis Mitte/Ende August (Estland). Von den ausländischen Versuchsstandorten ist kein exakter Erntetermin bekannt. In Österreich erfolgte die Ernte am Standort Raasdorf am 14. Juli 2020 und am Standort Edelhof am 11. August 2020.

### 3.4 Hauptmerkmale

Die Verrechnung der erhobenen agronomischen und qualitativen Merkmale erfolgte auf nationaler und internationaler Ebene im Rahmen des RYE-SUS Projektes. Die Daten zu den Merkmalen Ertrag, Wuchshöhe, Lagerbonitur, Tausendkornmasse und Hektolitergewicht der internationalen Versuchsstandorte wurde von den beteiligten Projektpartnern erhoben und für die vorliegende Arbeit zur Verfügung gestellt. Aus den angegebenen Parzellenerträgen wurde der Kornertrag in dt ha<sup>-1</sup> berechnet und für die weitere statistische Auswertung verwendet. Eine Übersichtstabelle der erhobenen Merkmale ist im Anhang ersichtlich (Tabelle A1).

### 3.5 Qualitätsanalysen

Die Qualitätsanalysen zu Protein, Feuchtigkeit, Stärke sowie Hektolitergewicht, Tausendkornmasse und Fallzahl der österreichischen Proben wurden in der Saatzucht Edelfhof durchgeführt. Die Stärkeverkleisterung der Roggenmehle wurde im Labor des Departments für Lebensmittelwissenschaften und Lebensmitteltechnologie der Universität für Bodenkultur bestimmt.

Vom Versuchsstandort Edelfhof wurde nur eine Wiederholung für die Messung der qualitativen Merkmale verwendet. Die Daten zum Proteingehalt und WAX-Gehalt wurden vom Julius Kühn-Institut erhoben und für die statistische Auswertung zur Verfügung gestellt. Bei der Messung der WAX wurde vom konventionellen und biologischen Standort Raasdorf jeweils eine Mischprobe der beiden Wiederholungen verwendet.

#### 3.5.1 Protein, Stärke

Der Gehalt an Protein, Stärke und Feuchtigkeit wurde mittels Nah-Infrarot-Transmissions-Spektroskopie (NITS) bestimmt. Dazu wurde ein Foss Infratec 1241 (Foss, Hilleroed, Dänemark) verwendet. Das Gerät ist in das NIT-NET-SYSTEM der Raiffeisen Ware Austria AG (RWA), Labor Korneuburg, eingegliedert. Die Proben zu je 250 g wurden als ganze Körner in den Trichter des Infratec 1241 gegeben (Abbildung 14). Die Messung erfolgte in einem Wellenlängenbereich von 570 bis 1050 nm. Für jede Probe wurden zehn Teilproben gescannt (Pettersson & Åberg, 2003). Die Daten wurden anhand der geräteeigenen Software und der entsprechenden Kalibration in der Saatzucht Edelfhof ausgewertet.



Abbildung 14: Nah-Infrarot-Transmissions-Spektroskopie (NITS) Foss Infratec Typ 1241

### 3.5.2 Wasserlösliche Arabinoxylane (WAX)

Die NIRS-Daten zu WAX und Protein (PROT) der Versuchsstandorte Groß Lüsewitz, Kleptow, Wulfsode, Jögeva, Edelhof und Raasdorf wurden vom Julius Kühn-Institut (JKI) für die vorliegende Arbeit zur Verfügung gestellt. Dazu wurde ein FT-NIR Multi Purpose Analyzer (Bruker, Billerica, MA) mit unterschiedlichen Küvetten verwendet. Die Auswertung erfolgte über die OPUS-Spektroskopie-Software der Firma Bruker. Die Kalibration erfolgte auf Grundlage nasschemischer Analysen von WAX und Protein mit unabhängigen Proben.

### 3.5.3 Hektolitergewicht, Tausendkornmasse

Das Hektolitergewicht (HLG) wurde mit einem Messzylinder (Saatzucht Edelhof) bestimmt. Mit dem Messzylinder wird das  $\frac{1}{4}$  L Gewicht festgestellt, weshalb eine Umrechnung auf das HLG notwendig ist.

Die Ermittlung der Tausendkornmasse (TKM) erfolgte mit dem Körnerzählgerät Contador. Es wurden 500 Körner gezählt, anschließend gewogen und aus den Daten die TKM berechnet (Abbildung 15).



Abbildung 15: Messung der Hektolitergewichtes und der Tausenkornmasse: (i) Messzylinder Hektolitergewicht, (ii) Messung  $\frac{1}{4}$  L Gewicht, (iii) Körnerzählgerät Contador (v.l.n.r.)

### 3.5.4 Fallzahl

Die Bestimmung der Fallzahl nach Hagberg wurde gemäß ICC Standard Methode 107/1 durchgeführt. Die Proben wurden zu je 100 g mit der Labormühle Typ 3100 vermahlen. Zur Ermittlung der Masse wurde die Präzisionswaage Kern 440 35N verwendet. Für die Messungen wurden 25 mL destilliertes Wasser und 7 g Probe in den Viskometer-Röhren mit einem automatischen Schüttler gut durchmischt und zur Messung in das Fallzahlgerät gestellt. Mit einem Rührstab wurde die Viskosität (Sinkgeschwindigkeit in Sekunden einschließlich der Rührzeit von 60 s) der Mehl-Wasser-Suspension gemessen (Abbildung 16).



Abbildung 16: Messung der Fallzahl: (i) Labormühle Typ 3100, (ii) vermahlene Roggenprobe, (iii) Gerät zur Bestimmung der Fallzahl nach Hagberg (v.l.n.r.)

### 3.5.5 Stärkeverkleisterung

Die Stärkeverkleisterung der Roggenmehle wurde mittels Perten RVA 4500 Rotationsviskosimeter (nach ICC Standard Methode Nr. 162) bestimmt. Die Roggenproben der österreichischen Standorte wurden mit einer Foss Cyclotec 1093 Labormühle vermahlen.

Die Proben wurden mit 25 mL destillierten Wasser in einem Aluminiumbehälter angesetzt. Um die  $\alpha$ -Amylase-Aktivität auszuschalten, wurden zusätzliche Analysen von auswuchsgefährdeten Roggenproben mit 1 mM  $\text{AgNO}_3$  durchgeführt. Durch die Zugabe von Silbernitrat wird die  $\alpha$ -Amylase-Aktivität gehemmt und die Unterschiede in den Klebereigenschaften verringern sich (Garimella Purna et al., 2015).

Das Probengewicht wurde anhand des Feuchtigkeitsgehaltes der jeweiligen Probe mit dem Software-Programm *Thermocline for windows* berechnet und mittels Laborwaage Typ Sartorius A200S exakt eingewogen. Die Mehl-Wasser-Suspension wurde mit einem Plastikpaddel vermischt und zur Bestimmung der Viskositätseigenschaften in den RVA eingehängt (Abbildung 17).



Abbildung 17: Bestimmung der Viskosität mittels Rapid Visco Analyser: (i) Perten RVA 4500 Rotationsviskosimeter, (ii) Aluminiumbehälter und Plastikpaddel, (iii) Laborwaage Sartorius A200S (v.l.n.r.)

### 3.6 Statistik

Die statistische Auswertung erfolgte mit den Statistikpaketen SAS® 9.4 (SAS Institute Inc., Cary, NC, USA) und Genstat 21 Ed. (VSN International Ltd., Hemel Hempstead, UK). Varianzanalysen und Korrelationsanalysen wurden mit den Prozeduren MIXED und CORR in SAS durchgeführt. Für die Varianzanalyse wurden die Faktoren Genotyp und Management als *fix* sowie die Umwelt, die Wiederholung innerhalb der Umwelt und die GEI als *zufällig* betrachtet. Um die signifikante GEI genauer zu betrachten, wurden die zwei statistischen Modelle AMMI und GGE verwendet. Dazu wurden SAS Programme von Burgueño et al. (2001) modifiziert bzw. die entsprechenden Genstat Prozeduren verwendet.

Die Stabilitätsparameter Umweltvarianz, Ökovalenz (Wricke 1962, 1964), *Superiority Index*, sowie die Regressionsanalyse (Finlay & Wilkinson, 1963; Eberhart & Russell, 1966) wurden mit den Prozeduren GESTABILITY bzw. RFINLAYWILKINSON in Genstat berechnet.

Alle statistischen Auswertungen wurden zu einem Signifikanzniveau von  $\alpha=0,05$  durchgeführt. Da ein unbalancierter Datensatz vorliegt, wurden die adjustierten Mittelwerte (*least square means*) verwendet. Korrelationen und Streudiagramme wurden mit der Statistiksoftware SAS® erstellt. Boxplots wurden mit dem Programm BoxPlotR (Spitzer et al. 2014) angefertigt.

## 4 ERGEBNISSE UND DISKUSSION

### 4.1 Varianzanalyse

Die Tabellen 4 und 5 zeigen die Signifikanzwerte der gemischten linearen Varianzanalyse in den ausgewählten Merkmalen Kornertrag, Wuchshöhe, Hektolitergewicht, Tausendkornmasse, WAX und Protein zwischen den Genotypen bzw. Sortentypen, den Managementsystemen, der Genotyp-Management-Interaktion, der Wiederholung, den Umwelten und der Genotyp-Umwelt-Interaktion.

Tabelle 4: Signifikanzwerte der Varianzanalyse ausgewählter Merkmale für die Genotypen. Signifikante Effekte ( $p < 0,05$ ) sind fett gedruckt.

Varianzursachen	KOER <sup>1</sup>	WHOE	HLG	TKM	WAX	PROT
Fixe Effekte						
GEN <sup>2</sup>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>
MAN	0,0750	0,5795	0,8945	0,9317	0,7463	0,8491
GEN×MAN	0,5005	0,1568	0,8687	0,5458	0,3966	0,8931
Zufällige Effekte						
REP (ENV)	<b>0,0025</b>	<b>0,0021</b>	0,3569	0,0428	0,0697	0,0607
ENV	<b>0,0008</b>	<b>0,0007</b>	<b>0,0382</b>	<b>0,0333</b>	<b>0,0219</b>	<b>0,0195</b>
GEN×ENV	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>0,0001</b>	<b>0,0016</b>	0,1296

<sup>1</sup> HLG, Hektolitergewicht; KOER, Kornertrag; TKM, Tausendkornmasse; PROT, Proteingehalt; WAX, wasserlösliche Arabinoxylane; WHOE, Wuchshöhe

<sup>2</sup> GEN, Genotyp; MAN, Management; GEN×MAN, Genotyp-Management-Interaktion; REP (ENV), Wiederholung innerhalb der Umwelt; ENV, Umwelt; GEN×ENV, Genotyp-Umwelt-Interaktion

Tabelle 5: Signifikanzwerte der gemischten Varianzanalyse ausgewählter Merkmale für die Sortentypen. Signifikante Effekte ( $p < 0,05$ ) sind fett gedruckt.

Varianzursachen	KOER	WHOE	HLG	TKM	WAX	PROT
Fixe Effekte Pr>F						
TYP <sup>3</sup>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>
MAN	0,0901	0,5017	0,8452	0,8908	0,6506	0,8717
TYP×MAN	0,8179	0,2828	0,7179	0,6235	0,9618	0,7344
Zufällige Effekte Pr>Z						
WH (ENV)	0,4935	-	-	0,4591	0,1549	0,2221
ENV	<b>0,0009</b>	<b>0,0008</b>	0,0583	<b>0,0329</b>	<b>0,0255</b>	<b>0,0195</b>
TYP×ENV	<b>0,0124</b>	<b>0,0014</b>	<b>0,0042</b>	-	<b>0,0361</b>	0,4761

<sup>3</sup> TYP, Sortentyp; weitere Abkürzungen siehe Tabelle 4

Tabelle 6: Adjustierte Mittelwerte (LSMEANS) ausgewählter Merkmale getrennt nach Sortentypen.

TYP	KOER <sup>1</sup>	WHOE	HLG	TKM	WAX	PROT
HYB	88,8 <sup>a</sup>	137,2 <sup>c</sup>	76,1 <sup>a</sup>	34,7 <sup>a</sup>	1,79 <sup>c</sup>	8,15 <sup>c</sup>
POP	69,7 <sup>b</sup>	147,2 <sup>b</sup>	75,7 <sup>a</sup>	33,6 <sup>b</sup>	1,89 <sup>b</sup>	9,05 <sup>b</sup>
LS	51,3 <sup>c</sup>	184,4 <sup>a</sup>	70,7 <sup>b</sup>	32,8 <sup>b</sup>	1,96 <sup>b</sup>	10,14 <sup>a</sup>
ZS	50,8 <sup>c</sup>	138,2 <sup>c</sup>	68,7 <sup>b</sup>	30,9 <sup>c</sup>	2,04 <sup>a</sup>	9,03 <sup>b</sup>

Mittelwerte mit unterschiedlichen Kleinbuchstaben sind signifikant unterschiedlich ( $p < 0,05$ ) entsprechend dem Tukey-Kramer post-hoc Test.

<sup>1</sup>Abkürzungen siehe Tabellen 2 und 4

## 4.2 Beschreibende Statistik

### **Kornertrag**

Der Kornertrag unterscheidet sich signifikant zwischen den Genotypen, den Sortentypen, der Umwelt sowie der GEI. Das Management zeigte keinen signifikanten Einfluss auf den Kornertrag (Tabellen 4 und 5). Der Vergleich zwischen den Sortentypen zeigte einen signifikant höheren Kornertrag der Hybridsorten von +27% im Gegensatz zu den Populationssorten (Tabelle 6). Das höhere Ertragspotenzial der Hybridsorten kann durch mehrere Studien bestätigt werden. So berichteten Hansen et al. (2004) und Laidig et al. (2017) Ertragsunterschiede im Bereich von 10-20% im langjährigen Durchschnitt, während Miedaner & Hübner (2011) 20-25% höhere Erträge bei Hybridsorten im Vergleich zu Populationssorten feststellten. Für Österreich berichteten Oberforster & Werteker (2011) von einem Ertragsplus der Hybridsorten von 10-15 dt ha<sup>-1</sup> gegenüber den Populationssorten was wiederum prozentuell den von Miedaner & Hübner (2011) berichteten Zahlen entspricht. Im vorliegenden Versuch lieferte die Hybridsorte 'Tur' lediglich mittlere Erträge von im Schnitt 87,8 dt ha<sup>-1</sup> und fiel gegenüber den Hybridsorten der Saaten Union etwas ab (Abbildung 18b). Innerhalb der Populationssorten erreichte 'AC Rifle' durchschnittlich um 32% niedrigere Kornerträge zum Mittel aller Populationssorten (Tabelle A2). 'AC Rifle' ist ein Halbzwergrögen, welcher an kanadische Umwelten mit niedrigen Wintertemperaturen angepasst ist (McLeod & Payne, 1996) und mit den europäischen Produktionsbedingungen sichtlich Schwierigkeiten hatte. Die Landsorten zeigten einen signifikant niedrigeren Kornertrag von -25% im Vergleich zu den Populationssorten. Der Unterschied zwischen den Landsorten und den Zuchtstämmen im Kornertrag war nicht signifikant (Tabelle 6). Die Landsorten und auch die beiden Zuchtstämme sind an spezifische Umwelten angepasst.

Abbildung 18 zeigt die Variabilität im Kornertrag (KOER) in dt ha<sup>-1</sup> zwischen den Umwelten und Sortentypen. Die höchsten durchschnittlichen Kornerträge wurden an den deutschen Standorten Groß

Lüsewitz mit 103,45 dt ha<sup>-1</sup>, gefolgt von Wulfsode mit 103,18 dt ha<sup>-1</sup> unter „High-input“-Bedingungen erreicht. Die niedrigsten Kornerträge wurden an den Standorten Jögeva und Raasdorf unter biologischer Bewirtschaftung erzielt. Diese Ergebnisse bestätigen das hohe Ertragspotenzial von Hybridroggen unter intensiven Anbaubedingungen (Geiger & Miedaner, 2009). Die drei biologisch bewirtschafteten Standorte Groß Lüsewitz, Jögeva und Raasdorf erzielten niedrigere Kornerträge als die Standorte der Managementstufen 1 („Low-input“) und 2 („High-input“), trotz eines statistisch nicht signifikanten Einflusses. In Abbildung 18a sind einzelne Ausreißer nach oben bzw. nach unten zu sehen, was folglich auf das höhere Ertragspotenzial der Hybridsorten bzw. niedrigere Ertragspotenzial der Landsorten zurückzuführen ist. Der höchste durchschnittliche Kornertrag wurde von ‘SU Forsetti’ mit 104,98 dt ha<sup>-1</sup>, gefolgt von ‘SU Performer’ mit 104,40 dt ha<sup>-1</sup> und ‘SU Cossani’ mit 101,83 dt ha<sup>-1</sup> erreicht. Den niedrigsten Kornertrag lieferte die alte Landsorte ‘Lungauer Tauern’ mit 36,7 dt ha<sup>-1</sup>, gefolgt von der Populationsorte ‘AC Rifle’ mit 47,39 dt ha<sup>-1</sup>. Die Landsorte ‘Norddeutscher Champagner’ brachte mit 72,37 dt ha<sup>-1</sup> gute Ergebnisse (Tabelle A2).

Die Populationsorte ‘Elias’ zählt in Österreich zu den besten Roggensorten und wurde in der folgenden Analyse als Vergleichssorte herangezogen. In dieser Versuchsserie brachte ‘Elias’ einen durchschnittlichen Kornertrag von 80,91 dt ha<sup>-1</sup> und zählte damit zu den besten Populationsorten. Signifikant höhere Erträge im Vergleich zu ‘Elias’ wurde nur von den vier Hybridsorten ‘SU Forsetti’ (+24,07 dt ha<sup>-1</sup>;  $p < 0,0001$ ), ‘SU Performer’ (+23,49 dt ha<sup>-1</sup>;  $p < 0,0001$ ), ‘SU Cossani’ (+20,92 dt ha<sup>-1</sup>;  $p < 0,0001$ ) und ‘Tur’ (+6,84 dt ha<sup>-1</sup>;  $p = 0,0427$ ) erzielt (Tabelle A3).

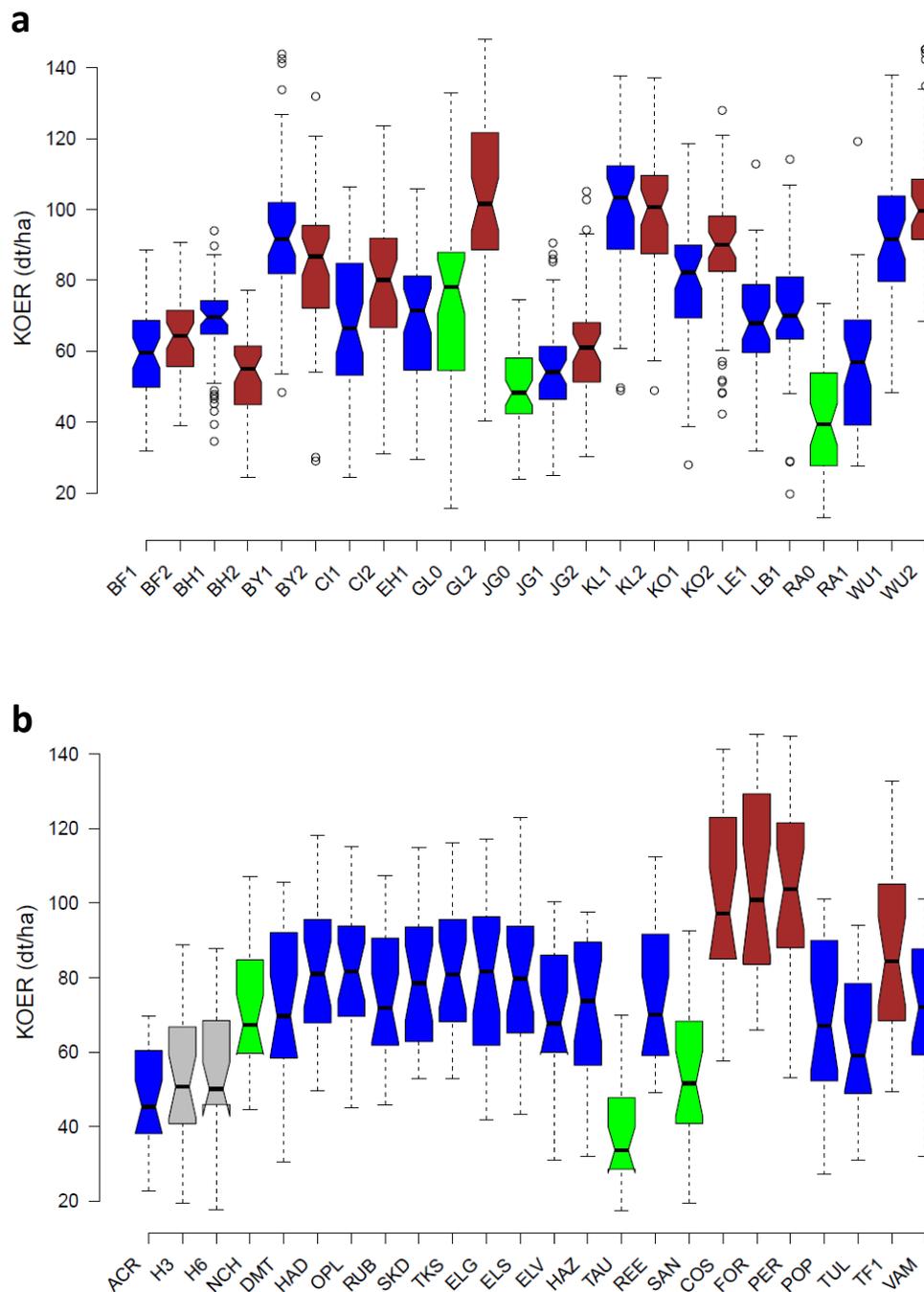


Abbildung 18: Variabilität im Kornenertrag (KOER). (a) Unterschiede zwischen den Umwelten (Managementstufe biologisch grün, „Low-input“ blau und „High-input“ rot gekennzeichnet). Umwelten ergeben sich aus der Kombination Standort × Management Stufe (0=biologisch, 1=„Low-input“, 2=„High-input“). (b) Unterschiede zwischen den Sortentypen (Landsorten grün, Populationsorten blau, Hybridsorten rot und Zuchtstämme grau gekennzeichnet). Abkürzungen siehe Tabellen 2 und 3.

### **Wuchshöhe**

Die Wuchshöhe unterscheidet sich signifikant zwischen den Genotypen, den Sortentypen, der Umwelt sowie der GEI (Tabellen 4 und 5). Der Vergleich zwischen den Sortentypen zeigte signifikant niedrigere Wuchshöhen der Hybridsorten von durchschnittlich 10 cm, im Vergleich zu den Populationssorten. Die Populationssorten unterscheiden sich signifikant von den Landsorten mit durchschnittlich niedrigeren Wuchshöhen von 37 cm. Der Unterschied zwischen den Hybridsorten und den Zuchtstämmen in der Wuchshöhe war nicht signifikant (Tabelle 6).

Bei den Populationssorten gibt es sowohl nach oben als auch nach unten Ausreißer. Die Ausreißer mit der höchsten Wuchshöhe sind 'Dankowskie Hadron', 'Dankowskie Rubin', 'Dankowskie Skand', 'Elias' und 'SU Popidol' sowie die Hybridsorte 'Tur' mit Messwerten am Standort Kleptow (KL1) von bis zu 200 cm. Nach unten hin weichen die Populationssorten 'Elego' mit 102,5 cm, 'Elias' mit 107,5 cm und 'Elvi' mit 117,5 cm am Standort Raasdorf (RA1) von den anderen Messwerten ab. Die höchsten durchschnittlichen Wuchshöhen werden eindeutig von den drei Landsorten 'Sangaste' mit 195 cm, 'Lungauer Tauern' mit 187,7 cm und 'Norddeutscher Champagner' mit 170,6 cm erreicht. Die Populationssorte 'AC Rifle' erreichte an allen Standorten die niedrigste Wuchshöhe mit durchschnittlich 107,7 cm (Abbildung 19, Tabelle A2). Dies ist nicht verwunderlich, da wie bereits zuvor erwähnt, 'AC Rifle' in Kanada als erster Halbzwergrögen gezüchtet wurde, welcher eine durchschnittliche Reduktion der Wuchshöhe von 30% mit einer verbesserten Standfestigkeit im Vergleich zu konventionellen Sorten aufweist (McLeod & Payne, 1996).

Die Vergleichsorte 'Elias' erzielte eine durchschnittliche Wuchshöhe von 153,4 cm. Signifikant niedrigere Wuchshöhen im Vergleich zu 'Elias' wurde von den vier Hybridsorten 'SU Forsetti' (-18,2 cm;  $p < 0,0001$ ), 'SU Performer' (-19,5 cm;  $p < 0,0001$ ), 'SU Cossani' (-19,1 cm;  $p < 0,0001$ ), 'Tur' (-8,3 cm;  $p = 0,0034$ ), den zwei Zuchtstämmen 'Breed H3' (-14,8 cm;  $p < 0,0001$ ), 'Breed H6' (-14,9 cm;  $p < 0,0001$ ) sowie von den Populationssorten 'AC Rifle' (-45,8 cm;  $p < 0,0001$ ), 'Dankowskie Diamant' (-6,7 cm;  $p = 0,0382$ ), 'Dankowskie Rubin' (-6,9 cm;  $p = 0,0314$ ), 'Dankowskie Skand' (-9,7 cm;  $p = 0,0003$ ) und 'Dankowskie Turkus' (-6,8 cm;  $p = 0,0361$ ) erreicht. Eine signifikant höhere Wuchshöhe im Vergleich zu 'Elias' wurde von den drei Landsorten sowie den Populationssorten 'Elvi' und 'Reetta' erreicht (Tabelle A3).

Diese Ergebnisse sind in Übereinstimmung zu jenen von Grądzielewska et al. (2020) die eine Wuchshöhe von 150-160 cm für in Polen kultivierte Populationssorten und 130-140 cm für Hybridsorten berichten. Laidig et al. (2021) wiederum berichteten, dass seit den 1990er Jahren bei in Deutschland zur Zulassung angemeldeten Roggensorten weder bei Populationen noch bei Hybriden eine Verkürzung der Wuchshöhe realisiert wurde. Im Gegenteil, es war eine geringe Zunahme der Wuchshöhe zu beobachten. Die Autoren führen dies auf eine negative Korrelation zwischen Wuchshöhe und Kornertrag zurück.

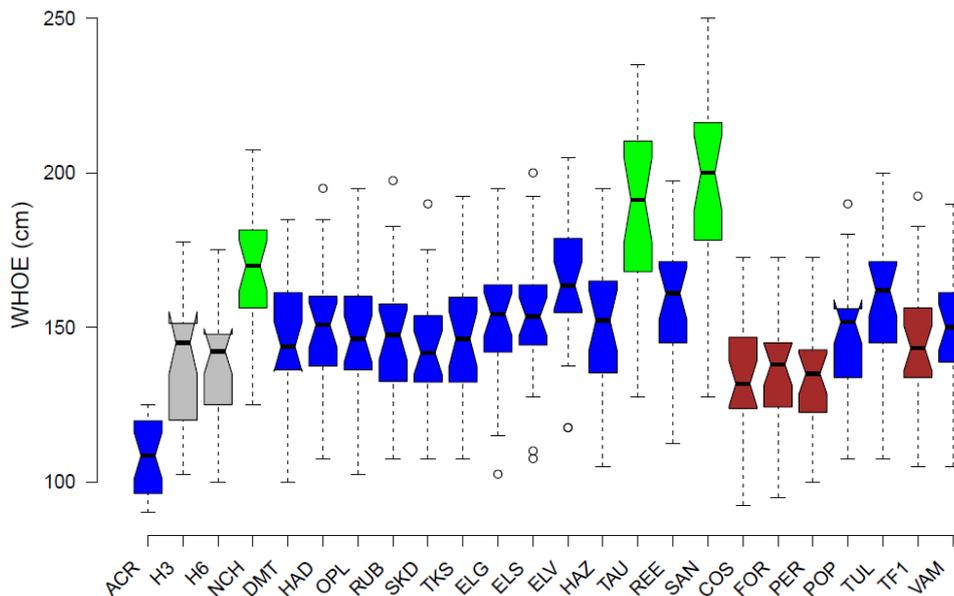


Abbildung 19: Variabilität in der Wuchshöhe (WHOE) zwischen den Sortentypen (Landsorten grün, Populationsorten blau, Hybridsorten rot und Zuchtstämme grau gekennzeichnet). Abkürzung der Genotypen siehe Tabelle 2.

### **Hektolitergewicht, Tausendkornmasse**

Das Hektolitergewicht (HLG) wurde an den Versuchsstandorten Langenstein, Edelfhof, Jögeva, Kleptow und Raasdorf bestimmt. Beim HLG gab es signifikante Unterschiede zwischen den Genotypen, den Sortentypen, der Umwelt sowie der GEI (Tabellen 4 und 5). Der Vergleich zwischen den Sortentypen zeigte ein signifikant höheres HLG bei den Hybrid- und Populationsorten im Gegensatz zu den Landsorten und Zuchtstämmen. Zwischen den Hybrid- und Populationsorten, sowie zwischen den Landsorten und Zuchtstämmen, konnte kein signifikanter Unterschied im HLG festgestellt werden (Tabelle 6).

Die HLG-Werte von Roggen werden in der Österreichischen Beschreibenden Sortenliste mit 63-80 kg hL<sup>-1</sup> angegeben. HLG-Werte unter 68 kg hL<sup>-1</sup> deuten auf eine mangelnde Kornausbildung hin (AGES, 2020). Bei Anbau-Lieferverträgen ist ein Basiswert von 72 kg hL<sup>-1</sup> bzw. ein Mindestwert von 70 kg hL<sup>-1</sup> erforderlich. Diese Werte werden von allen Hybrid- und Populationsorten bis auf wenige Ausreißer erreicht. Die Landsorten 'Sangaste' mit 67,8 kg hL<sup>-1</sup> und 'Lungauer Tauern' mit 68,3 kg hL<sup>-1</sup> sowie die zwei aktuellen Zuchtstämme 'Breed H3' mit 69 kg hL<sup>-1</sup> und 'Breed H6' mit 68,1 kg hL<sup>-1</sup> lieferten die niedrigsten durchschnittlichen HLG-Werte und fallen somit unter den Grenzwert von Anbau-Lieferverträgen (Abbildung 20). Die Vergleichsorte 'Elias' brachte ein durchschnittliches HLG von 76,2 kg. Es wurde von keiner anderen Sorte ein statistisch signifikant höheres HLG erzielt. Signifikant niedrigere HLG-Werte

wurden von den zwei Zuchtstämmen, der Populationssorte ‘AC Rifle’ sowie von den Landsorten ‘Sangaste’ und ‘Lungauer Tauern’ erzielt (Tabellen A2 und A3).

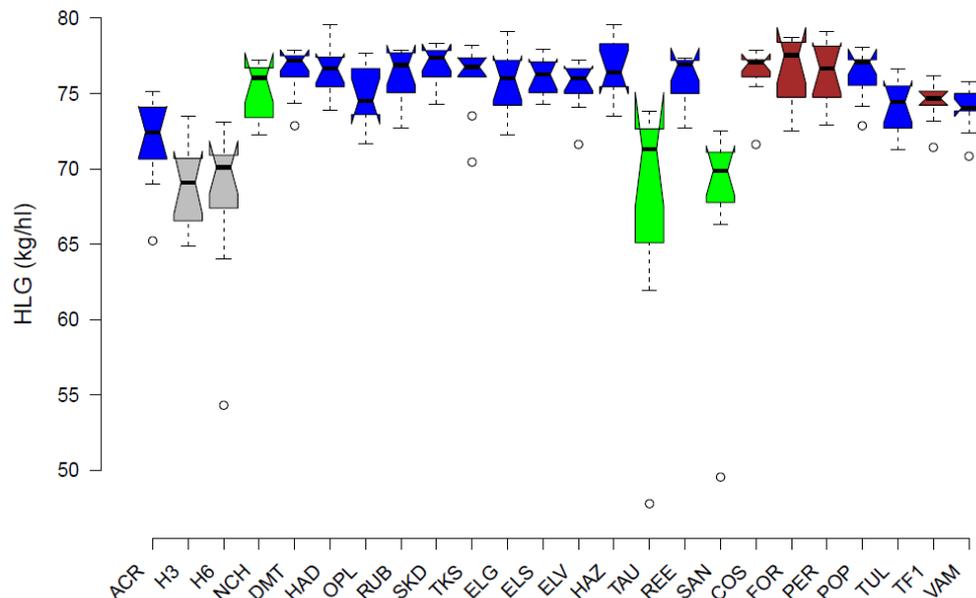


Abbildung 20: Variabilität im Hektolitergewicht (HLG) zwischen den Sortentypen (Landsorten grün, Populationssorten blau, Hybridsorten rot und Zuchtstämme grau gekennzeichnet). Abkürzung der Genotypen siehe Tabelle 2.

Oberforster & Werteker (2011) berichteten, dass zu diesem Zeitpunkt die Kleinkörnigkeit der ersten Hybridsorten beseitigt wurde und dadurch signifikant positive Korrelationen zwischen HLG und Kornertrag im österreichischen Roggensortiment festgestellt werden konnten.

Die Tausendkornmasse (TKM) wurde an den Versuchsstandorten Edelhof, Jögeva, Kleptow, Raasdorf und Wulfsode bestimmt. Die TKM zeigte signifikante Unterschiede zwischen den Genotypen, den Sortentypen, der Umwelt sowie der GEI (Tabellen 4 und 5). Der Vergleich zwischen den Sortentypen zeigte eine signifikant höhere TKM bei den Hybridsorten im Gegensatz zu den Populationssorten, Landsorten und Zuchtstämmen. Zwischen den Populationssorten und den Landsorten konnte kein signifikanter Unterschied in der TKM festgestellt werden (Tabelle 6). Die niedrigste TKM erreichte die Populationssorte ‘AC Rifle’ mit 25 g. Die höchste TKM wurde von der Populationssorte ‘Hazlet’ mit 38,4 g erzielt (Abbildung 21). Die außerordentlich hohe TKM für ‘Hazlet’, auch im Vergleich zu modernen Hybridsorten, ist auch für kanadische Versuche dokumentiert (McLeod & Gan, 2008; SeedNet, 2021).

Die Vergleichsorte ‘Elias’ brachte eine durchschnittliche TKM von 34,3 g. Signifikant höhere TKM-Werte im Vergleich zu ‘Elias’ wurden von den Populationssorten ‘Hazlet’ (+4,2 g;  $p < 0,0001$ ) und ‘SU Popidol’ (+2,4 g;  $p = 0,0017$ ) erreicht. Signifikant niedrigere TKM-Werte wurden von den zwei Zuchtstämmen, den

Populationssorten 'AC Rifle', 'Elvi', 'Reetta' und der Landsorte 'Lungauer Tauern' erzielt (Tabellen A2 und A3).

Laidig et al. (2017) berichteten im deutschen Roggensortiment seit 1980 eine Variation zwischen 32 g und 42 g, mit einem züchterischen Fortschritt bei den Hybridsorten jedoch gleichbleibenden Werten für Populationssorten. Die TKM war in diesen Analysen nicht signifikant mit dem Kornertrag korreliert, auch wenn ein leichter positiver Zusammenhang gezeigt werden konnte. Im Gegensatz dazu sind die für Österreich vorliegenden Werte für die TKM deutlich niedriger und es konnte kein Vorteil von Hybridsorten gegenüber Populationssorten für dieses Merkmal beobachtet werden (AGES, 2021). Dies liegt sicherlich auch daran, dass die österreichische Wertprüfung an einigen Standorten im Pannonikum durchgeführt wird und für diese Standorte eine im Schnitt um 4 g bis 6 g niedrigere TKM beobachtet werden kann (AGES, 2021).

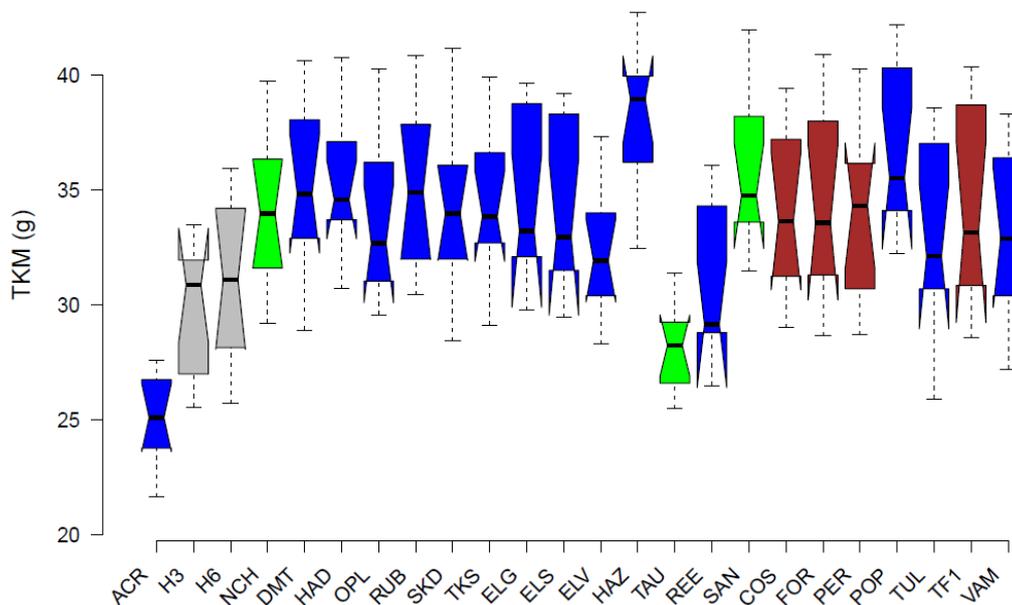


Abbildung 21: Variabilität in der Tausendkornmasse (TKM) zwischen den Sortentypen (Landsorten grün, Populationssorten blau, Hybridsorten rot und Zuchtstämme grau gekennzeichnet). Abkürzung der Genotypen siehe Tabelle 2.

### **Protein, Stärke**

Die vorliegenden Daten zu Protein und WAX stammen von den Versuchsstandorten Groß Lüsewitz, Kleptow, Wulfode, Jögeva, Edelfhof und Raasdorf. Beim biologischen und konventionellen Versuchsstandort Raasdorf handelt es sich um eine Mischprobe der beiden Wiederholungen. Die Daten zum Stärkegehalt stammen ausschließlich von den österreichischen Versuchsstandorten Edelfhof und Raasdorf.

Beim Proteingehalt gab es signifikante Unterschiede zwischen den Genotypen, den Sortentypen und der Umwelt (Tabellen 4 und 5). Der Vergleich zwischen den Sortentypen zeigte einen signifikant niedrigeren Proteingehalt bei den Hybridsorten im Gegensatz zu den Populationsorten, Landsorten und Zuchtstämmen. Der höchste durchschnittliche Proteingehalt mit 10,1% wurde von den Landsorten erreicht. Zwischen den Populationsorten und den Zuchtstämmen konnte kein signifikanter Unterschied im Proteingehalt festgestellt werden (Tabelle 6). Der Proteingehalt zeigte eine Schwankungsbreite von 5,8% bis 13,4%. Der niedrigste Proteingehalt wurde von den vier Hybridsorten, der höchste Proteingehalt innerhalb der Populationsorten von 'AC Rifle' und innerhalb der Landsorten von 'Lungauer Tauern' gemessen (Abbildung 22). Für die Backqualität sind Proteingehalte von 9-11% günstig, zu hohe Proteingehalte mindern die Qualität der Pentosane (AGES, 2020). Die Ergebnisse der Varianzanalyse zeigten, dass der Genotyp bzw. der Sortentyp den größten Einfluss auf den Proteingehalt hatte (Tabellen 4 und 5). Zu dieser Erkenntnis gelangten auch Hansen et al. (2004).

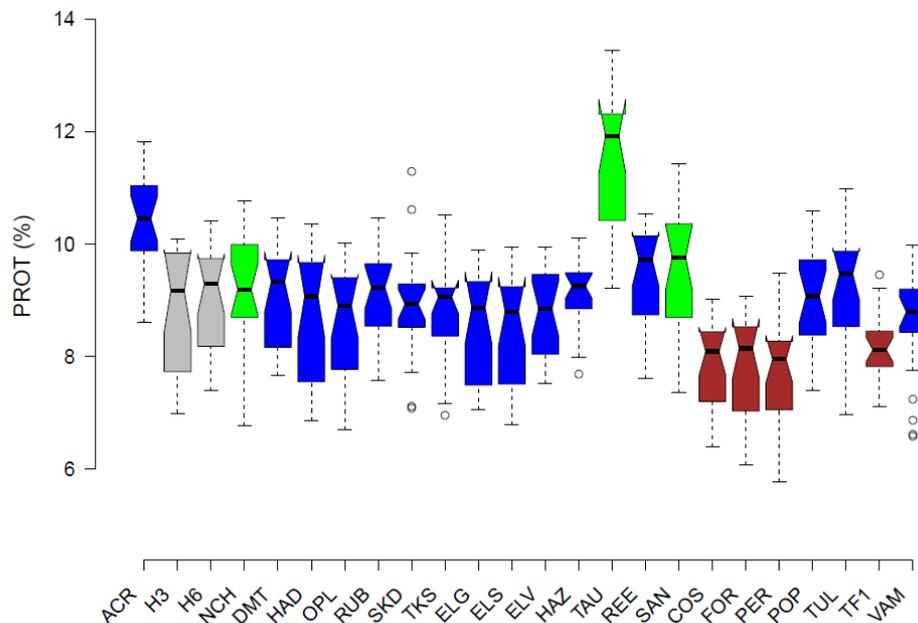


Abbildung 22: Variabilität im Proteingehalt (PROT) zwischen den Sortentypen (Landsorten grün, Populationsorten blau, Hybridsorten rot und Zuchtstämme grau gekennzeichnet). Abkürzung der Genotypen siehe Tabelle 2.

Der Stärkegehalt variierte von 61,6% bei 'Lungauer Tauern' bis 65,4% bei 'Hazlet' an den österreichischen Versuchsstandorten (Tabelle A2). Es konnte eine stark negative und signifikante Korrelation zwischen Protein- und Stärkegehalt ( $r=-0,746$ ;  $p<0,0001$ ) der österreichischen Roggenproben festgestellt werden. So zeigte die alte Landsorte 'Lungauer Tauern' den höchsten Proteingehalt mit 13,7% und gleichzeitig den niedrigsten Stärkegehalt mit 61,6%. Diese negative Korrelation zwischen Protein und Stärke ist physiologisch selbsterklärend und konnte natürlich auch in anderen Studien nachgewiesen werden (Linina

et al., 2019; Järvan et al., 2018). Järvan et al. (2018) konnten zudem einen signifikant niedrigeren Proteingehalt und höheren Stärkegehalt unter biologischer Bewirtschaftung feststellen. In der vorliegenden Arbeit zeigte die Bewirtschaftungsform allerdings keinen signifikanten Einfluss auf den Proteingehalt (Tabellen 4 und 5).

### **Wasserlösliche Arabinoxylane (WAX)**

Beim WAX-Gehalt gab es signifikante Unterschiede zwischen den Genotypen, den Sortentypen, der Umwelt sowie der GEI. Das Management zeigte wie zuvor beim Proteingehalt keinen signifikanten Einfluss auf den WAX-Gehalt (Tabellen 4 und 5). Der niedrigste WAX-Gehalt wurde innerhalb der Hybridsorten von 'SU Forsetti', gefolgt von 'SU Performer' sowie innerhalb der Populationssorten von 'Hazlet', gemessen. Der höchste Gehalt an WAX wurde innerhalb der Populationssorten von 'AC Rifle' und innerhalb der Landsorten von 'Lungauer Tauern' erreicht (Abbildung 23).

Die gemessenen WAX-Gehalte lagen unter den Werten, die von polnischen Studien berichtet wurden (Buksa et al., 2016; Cyran & Cygankiewicz, 2004), sind jedoch im Bereich der Ergebnisse von Bengtsson et al. (1992), die für finnische, schwedische, polnische und kanadische Roggenproben gemessen wurden. Die Unterschiede in den einzelnen Untersuchungen können durch das unterschiedliche Sortenmaterial, die unterschiedlichen Standorte und die unterschiedlichen Untersuchungsmethoden erklärt werden.

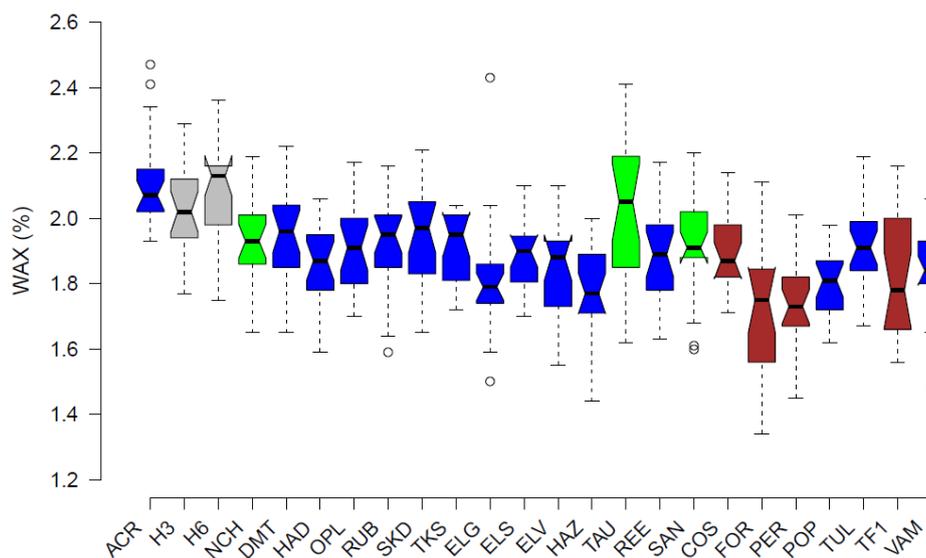


Abbildung 23: Variabilität im wasserlöslichen Arabinoxylangehalt (WAX) zwischen den Sortentypen (Landsorten grün, Populationssorten blau, Hybridsorten rot und Zuchtstämme grau gekennzeichnet). Abkürzung der Genotypen siehe Tabelle 2.

### 4.3 Korrelationsanalyse und Zuchtfortschritt

#### *Agronomische & qualitative Merkmale*

Abbildung 24 zeigt eine signifikante, jedoch schwache Korrelation zwischen dem Kornertrag und der Wuchshöhe ( $r=0,189$ ;  $p<0,0001$ ) unter den drei Managementsystemen biologisch, „Low-input“ und „High-input“. Grund für die schwache Korrelation waren die kurstrohigen Genotypen, ‘AC Rifle’, ‘H3’ und ‘H6’, die vergleichsweise sehr niedrige Kornerträge in den Testumwelten zeigten. Würden diese drei Genotypen nicht berücksichtigt werden, würde sich die Korrelation deutlich erhöhen. Aus Abbildung 24 ist auch ersichtlich, dass unter biologischer Bewirtschaftung niedrigere Kornerträge, im Vergleich zu den beiden anderen Managementsystemen „Low-input“ und „High-input“, realisiert wurden. Jedoch zeigte das Management in der Varianzanalyse keinen signifikanten Einfluss auf den Kornertrag und die Wuchshöhe (Tabellen 4 und 5). Die drei Hybridsorten ‘SU Performer’, ‘SU Forsetti’ und ‘SU Cossani’ erreichten in allen drei Managementsystemen die höchsten Kornerträge. Der Ertragsunterschied zwischen den Managementsystemen ist vor allem an diesen drei Hybridsorten unter biologischer Bewirtschaftung und „High-input“-Bedingungen zu erkennen. Daraus lässt sich schlussfolgern, dass die Hybridsorten sehr stark auf ein verbessertes Nährstoffangebot reagieren und ihr Ertragspotenzial vor allem unter „High-input“-Bedingungen steigern können.

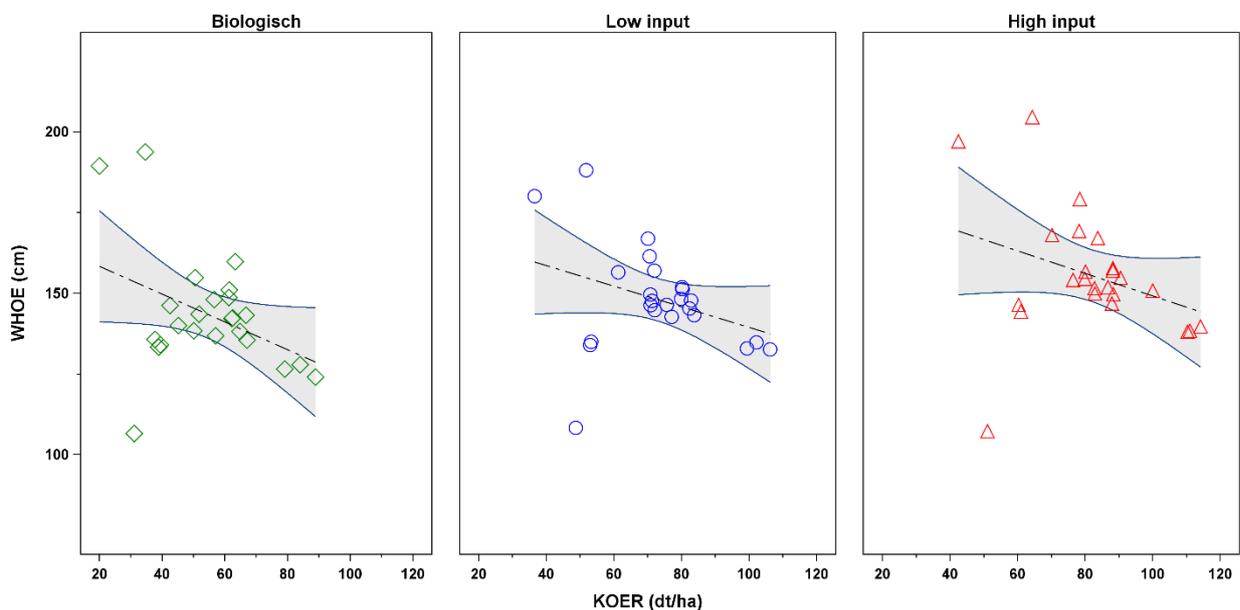


Abbildung 24: Korrelation zwischen Kornertrag (KOER) und Wuchshöhe (WHOE) getrennt nach den drei Managementsystemen biologisch, „Low-input“ und „High-input“.

‘AC Rifle’ erzielte in allen drei Managementsystemen die niedrigste Wuchshöhe und auch den niedrigsten Kornertrag innerhalb der Populationssorten. Die Landsorte ‘Norddeutscher Champagner’ erreichte innerhalb der Landsorten die niedrigste Wuchshöhe und im Vergleich zu Populationssorten einen mittleren Kornertrag. Die Hybridsorten erzielten niedrigere Wuchshöhen und höhere Kornerträge als die Populationssorten (Tabelle A4).

Abbildung 25 zeigt eine positive und signifikante Korrelation zwischen der Wuchshöhe (WHOE) und der Lagerbonitur (LA) ( $r>0,437$ ;  $p<0,0001$ ) unter den drei Managementsystemen biologisch, „Low-input“ und „High-input“. Die Lagerbonitur von 1-9 wurde an allen Standorten mit Ausnahme vom Standort Wulfstede durchgeführt. Alle Populations- und Hybridsorten hatten eine geringe Lagerbonitur von 1-3, während bei den drei Landsorten aufgrund ihrer deutlich höheren Wuchshöhe ein mittleres bis starkes Lager bonitiert wurde. Auch in dieser Abbildung wird deutlich, dass das Management keinen signifikanten Einfluss auf die Wuchshöhe und die Lagerbonitur hatte. Der Einsatz von Wachstumsregulatoren unter „High-input“-Bedingungen zeigte keinen Effekt auf eine Reduktion der Wuchshöhe. Dieser Effekt könnte möglicherweise durch den Einsatz der Stickstoffdüngung kompensiert worden sein.

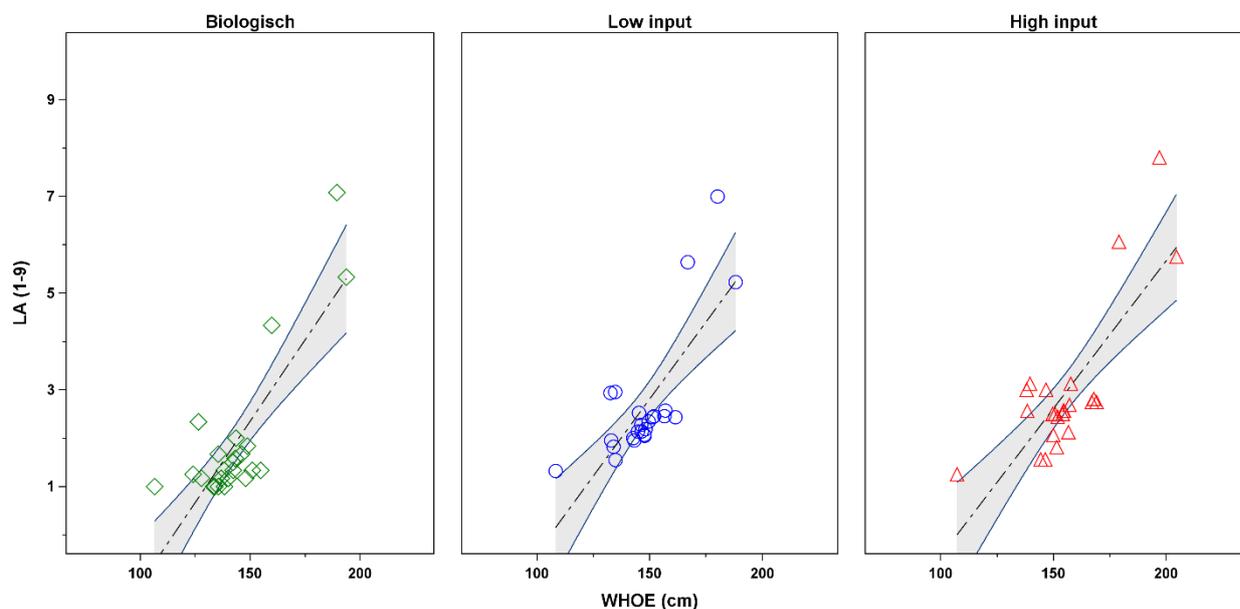


Abbildung 25: Korrelation zwischen Wuchshöhe (WHOE) und Lager (LA) getrennt nach den drei Managementsystemen biologisch, „Low-input“ und „High-input“.

Abbildung 26 zeigt eine signifikant positive Korrelation zwischen dem Kornertrag (KOER) und der TKM ( $r=0,392$ ;  $p<0,0001$ ) sowie zwischen KOER und HLG ( $r=0,413$ ;  $p<0,0001$ ) und eine signifikant negative Korrelation zwischen dem Kornertrag und den Qualitätsparametern WAX ( $r=-0,471$ ;  $p<0,0001$ ) und Protein ( $r=-0,173$ ;  $p<0,0001$ ). Alle vier Hybridsorten zeigten die höchsten Kornerträge und gleichzeitig die

niedrigsten Werte für WAX und Protein. Somit wirkt sich eine Steigerung im Kornertrag negativ auf die Qualitätsparameter aus. Die negative Korrelation zwischen dem Kornertrag und dem Proteingehalt wurde auch von Hansen et al. (2004) und Oberforster & Werteker (2011) bestätigt, wo moderne Hybridsorten einen geringeren Proteingehalt im Vergleich zu herkömmlichen Populationsorten aufweisen. Da jedoch der Proteingehalt für die Backqualität der Roggenmehle eine untergeordnete Rolle spielt, konnten keine negativen Auswirkungen auf die Qualitätseigenschaften des Roggens festgestellt werden (Laidig et al., 2017; Oberforster & Werteker, 2011; Hansen et al., 2004).

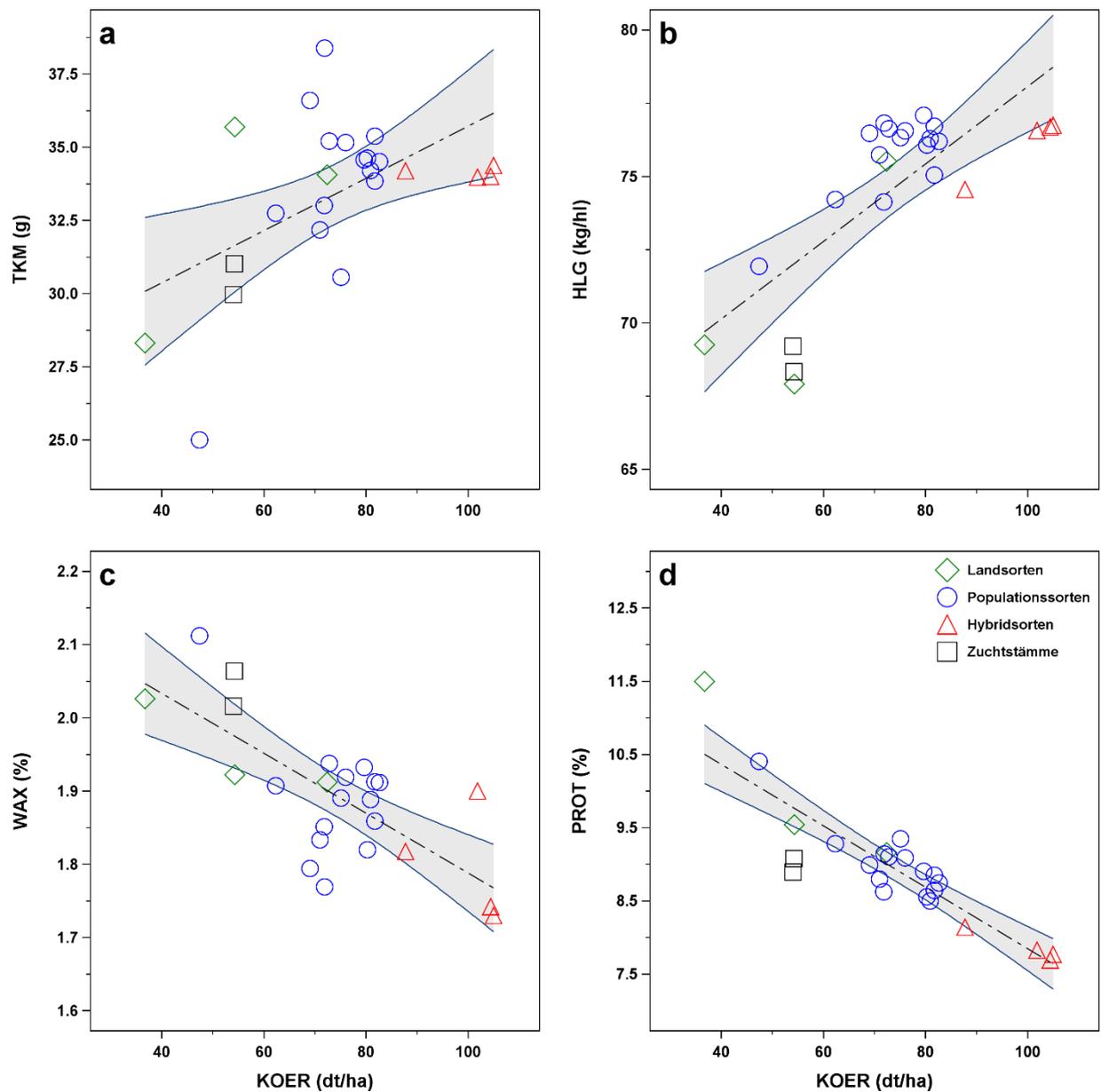


Abbildung 26: Einfluss der Sortentypen auf die Korrelationen zwischen (a) Kornertrag (KOER) und Tausendkornmasse (TKM), (b) Kornertrag und Hektolitergewicht (HLG), (c) Kornertrag und wasserlöslichen Arabinoxylangehalt (WAX) und (d) Kornertrag und Proteingehalt (PROT).

Abbildung 27 zeigt den Einfluss der Sortentypen in Abhängigkeit des Erstzulassungsjahres des Genotyps auf die Merkmale Wuchshöhe, Hektolitergewicht, Tausendkornmasse und Kornertrag. Die lineare Regression zeigt einen signifikanten Züchtungsfortschritt in der Wuchshöhe, im Hektolitergewicht und im Kornertrag. Während die alten Landsorten sehr hohe Wuchshöhen erreichen, zeigen die modernen Hybrid- und Populationssorten deutlich niedrigere Wuchshöhen mit verbesserter Standfestigkeit. Das Ertragspotenzial konnte vor allem durch den Einsatz von Hybridsorten gesteigert werden. Die Tausendkornmasse zeigt keine signifikante Steigerung von den alten Landsorten zu den modernen Hybrid- und Populationssorten, sowie wenig bis keinen Einfluss auf die Ertragssteigerung.

Dieser Züchtungsfortschritt im Kornertrag konnte in der Studie nach Laidig et al. (2017) bestätigt werden, in der ein langjähriger Roggensortenversuch in Deutschland einen relativen Ertragsfortschritt von 23,3% bei Hybridsorten und 18,1% bei Populationssorten erzielte. Der Ertragsfortschritt bei Hybridsorten ist hauptsächlich auf eine höhere Ährendichte (Anzahl Ähren/m<sup>2</sup>) zurückzuführen, während bei Populationssorten die Tausendkornmasse eine wesentlichere Bedeutung erlangt (Laidig et al., 2017). Zudem wirken sich diese Ertragsstrukturkomponenten unterschiedlich auf den Genotyp und die Umwelt aus. So wird die Ährendichte hauptsächlich durch lokale Umwelteffekte wie niedrigere Aussaatmengen, frühere Aussaattermine und steigende Tagesdurchschnittstemperaturen bestimmt, während die Tausendkornmasse von jahreszeitlichen Witterungsbedingungen in der Kornfüllungsphase und dem Genotyp abhängt (Laidig et al., 2017). Die Folgearbeit von Laidig et al. (2021) zeigte ein etwas differenzierteres Bild für die letzten 30 Jahre. Hier zeigte sich im deutschen Roggensortiment nach wie vor ein geringer Ertragsfortschritt bei Hybriden und Populationen für die Intensitätsstufe 1, jedoch eine Stagnation bis abfallende Kurve für Intensitätsstufe 2. Diese Ergebnisse sind in Übereinstimmung mit der vorliegenden Arbeit, wo keine signifikant höheren Kornerträge für die beiden Intensitätsstufen im konventionellen Anbau beobachtet wurden (Tabellen 4 und 5, Abbildung 18a).

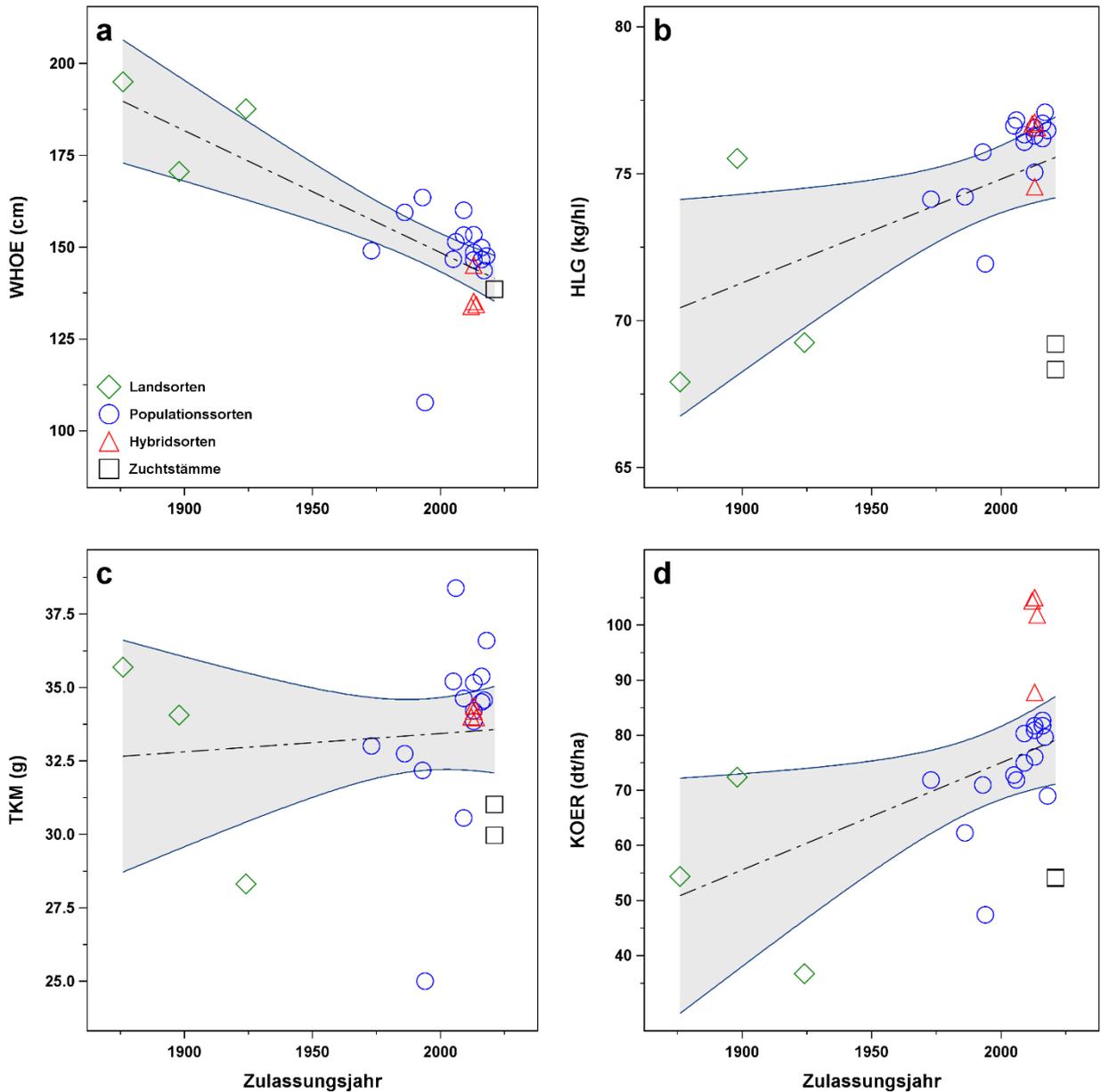


Abbildung 27: Einfluss der Sortentypen auf (a) die Wuchshöhe (WHOE), (b) das Hektolitergewicht (HLG), (c) die Tausendkornmasse (TKM) und (d) den Kornertrag (KOER) in Abhängigkeit des Erstzulassungsjahres des Genotyps.

### Fallzahl

Bei der Fallzahlmessung zeigte sich ein signifikanter Unterschied zwischen den Genotypen sowie den Standorten Edelhof und Raasdorf. Die Schwankungsbreite lag im Versuchsjahr 2019/20 am Standort Edelhof zwischen 63 und 246 s und am Standort Raasdorf zwischen 260 und 395 s (Tabelle A1). Warme und trockene Abreifebedingungen in Raasdorf führten zu hohen Fallzahlen, so zeichnete der Monat Juli am Standort Raasdorf eine Niederschlagssumme von rund  $60 \text{ L m}^{-2}$  und eine Monatsmitteltemperatur von  $22,2^\circ\text{C}$  auf. Hingegen führten feuchte Witterungsbedingungen zur Abreife am Standort Edelhof zu

niedrigen Fallzahlen. Der Erntetermin am Standort Edelhof erfolgte im Vergleich zum Standort Raasdorf einen Monat später. Im August 2020 kam es am Standort Edelhof zu einer wesentlich höheren Niederschlagssumme von rund 128 L m<sup>-2</sup> und einer kühleren Monatsmitteltemperatur von 18,1°C (Abbildung 12).

Für Anbau-Lieferverträge ist eine Mindestfallzahl von 150-170 s bzw. für Bioroggen von 120 s erforderlich (AGES, 2020). Am Standort Edelhof wurden Fallzahlen unterhalb des Grenzwertes von 120 bzw. 150 s gemessen. Die Populationssorten 'Dankowskie Diamant', 'Dankowskie Hadron', 'Dankowskie Opal', 'Dankowskie Rubin', 'Dankowskie Turkus', 'Elego', 'Elias' und 'Elvi' erreichten Fallzahlen von über 150 s am Standort Edelhof. Die drei Hybridsorten 'SU Forsetti', 'SU Performer' und 'SU Cossani' erreichten am selben Standort die höchsten Fallzahlen mit über 200 s. Die drei Landsorten zeigten sehr niedrige Fallzahlen unter dem Grenzwert von 150 s, wobei 'Norddeutscher Champagner' noch über 120 s lag. Am Standort Raasdorf zeigte sich kein signifikanter Unterschied zwischen der biologischen und konventionellen Bewirtschaftung. Die drei Hybridsorten 'SU Performer', 'SU Forsetti' und 'SU Cossani' erreichten auch hier die höchsten Fallzahlen. Die Hybridsorte 'Tur' brachte lediglich mittlere Ergebnisse der Fallzahlen.

Der deutliche Zuchtfortschritt in der Fallzahl durch die Hybridzüchtung wurde auch von Oberforster & Werteker (2011) ausgeführt. In den letzten beiden Jahrzehnten konnten allerdings auch bei Populationssorten deutliche züchterische Fortschritte in der Fallzahl realisiert werden (Laidig et al., 2017).

Ähnlich wie für den Standort Raasdorf in der vorliegenden Arbeit, konnte in der Studie von Järvan et al. (2018) kein Einfluss zwischen biologischer und konventioneller Bewirtschaftung auf die Fallzahl festgestellt werden. Vielmehr unterliegt die Fallzahl jährlichen Schwankungen, da die Fallzahl hauptsächlich durch die  $\alpha$ -Amylase-Aktivität bestimmt wird und diese stark von den Witterungsbedingungen zur Reifezeit abhängt. Zudem trägt die genotypische Variation bei Roggen nur zu einem geringen Prozentsatz (6-19%) für die Ausprägung der Qualitätsmerkmale bei (Laidig et al., 2017).

In der Studie von Laidig et al. (2017) wurde auch eine positive Korrelation zwischen dem Kornertrag und der Fallzahl gefunden, weil die Selektion in der Roggenzüchtung auf ertragsstarke und gleichzeitig auswuchstolerante Genotypen liegt. Kučerová (2009) zeigte eine positive Korrelation zwischen der Fallzahl und dem Pentosengehalt auf. Ein höherer Anteil an wasserunlöslichen Pentosanen führte zu höheren Fallzahlen. Jedoch ist das Verhältnis zwischen wasserlöslichen und wasserunlöslichen Pentosanen für eine verbesserte Backqualität bedeutend (Kučerová, 2009). Im Rahmen der vorliegenden Korrelationsanalysen konnte keine signifikante Korrelation zwischen der Fallzahl und dem WAX-Gehalt festgestellt werden (Tabelle A6). Folglich können sehr hohe Fallzahlen zu einem ungünstigen Pentosan-Stärke Verhältnis führen und sich negativ auf die Backqualität auswirken (Laidig et al., 2017). Die Ergebnisse der Korrelationsanalyse bestätigen eine signifikant negative Korrelation zwischen WAX und

Stärke ( $r=-0,476$ ;  $p<0,0001$ ) (Tabelle A6). Durch die intensive Züchtung auf Auswuchstoleranz und somit hohe Fallzahlen ergeben sich natürlich auch geringere Enzymaktivitäten in den Roggenmehlen moderner Sorten. Diese geringe Enzymaktivität wirkt sich negativ auf die Saftigkeit und die Frischhaltung von Roggenbrot aus, wodurch es notwendig ist, technologisch enzymarme Mehle zu korrigieren (CSM, 2020).

### **Stärkeverkleisterung**

Die Fallzahl zeigte eine hohe und signifikante Korrelation zu den RVA Parametern *Peak Viscosity*, *Trough*, *Breakdown*, *Final Viscosity*, *Setback* und *Peak Time* ( $r>0,94$ ;  $p<0,0001$ ). Die hohen Korrelationen zwischen Fallzahl und Viskosität bestätigen die Ergebnisse von mehreren anderen Studien in verschiedenen europäischen Ländern (Laidig et al., 2017; Jürgens et al., 2012; Kučerová, 2009).

Am Standort Edelhof variierte die maximale Viskosität zwischen 232 und 1340 cP sowie die finale Viskosität zwischen 79 und 1602 cP. Am Standort Raasdorf lagen die Viskositäten wesentlich höher: Beim biologischen Versuch zwischen 1133 und 2581 cP für die maximale Viskosität und 1684 bis 3416 cP für die finale Viskosität, beim konventionellen Versuch zwischen 697 und 2636 cP für die maximale Viskosität sowie zwischen 473 und 3474 cP für die finale Viskosität. Dabei zeigte die Populationssorte 'Elvi' im konventionellen Versuch bei der maximalen und finalen Viskosität einen Ausreißer nach unten. Die Populationssorte 'Hazlet' zeigte an allen drei österreichischen Versuchsstandorten die niedrigste maximale sowie finale Viskosität, wodurch kanadische Erfahrungen bestätigt werden konnten, dass diese Sorte die niedrigste Viskosität aller vergleichbaren Sorten hat und dadurch auch verdaulicher ist (SeedNet, 2021; Alberta Ag-Info Centre, 2016). Die drei Hybridsorten 'SU Performer', 'SU Forsetti' und 'SU Cossani' erreichten an allen drei österreichischen Versuchsstandorten die höchsten Werte der Viskosität sowie die höchsten Fallzahlen (Abbildung 28).

Jürgens et al. (2012) berichtet von einer Korrelation zwischen WAX, WUAX und dem Gesamtgehalt an AX mit der Viskosität. WAX erhöhen einerseits die Viskosität, die für die Brotherstellung einen positiven Einfluss haben (Järvan et al., 2018) und reduzieren andererseits die Nährstoffaufnahme bei Monogastrier in der Tierernährung (Jürgens et al., 2012). Diese Zusammenhänge konnten in der vorliegenden Arbeit nicht bestätigt werden (Tabelle A6).

Die Viskositätsanalysen mit Silbernitrat ( $\text{AgNO}_3$ ) zur Inaktivierung der  $\alpha$ -Amylase, brachte für den Standort Edelhof deutlich höhere Werte der maximalen als auch der finalen Viskosität. Diese Ergebnisse bestätigen den bereits eingesetzten Auswuchs am Standort Edelhof durch die erhöhte  $\alpha$ -Amylase-Aktivität, welcher sich durch niedrige RVA-Werte bzw. niedrige Fallzahlen äußerte.

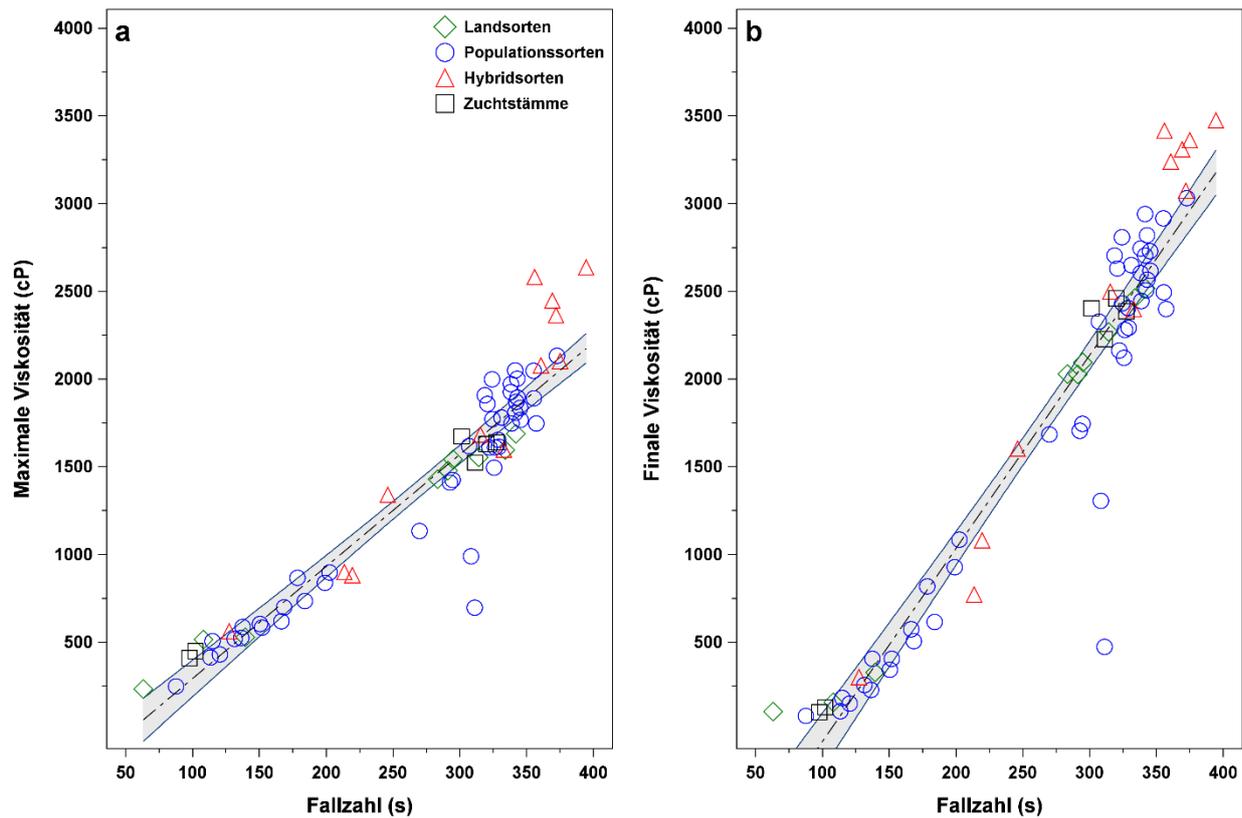


Abbildung 28: Einfluss der Sortentypen auf die Korrelationen zwischen (a) Fallzahl und maximaler Viskosität und (b) Fallzahl und finaler Viskosität der drei österreichischen Versuchsstandorte Edelhof, Raasdorf konventionell und Raasdorf biologisch.

#### 4.4 Univariate Stabilitätsanalysen

Tabelle 7 zeigt die Werte und Rangfolgen der vier Stabilitätsparameter, *Superiority Index*, Umweltvarianz, Ökovalenz und dem Regressionsansatz, die für die Bewertung der Ertragsstabilität herangezogen werden. Der *Superiority Index* berücksichtigt als einziger der vier Stabilitätsparameter auch das Ertragsniveau der Genotypen, weshalb bei diesem Parameter die drei Hybridsorten ‘SU Forsetti’, ‘SU Performer’ und ‘SU Cossani’ mit den höchsten und stabilsten Erträgen gewinnen. Anders sieht es bei der Umweltvarianz gemäß dem statischen Stabilitätskonzept aus. Bei diesem Stabilitätsmaß gewinnt die alte Landsorte ‘Lungauer Tauern’, welche zugleich den niedrigsten Ertrag lieferte. Dieses Stabilitätsmaß zeigt, dass bei der Berechnung der Umweltvarianz einerseits die absolute Ertragsleistung der einzelnen Genotypen unberücksichtigt bleibt, andererseits auch die unterschiedliche Produktivität der einzelnen Standorte nicht erfasst wird. Deshalb wird zur Identifikation der besten Genotypen das dynamische Stabilitätskonzept empfohlen, um gleichzeitig stabile und ertragreiche Genotypen zu finden (Becker & Leon, 1988). Bei der Ökovalenz zeigen sich die meisten Populationssorten, darunter ‘Elvi’, ‘Vambo’ und ‘Dankowskie Rubin’ als die ertragsstabilsten Genotypen. Diese Populationssorten weisen im Gegensatz zu

den Hybridsorten ein geringeres Ertragspotenzial, mit gleichzeitig geringerer GEI, auf. Die Hybridsorten 'SU Performer' und 'Tur' sowie die Populationsorte 'AC Rifle' weisen die höchsten Werte der Ökovalenz auf, was auf die hohe GEI zurückzuführen ist.

Bei der Regressionsanalyse nach Finlay & Wilkinson (1963) wird der Regressionskoeffizient  $b$  als Stabilitätsparameter herangezogen, während nach Eberhart & Russell (1966) die Varianz der Abweichung ( $s_d^2$ ) als Stabilitätsmaß verwendet wird (Lin et al., 1986). So zeigen bei der Regressionsanalyse die Landsorte 'Lungauer Tauern', gefolgt von der Populationsorte 'AC Rifle' die niedrigsten Werte von  $b < 1$  bei gleichzeitig niedrigen Werten von  $s_d^2$ , welche nach Haufe & Geidel (1978) als ertragstreue Extensivsorten eingeteilt werden. Diese beiden Genotypen sind an ertragsarme Standorte mit niedrigen Wintertemperaturen angepasst. Dagegen zeigen die Hybridsorten 'SU Forsetti' und 'SU Cossani' die höchsten Werte von  $b > 1$  und sind daher an ertragsstarke Umwelten angepasst. Die Hybridsorten 'SU Performer' und 'Tur' weisen die höchsten Werte von  $s_d^2$  mit einem  $b > 1$  auf und werden nach Eberhart & Russell (1966) als instabil angesehen und nach Haufe & Geidel (1978) als Intensivsorten mit geringer Ertragstreue eingestuft (Tabelle 7).

Tabelle 7: Ergebnisse und Rangfolge (kursiv) der einzelnen Stabilitätsmaße *Superiority Index*, Umweltvarianz, Ökovalenz und Regression.

Genotyp	<i>Superiority Index</i>		Umweltvarianz		Ökovalenz		Regression		
	Wert	Rang	Wert	Rang	Wert	Rang	<i>b</i>	<i>s<sub>d</sub><sup>2</sup></i>	Rang
ACR <sup>1</sup>	2036	23	174	2	2535	22	0,59	64,59	2
H3	1619	22	313	6	2207	19	0,83	96,26	3
H6	1600	21	304	4	1763	18	0,84	77,95	4
NCH	751	16	342	9	1146	12	0,95	53,45	8
DMT	727	13	424	18	1053	11	1,08	47,81	18
HAD	404	6	375	16	602	6	1,05	23,23	16
OPL	421	7	324	8	565	4	0,97	24,15	10
RUB	603	11	300	3	505	3	0,93	22,19	7
SKD	476	10	366	15	773	8	1,02	31,72	14
TKS	387	5	363	14	916	9	1,01	38,27	12
ELG	459	9	435	19	947	10	1,11	37,02	20
ELS	431	8	408	17	565	5	1,10	21,84	19
ELV	769	17	315	7	232	1	0,97	10,84	11
HAZ	747	15	350	11	1189	13	0,96	53,46	9
TAU	2761	24	158	1	2441	21	0,57	54,09	1
REE	607	12	358	12	693	7	1,01	28,15	13
SAN	1590	20	346	10	1569	14	0,93	71,73	6
COS	44	3	574	21	1572	15	1,29	40,41	23
FOR	25	1	623	24	2345	20	1,32	67,85	24
PER	31	2	601	23	2948	24	1,24	109,86	21
POP	892	18	446	20	1618	16	1,08	75,77	17
TUL	1207	19	311	5	1679	17	0,86	74,06	5
TF1	305	4	592	22	2551	23	1,25	92,07	22
VAM	737	14	362	13	439	2	1,03	19,32	15

<sup>1</sup> Abkürzungen Genotypen siehe Tabelle 2

#### 4.5 Multivariate Stabilitätsstatistik

Für die weitere Erforschung der signifikanten GEI wurden die zwei statistischen Modelle, AMMI und SREG (GGE), verwendet und in Form eines Biplot grafisch dargestellt. Abbildung 29 zeigt den AMMI Biplot welcher in Summe 52% der Gesamtvarianz der GEI im Merkmal Kornertrag erklärt. Im Biplot sind die Genotypen sowie die Umwelten gleichmäßig verstreut. Der Winkel zwischen den Vektoren repräsentiert die Korrelation zwischen den Umwelten. Ein spitzer Winkel  $<90^\circ$  kennzeichnet eine positive Korrelation, ein rechter Winkel keine Korrelation und ein Winkel  $>90^\circ$  eine negative Korrelation (Burgueño et al., 2001). Der Biplot zeigt das Verhalten der Genotypen in den unterschiedlichen Umwelten und verdeutlicht, dass der Unterschied im Kornertrag zwischen den Standorten größer als jener des Managements war, weil die Managementstufen der meisten Standorte, wie beispielsweise Koscian (KO1 und KO2), Jögeva (JG1 und JG2), Cicibor (CI1 und CI2) und Lethbridge (LB1 und LE1), nah beisammen liegen (Abbildung 29). Auch in der Varianzanalyse zeigten die Managementstufen keine signifikanten Unterschiede im Kornertrag

(Tabellen 4 und 5). Der Mittelpunkt des Biplot repräsentiert einen „virtuellen“ Genotyp mit einem mittleren Kornertrag in jeder Umwelt. Die meisten Populationssorten liegen nahe dem Ursprung und zeigen ähnliche Reaktionsmuster mit relativ geringer GEI und somit eine breite Anpassung an die Mehrheit der Umwelten. Im Gegensatz dazu zeigen die drei Hybridsorten ‘SU Forsetti’, ‘SU Performer’ und ‘SU Cossani’, aber auch ‘AC Rifle’ sowie ‘Lungauer Tauern’, hohe GEI und daher eine spezifische Anpassung an ertragsstarke bzw. ertragsarme Umwelten. Umwelten mit einem kurzen Vektor wie Raasdorf (RA1, RA0), Edelfhof (EH1) und Grünseiboldsdorf (BY1, BY2), haben eine geringere Interaktion mit ähnlichen Reaktionsmustern der Genotypen als solche, die weiter entfernt vom Mittelpunkt liegen. Wenn ein Genotyp und eine Umwelt in eine ähnliche Richtung weisen, so zeigen sie eine hohe positive Interaktion, wie zum Beispiel ‘AC Rifle’ und Lethbridge (LE1, LB1) oder die drei Hybridsorten ‘SU Forsetti’, ‘SU Performer’ und ‘SU Cossani’ in den Umwelten Groß Lüsewitz (GL) und Wulfsode (WU). Zeigen die Vektoren Genotyp und Umwelt in eine entgegengesetzte Richtung, so ist die Interaktion negativ.

Da die x-Achse des AMMI Modells durch den absoluten Kornertrag beeinflusst wird, kann die Leistung der einzelnen Genotypen abgelesen werden. Die drei Hybridsorten ‘SU Forsetti’, ‘SU Performer’ und ‘SU Cossani’ zeigen die höchsten Erträge und eine spezifische Anpassung, vor allem an ertragreiche Standorte wie z.B. Groß Lüsewitz. Im Gegensatz dazu zeigen die Genotypen ‘Lungauer Tauern’ und ‘AC Rifle’ die niedrigsten Erträge. Beide Genotypen wurden für Standorte mit niedrigen Wintertemperaturen selektiert. Die Winterhärte der Roggensorten gewinnt vor allem in den Anbaugeländen Nordeuropas und Kanada an Bedeutung, wo kontinentales Klima und tiefe Wintertemperaturen eine ausreichende Frosttoleranz erfordern (Hackauf et al., 2020). Die Landsorte ‘Norddeutscher Champagner’ erzielte überdurchschnittliche Erträge in 42% der Umwelten. Auffallend ist auch die Position der polnischen Hybridsorte ‘Tur’, die eine spezifische Anpassung an den polnischen Standort Cicibor zeigt und im Plot auch in der Nähe des zweiten polnischen Standort Koscian liegt.

Im Biplot des SREG-Modells erklären die erste und zweite Hauptkomponente rund 91% der Gesamtvarianz des Kornertrags (Abbildung 30). Der GGE Biplot ermöglicht zusätzlich die Unterteilung der Testumwelten in sogenannte Mega-Umwelten. Die Genotypen innerhalb einer Mega-Umwelt sind am besten an die Standorte dieser Mega-Umwelt angepasst und zeigen ähnliche Reaktionsmuster (Yan et al., 2007). In diesem Fall beinhaltet eine Mega-Umwelt die Standorte Edelfhof, Groß Lüsewitz, Jögeva, Lethbridge und Wulfsode, die zweite Mega-Umwelt inkludiert die Standorte Cicibor, Kleptow, Koscian und Langenstein. Eine Überlappung zwischen den zwei Mega-Umwelten ist für die Standorte Bornhof, Grünseiboldsdorf und Raasdorf gegeben, die statistisch gesehen zur zweiten Mega-Umwelt gehören, jedoch näher bei der ersten Mega-Umwelt liegen (Abbildung 30). Um jedoch eine Zielumwelt in verschiedene Mega-Umwelten zu unterteilen, sind Daten aus mehreren Versuchsjahren entscheidend (Yan et al., 2007), um zwischen wiederholbaren und nicht wiederholbaren GEI zu selektieren (Yan, 2016). Die überlappenden Standorte

könnten daher in weiteren Versuchsjahren auch in die erste Mega-Umwelt fallen. Durch die Selektion innerhalb einer Mega-Umwelt kann die wiederholbare GEI genutzt werden. Nicht wiederholbare GEI sollen durch repräsentative, mehrortige und mehrjährige Versuche und durch die Selektion auf hohe mittlere Leistung und hohe Stabilität innerhalb der Mega-Umwelt vermieden werden (Yan, 2016).

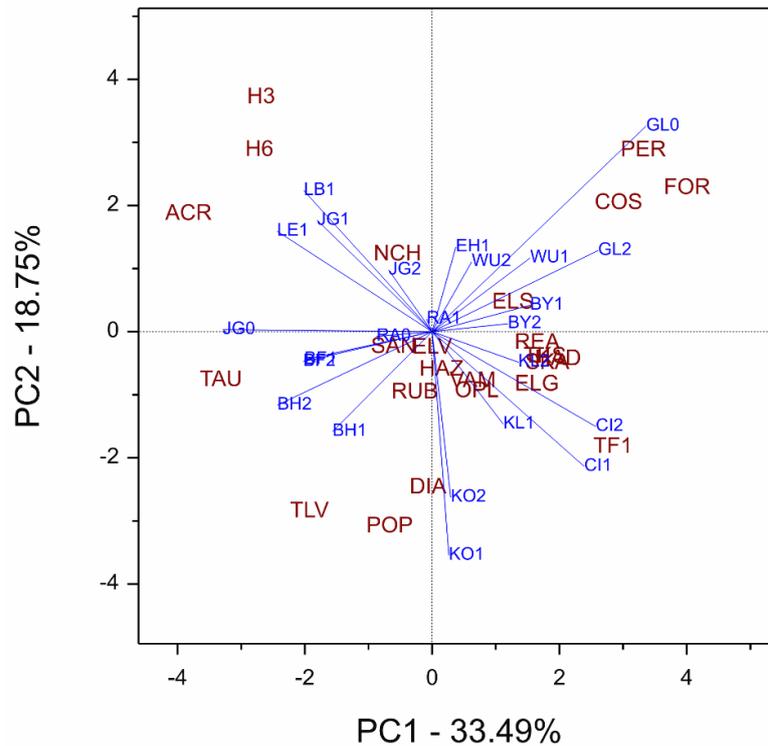


Abbildung 29: AMMI Biplot für das Merkmal Kornertrag. Genotypen sind rot und Umwelten mit blauen Vektoren gekennzeichnet. Abkürzungen der Genotypen und Umwelten siehe Tabellen 2 und 3.

Auch im GGE Biplot sind die drei Hybridsorten 'SU Forsetti', 'SU Performer' und 'SU Cossani' bei weitem die ertragsstärksten Genotypen in allen Umwelten, trotz einer hohen GEI, und fallen statistisch in die erste Mega-Umwelt. In der zweiten Mega-Umwelt zeigt sich die Hybridsorte 'Tur' als die ertragsstärkste Sorte, gefolgt von dem Großteil der Populationssorten, die im Gegensatz zu den Hybridsorten geringere GEI zeigen (Abbildung 30). Populationssorten weisen im Gegensatz zu Hybridsorten ein hohes Maß an Heterogenität auf und zeigen geringere GEI und werden zudem als ertragsstabiler angesehen. Jedoch können Populationssorten aufgrund der heterogenen Struktur ihr Ertragspotenzial im Vergleich zu Hybridsorten nicht völlig ausschöpfen (Annicchiarico, 2002).



## 5 ZUSAMMENFASSUNG UND SCHLUSSFOLGERUNG

In dieser Arbeit wurden Hybrid- und Populationsroggensorten, sowie alte Landsorten und aktuelle Zuchtstämme auf ihre agronomischen und qualitativen Merkmale untersucht. Dieser Sortenversuch wurde 2019/20 im Rahmen des Projektes RYE-SUS als „Vorversuch“ an mehreren in- und ausländischen Versuchsstandorten angelegt und unter den drei Managementsystemen biologisch, „Low-input“ und „High-input“ bewirtschaftet. Im Vordergrund dieses Projektes steht die Reduktion der Wuchshöhe des Roggens durch die Nutzung eines dominant vererbten Kurzstohgenes (*Ddw1*). Dabei wurde *Ddw1* erstmals in die Saatelterlinie ‘Petkus’ eingekreuzt, um halbzwegige Hybridsorten mit dem ‘Pampa’-Cytoplasma zu entwickeln. Das Pflanzenmaterial dieser Versuchsserie ist jedoch noch nicht mit dem *Ddw1* Gen ausgestattet.

Das Ziel dieser Arbeit war es, Unterschiede zwischen den Genotypen bzw. Sortentypen hinsichtlich ihrer agronomischen und qualitativen Merkmale zu untersuchen. Dabei wurden Daten zu agronomischen und qualitativen Merkmalen der ausländischen Versuchsstandorte von den beteiligten Projektpartnern zur Verfügung gestellt. Für die Berechnung der Ertragsstabilität kamen verschiedene Stabilitätsparameter zum Einsatz. Um die signifikante GEI genauer zu betrachten, wurden auch die multivariaten Modelle AMMI und SREG (=GGE) für die Analyse der mehrortigen Ertragsversuche verwendet. Die Qualitätsparameter TKM, HLG, Protein-, Stärke-, Feuchtegehalt, Fallzahl und Viskositätseigenschaften der österreichischen Versuchsstandorte wurden in der Saatzucht Edelhof und im Labor des Departments für Lebensmittelwissenschaften und Lebensmitteltechnologie der Universität für Bodenkultur erhoben. Für die Qualitätsanalyse kamen verschiedene instrumentelle Methoden zum Einsatz, darunter NIRS, die Messung der Fallzahl nach Hagberg und der RVA zur Bestimmung der Viskositätseigenschaften der Stärke.

Der Vergleich der Kornerträge zwischen den Sortentypen ergab signifikant höhere Kornerträge von +27% bei den Hybridsorten im Gegensatz zu den Populationssorten. Die Landsorten zeigten einen weiteren signifikant niedrigeren Kornertrag von -25% zu den Populationssorten. Die Managementstufen biologisch, „Low-input“ und „High-input“ zeigten statistisch keine signifikanten Unterschiede im Kornertrag. Bei der Berechnung der Ertragsstabilität nach dem *Superiority Index* sowie der Modelle AMMI und GGE zeigten sich die drei Hybridsorten ‘SU Performer’, ‘SU Forsetti’ und ‘SU Cossani’ als die ertragreichsten und stabilsten Genotypen. Diese drei Hybridsorten können ihr Ertragspotenzial trotz einer hohen GEI vor allem an ertragreichen Standorten ausschöpfen und werden daher als Intensivsorten eingestuft. Der Großteil der Populationssorten ergab eine mittlere Ertragsleistung bei gleichzeitig stabileren Erträgen im Vergleich zu den Hybridsorten. Zudem sind diese Populationssorten an eine breite Umwelt angepasst. Die alte Landsorte ‘Lungauer Tauern’ erzielte den niedrigsten Kornertrag, gefolgt von der Populationssorte ‘AC Rifle’ und zählen gemäß der Stabilitätsparameter Umweltvarianz und Regression zu den ertragsstabilsten

Genotypen. Diese beiden Genotypen wurden auf Extremstandorten mit niedrigen Wintertemperaturen selektiert, um das Ertragsdefizit kompensieren zu können und werden als Extensivsorten eingestuft.

Die Wuchshöhe zeigte signifikante Unterschiede zwischen den Hybrid-, Populations- und Landsorten. Die Hybridsorten als auch die zwei Zuchtstämme erreichten durchschnittlich niedrigere Wuchshöhen von 10 cm im Vergleich zu den Populationssorten. Die drei Landsorten erreichten Wuchshöhen von über 170 cm und neigten zum Lagern. 'AC Rifle' erreichte innerhalb der Populationssorten den niedrigsten Kornertrag und die niedrigste Wuchshöhe sowie auch die niedrigsten Werte der Tausendkornmasse und des Hektolitergewichtes. Ein hohes Hektolitergewicht von mindestens 70 kg konnte von allen Hybrid- und Populationssorten erreicht werden, lediglich zwei alte Landsorten bzw. die zwei Zuchtstämme lagen unter diesem Mindestwert von österreichischen Anbaulieferverträgen. Weiters konnte ein signifikanter Züchtungsfortschritt in der Wuchshöhe, im Kornertrag und im Hektolitergewicht von den alten Landsorten zu den modernen Hybrid- und Populationssorten festgestellt werden.

Bei der Fallzahlanalyse wurden am Standort Edelhof signifikant niedrigere Fallzahlen als am Standort Raasdorf gemessen. Die drei Hybridsorten 'SU Performer', 'SU Forsetti' und 'SU Cossani' erreichten an allen drei österreichischen Standorten die höchsten Fallzahlen. Die Fallzahl zeigte eine hohe und signifikante Korrelation zu den RVA Parametern. Innerhalb der Populationssorten erreichte 'Hazlet' an allen Standorten die niedrigsten Werte der Viskosität sowie den durchschnittlich niedrigsten Gehalt an WAX. Durch die RVA Analysen mittels Silbernitrat zur Inhibierung der  $\alpha$ -Amylase konnten am Standort Edelhof deutlich höhere Viskositäten erreicht werden und somit ein klarer Einfluss von bereits fortgeschrittenem, latentem Auswuchs aufgezeigt werden. Die signifikanten Unterschiede zwischen den beiden österreichischen Standorten waren durch die stark unterschiedlichen Witterungsbedingungen bei der Abreife bedingt.

Die geforderten Zuchtziele einer hohen Ertragsleistung und hohen Auswuchstoleranz konnte vor allem von den Hybridsorten 'SU Performer', 'SU Forsetti' und 'SU Cossani' erreicht werden. Diese drei Hybridsorten erreichten an allen Versuchsstandorten die höchsten Erträge trotz einer hohen GEI. Die Populationssorte 'Elias' erreichte niedrige Werte der Ökovalenz und wird als ertragsstabil angesehen, zudem wurde von keiner anderen Populationssorte ein signifikant höherer Ertrag erzielt. 'Elias' erreichte mittlere Fallzahlen von über 150 s am Standort Edelhof. Die Populationssorte 'AC Rifle' zeigte als einziger Halbzwergrögen negative Auswirkungen auf den Ertrag und auf die qualitativen Merkmale.

## 6 LITERATURVERZEICHNIS

- Adolf K., Winkel A. (1985): A new source of spontaneous sterility in winter rye - preliminary results. Proc. EUCARPIA Meeting of the Cereal Section on Rye, Sweden, pp. 293-307.
- AGES (2020): Österreichische Beschreibende Sortenliste 2020 - Landwirtschaftliche Pflanzenarten. Schriftenreihe 21/2020. Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit (AGES), Wien.
- AGES (2021): Österreichische Beschreibende Sortenliste 2021 - Landwirtschaftliche Pflanzenarten. Schriftenreihe 21/2021. Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit (AGES), Wien.
- Alander J. T., Bochko V., Martinkauppi B., Saranwong S., Mantere T. (2013): A review of optical nondestructive visual and near-infrared methods for food quality and safety. *Int. J. Spectrosc.* 2013, 341402. <https://doi.org/10.1155/2013/341402>
- Alberta Ag-Info Centre (2016): Varieties of cereal and oilseed crops for Alberta. Agri-Facts Agdex 100-32. [<https://open.alberta.ca/dataset/bb43134c-ee4a-4823-83f0-eea670413495/resource/cc2691c4-900a-4514-a616-c22993f37209/download/2016-100-32-1.pdf>; besucht am 6. April 2021]
- Allard R. W., Bradshaw A. D. (1964): Implications of genotype-environment interactions in applied plant breeding. *Crop Sci.* 4, 503-508. <https://doi.org/10.2135/cropsci1964.0011183X000400050021x>
- An H., Owens J., Stoeckli J., Hao X., Beres B., Li Y. (2020): Nitrous oxide emissions following split fertilizer application on winter wheat grown on Mollisols of Southern Alberta, Canada. *Geoderma Reg.* 21, e00272. <https://doi.org/10.1016/j.geodrs.2020.e00272>
- Annicchiarico P. (2002): Genotype × environment interactions: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. FAO Plant Production and Protection Paper 174.
- Anonymus (2012): Roggenpollen für die Medizin. *Kurier*, 8. Juni 2012 (Chronik, Niederösterreich). [<https://kurier.at/chronik/niederosterreich/roggenpollen-fuer-die-medizin/789.733>; besucht am 26. November 2021]
- Balet S., Guelpa A., Fox G., Manley M. (2019): Rapid Visco Analyser (RVA) as a tool for measuring starch-related physicochemical properties in cereals: a review. *Food Anal. Meth.* 12, 2344-2360. <https://doi.org/10.1007/s12161-019-01581-w>
- Batey I. L. (2007): Interpretation of RVA curves. In: Crosbie G. B., Ross A. S. (Eds.), *The RVA handbook*, pp. 19-30. AACC International, St. Paul, MN.
- Batey I. L., Curtin B. M. (2000): Effects on pasting viscosity of starch and flour from different operating conditions for the Rapid Visco Analyser. *Cereal Chem.* 77, 754-760. <https://doi.org/10.1094/CHEM.2000.77.6.754>
- Becker H. (2019): Quantitative Genetik. In: *Pflanzenzüchtung*, 3. Aufl., pp 127-132. Eugen Ulmer KG, Stuttgart.
- Becker H. C., Leon J. (1988): Stability analysis in plant breeding. *Plant Breed.* 101, 1-23. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.1988.tb00261.x>

- Bengtsson S., Andersson R., Westerlund E., Åman P. (1992): Content, structure and viscosity of soluble arabinoxylans in rye grain from several countries. *J. Sci. Food Agric.* 58, 331-337. <https://doi.org/10.1002/jsfa.2740580307>
- BFW (2021): eBod - Digitale Bodenkarte. Bundesforschungszentrum für Wald (BFW), Wien. [<https://bodenkarte.at>; besucht am 16. Februar 2021]
- BGR (2021): BGR Bodenatlas. Bundesanstalt für Geowissenschaften und Rohstoffe (BGR), Hannover. [<https://geoviewer.bgr.de/mapapps4/resources/apps/bodenatlas/index.html?lang=de&tab=boedenDeutschlands>; besucht am 7. Oktober 2021]
- Birchler J. A., Yao H., Chudalayandi S., Vaiman D., Veitia R. A. (2010): Heterosis. *Plant Cell* 22, 2105-2112. <https://doi.org/10.1105/tpc.110.076133>
- BMLRT (2020): Grüner Bericht 2020. Die Situation der österreichischen Land- und Forstwirtschaft. 61. Aufl. Bundesministerium für Landwirtschaft, Regionen und Tourismus (BMLRT), Wien.
- Booth R., Bason M. (2007): Principles of operation and experimental techniques. In: Crosbie G. B., Ross A. S. (Eds.), *The RVA handbook*, pp. 1-17. AACC International, St. Paul, MN.
- Börner A., Korzun V., Polley A., Malyshev S., Melz G. (1998): Genetics and molecular mapping of a male fertility restoration locus (*Rfg1*) in rye (*Secale cereale* L.). *Theor. Appl. Genet.* 97, 99-102. <https://doi.org/10.1007/s001220050871>
- Boros D. (2007): Quality aspects of rye for feed purposes. *Vorträge für Pflanzenzüchtung* 71, 80-85.
- Braun E. M., Tsvetkova N., Rotter B., Siekmann D., Schwefel K., Krezdorn N., Plieske J., Winter P., Melz G., Voylokov A. V., Hackauf B. (2019): Gene expression profiling and fine mapping identifies a gibberellin 2-oxidase gene co-segregating with the dominant dwarfing gene *Ddw1* in rye (*Secale cereale* L.). *Front. Plant Sci.* 10, 857. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00857>
- Buksa K., Nowotna A., Praznik W., Gambuś H., Ziobro R., Krawontka J. (2010): The role of pentosans and starch in baking of wholemeal rye bread. *Food Res. Int.* 43, 2045-2051. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2010.06.005>
- Buksa K., Praznik W., Loeppert R., Nowotna A. (2016): Characterization of water and alkali extractable arabinoxylan from wheat and rye under standardized conditions. *J. Food Sci. Technol.* 53, 1389-1398. <https://doi.org/10.1007/s13197-015-2135-2>
- Burgueño J., Crossa J., Vargas M. (2001): SAS programs for graphing GE and GGE biplots. Biometrics and Statistics Unit, CIMMYT, Mexiko.
- CSM (2020): Backforum Bingen, Erntebericht 2020. CSM Deutschland GmbH, Bingen am Rhein. [[https://germany.theworldofbaking.com/media/wysiwyg/erntebericht/csm\\_erntebericht-2020.pdf](https://germany.theworldofbaking.com/media/wysiwyg/erntebericht/csm_erntebericht-2020.pdf); besucht am 30. November 2021]
- Cyran M., Cygankiewicz A. (2004): Variability in the content of water-extractable and water-unextractable non-starch polysaccharides in rye flour and their relationship to baking quality parameters. *Cereal Res. Commun.* 32, 143-150. <https://doi.org/10.1007/BF03543292>

- Deleu L. J., Lemmens E., Redant L., Delcour J. A. (2020): The major constituents of rye (*Secale cereale* L.) flour and their role in the production of rye bread, a food product to which a multitude of health aspects are ascribed. *Cereal Chem.* 97, 739-754. <https://doi.org/10.1002/cche.10306>
- Eberhart S. A., Russell W. A. (1966): Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6, 36-40. <https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x>
- European Commission (2021): EU plant variety database – Agricultural species. Directorate-General for Communication, European Commission, Brussels. [[https://ec.europa.eu/food/plant/plant\\_propagation\\_material/plant\\_variety\\_catalogues\\_databases/search/public/index.cfm?event=SearchForm&ctl\\_type=A](https://ec.europa.eu/food/plant/plant_propagation_material/plant_variety_catalogues_databases/search/public/index.cfm?event=SearchForm&ctl_type=A); besucht am 3. Februar 2021]
- FAO (2019): FAOSTAT – Production, crops. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Statistics Division, Rome. [<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>; besucht am 11. Februar 2021]
- Finlay K. W., Wilkinson G. N. (1963): The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Aust. J. Agric. Res.* 14, 742-754. <https://doi.org/10.1071/AR9630742>
- FOSS (2012): Infratec 1241 - Grain analyser for grain and flour. Foss, Denmark. [[https://www.gerber-instruments.com/files/gerberinstruments\\_files/pdf/FOSS/FOSS%20Getreide/Infratec\\_1241\\_Solution\\_Brochure\\_GB\\_web%20pdf.pdf](https://www.gerber-instruments.com/files/gerberinstruments_files/pdf/FOSS/FOSS%20Getreide/Infratec_1241_Solution_Brochure_GB_web%20pdf.pdf); besucht am 10. Februar 2021]
- Garimella Purna S. K., Shi Y. C., Guan L., Wilson J. D., Graybosch R. A. (2015): Factors governing pasting properties of waxy wheat flours. *Cereal Chem.* 92, 529-535. <https://doi.org/10.1094/CCHEM-10-14-0209-R>
- Gauch H. G. (2006): Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Sci.* 46, 1488-1500. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.07-0193>
- Geiger H. H., Miedaner T. (2009): Rye breeding. In: Carena M. J. (Ed.), *Cereals - Handbook of plant breeding*, Vol. 3, pp. 157-181. Springer-Verlag, New York. <https://doi.org/10.1007/978-0-387-72297-9>
- Geiger H. H., Schnell F. W. (1970): Cytoplasmic male sterility in rye (*Secale cereale* L.). *Crop Sci.* 10, 590-593. <https://doi.org/10.2135/cropsci1970.0011183X001000050043x>
- Grądzielewska A., Milczarski P., Molik K., Pawłowska E. (2020): Identification and mapping of a new recessive dwarfing gene *dw9* on the 6RL rye chromosome and its phenotypic effects. *PLoS One* 15, e0229564. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0229564>
- Hackauf B., Rahman Shawon A., Tsvetkova N., Plieske J., Miller J., Ragupathy R., Haikaa H., Maninnen O., Tupits I., Tamm I., Tenhola-Roininen T., Tanhuanpää P., Laine A., Hanek M., Banaszak K., Niewinska M., Siekmann D., Zechner E., Wieser F., Bergjord Olsen A.K., Waalen W., Kottmann L., Schittenhelm S., Baga M., Chibbar R.N., Feike T., Voylokov A.V., Fromme F.J., Grausgruber H. (2020): RYE-SUS: a transnational approach to support sustainable grain production in changing environments. 70. Jahrestagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs 2019, pp. 61-69. HBLFA Raumberg-Gumpenstein, Irdning. [http://www.saatgut-austria.at/MEDIA/Tagungsband70\\_2019.pdf](http://www.saatgut-austria.at/MEDIA/Tagungsband70_2019.pdf)

- Hansen H. B., Møller B., Andersen S. B., Jørgensen J. R., Hansen Å. (2004): Grain characteristics, chemical composition, and functional properties of rye (*Secale cereale* L.) as influenced by genotype and harvest year. *J. Agric. Food Chem.* 52, 2282-2291. <https://doi.org/10.1021/jf0307191>
- Haufe W., Geidel H. (1978): Zur Beurteilung der Ertragssicherheit von Sorten und Zuchtstämmen. I. Definitionen, Stabilitätsparameter und deren Interpretationsmöglichkeiten. *Z. Pflanzzücht.* 80, 24-37.
- Hedden P. (2003): The genes of the Green Revolution. *Trends. Genet.* 19, 5-9. [https://doi.org/10.1016/s0168-9525\(02\)00009-4](https://doi.org/10.1016/s0168-9525(02)00009-4)
- Hede A. R., Skovmand B., Ribaut J.-M., González-de-León D., Stølen O. (2001) Evaluation of aluminium tolerance in a spring rye collection by hydroponic screening. *Plant Breed.* 121, 241-248. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0523.2002.00706.x>
- Hybro Saatzucht (2021): Sorten. Hybro Saatzucht GmbH & CoKG, Schenkenberg [<https://www.hybro.de/index.cfm/nav/1140/action/hydrovariety.html>; besucht am 26. November 2021]
- Järvan M., Lukme L., Tupits I., Akk A. (2018): The productivity, quality and bread-making properties of organically and conventionally grown winter rye. *Zemdirbyste - Agriculture* 105, 323-330. <https://doi.org/10.13080/z-a.2018.105.041>
- Jensen N. F. (1976): Floating checks for plant breeding nurseries. *Cereal Res. Commun.* 4, 285-295. <https://www.jstor.org/stable/23777590>
- Jones A., Motanarella L., Jones R. (2005): Soil atlas of Europe. European Commission, Joint Research Centre, European Soil Data Centre (ESDAC) Bureau, JRC32396, Luxembourg.
- Jürgens H. U., Jansen G., Wegener C. B. (2012): Characterisation of several rye cultivars with respect to arabinoxylans and extract viscosity. *J. Agric. Sci.* 4, 1-12. <https://doi.org/10.5539/jas.v4n5p1>
- Katzung B. G. (2012): Histamine, serotonin, & the ergot alkaloids. In: Katzung B. G., Masters S. B., Trevor A. J. (Eds.), *Basic & clinical pharmacology*, 12<sup>th</sup> Ed., pp. 273-293. McGraw-Hill, New York.
- Keehn A., Taylor J., Lowe F. C. (2016): Phytotherapy for benign prostatic hyperplasia. *Curr. Urol. Rep.* 17, 53. <https://doi.org/10.1007/s11934-016-0609-z>
- Kobylyanski V. D. (1971): The production of sterile analogues of winter rye, sterility maintainers and fertility restorers. *Tr. Prikl. Bot. Genet. Sel.* 44, 76-84 (in Russian).
- Kobylyanski V. D. (1972): On the genetics of the dominant factor of short-strawed rye. *Genetika* 8, 12-17.
- Kobyliansky V. D., Solodukhina O. V., Lunegova I. V., Novikova S. P., Hlopyuk M. S., Makarov V. I. (2017) Rye breeding for low-pentosans and possibility of its use in animal feeding. *Proc. Appl. Bot. Genet. Breed.* 178, 31-40 (in Russian, English abstract). <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2017-1-31-40>
- Korzun V., Malyshev S., Voylokov A., Börner A. (1997) RFLP-based mapping of three mutant loci in rye (*Secale cereale* L.) and their relation to homoeologous loci within the *Gramineae*. *Theor. Appl. Genet.* 95, 468-473. <https://doi.org/10.1007/s001220050584>

- Kranz, A. R. (1973): Wildarten und Primitivformen des Roggens (*Secale L.*). Cytogenetik, Genökologie, Evolution und züchterische Bedeutung. Fortschritte der Pflanzenzüchtung 3, Beihefte zur Zeitschrift für Pflanzenzüchtung. Verlag Paul Parey, Hamburg.
- Kučerová J. (2009): Effects of location and year on technological quality and pentosan content in rye. Czech J. Food Sci. 27, 418-424. <https://doi.org/10.17221/8/2009-CJFS>
- Laidig F., Feike T., Klocke B., Macholdt J., Miedaner T., Rentel D., Piepho H. P. (2021): Long-term breeding progress of yield, yield-related, and disease resistance traits in five cereal crops of German variety trials. Theor. Appl. Genet. 134, 3805-3827. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03929-5>
- Laidig F., Piepho H. P., Rentel D., Drobek T., Meyer U., Huesken A. (2017): Breeding progress, variation, and correlation of grain and quality traits in winter rye hybrid and population varieties and national on-farm progress in Germany over 26 years. Theor. Appl. Genet. 130, 981-998. <https://doi.org/10.1007/s00122-017-2865-9>
- Laube W., Quadt F. (1959): Roggen, *Secale cereale L.* In: Kappert H., Rudolf W. (Hrsg.), Handbuch der Pflanzenzüchtung. 2. Aufl., Bd. 2 – Züchtung der Getreidearten, pp. 35-102. Paul Parey, Berlin.
- Lin C. S., Binns M. R. (1988): A superiority measure of cultivar performance for cultivar × location data. Can. J. Plant Sci. 68, 193-198. <https://doi.org/10.4141/cjps88-018>
- Lin C. S., Binns M. R., Lefkovitch L. P. (1986): Stability analysis: Where do we stand? Crop Sci. 26, 894-900. <https://doi.org/10.2135/cropsci1986.0011183X002600050012x>
- Linina A., Kunkulberga D., Kronberga A., Locmele I. (2019): Winter rye grain quality of hybrid and population cultivars. Agron. Res. 17 (S2), 1380-1389. <https://doi.org/10.15159/AR.19.058>
- Lo S. F., Ho T. D., Liu Y. L., Jiang M. J., Hsieh K. T., Chen K. T., Yu L. C., Lee M. H., Chen C. Y., Huang T. P., Kojima M., Sakakibara H., Chen L. J., Yu S. M. (2017): Ectopic expression of specific GA2 oxidase mutants promotes yield and stress tolerance in rice. Plant Biotechnol. J. 15, 850-864. <https://doi.org/10.1111/pbi.12681>
- McLeod J. G., Gan Y. (2008): Hazlet winter rye. Can. J. Plant Sci. 88, 527-529. <https://doi.org/10.4141/CJPS07171>
- McLeod J. G., Payne J. F. (1996): AC Rifle winter rye. Can. J. Plant Sci. 76, 143-144. <https://doi.org/10.4141/cjps96-026>
- Melz G. (1989): Beiträge zur Genetik des Roggens (*Secale cereale L.*). PhD thesis, Berlin.
- Melz G., Adolf K. (1991): Genetic analysis of rye (*Secale cereale L.*) - Genetics of male sterility of the G-type. Theor. Appl. Genet. 82, 761-764. <https://doi.org/10.1007/BF00227322>
- Melz G., Melz G., Hartmann F. (2003): Genetics of a male-sterile rye of 'G-type' with results of the first F1-hybrids. Plant Breed. Seed Sci. 47, 47-55.
- Miedaner T. (1997): Roggen - Vom Unkraut zur Volksnahrung. DLG-Verlag-GmbH, Frankfurt am Main.
- Miedaner T. (2014): Roggen - Anspruchslos und hartnäckig. In: Kulturpflanzen, pp 61-89. Springer-Verlag, Berlin. [https://doi.org/10.1007/978-3-642-55293-9\\_3](https://doi.org/10.1007/978-3-642-55293-9_3)

- Miedaner T. (2017): Fremdbefruchter - Offenbestäubte Populationsorte: Roggen. In: Grundlagen der Pflanzenzüchtung, 2. Aufl., pp 161-271. DLG-Verlag-GmbH, Frankfurt am Main.
- Miedaner T., Geiger H. H. (2015): Biology, genetics, and management of ergot (*Claviceps* spp.) in rye, sorghum, and pearl millet. *Toxins* 7, 659-678. <https://doi.org/10.3390/toxins7030659>
- Miedaner T., Hübner M. (2011): Qualitätsansprüche für unterschiedliche Verwendungszwecke bei Hybridroggen. 61. Tagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs 2010, pp. 45-49. HBLFA Raumberg-Gumpenstein, Irdning.
- Miedaner T., Herter C. P., Goßlau H., Wilde P., Hackauf B. (2017): Correlated effects of exotic pollen-fertility restorer genes on agronomic and quality traits of hybrid rye. *Plant Breed.* 136, 224-229. <https://doi.org/10.1111/pbr.12456>
- Miller C. E. (2001): Chemical principles of near-infrared technology. In: Williams P., Norris K. (Eds.), *Near-infrared technology in the agricultural and food industries*, 2<sup>nd</sup> Ed., pp. 19-37. Am. Ass. Cereal Chem., St. Paul, MN.
- NASA (2021): Agroclimatology. National Aeronautics and Space Administration (NASA), Hampton, VA. [<https://power.larc.nasa.gov/data-access-viewer/>; besucht am 9. Juni 2021]
- Oberforster M., Werteker M. (2011): Inverse und nicht inverse Beziehungen von Kornertrag und Qualität im österreichischen Sortenspektrum von Weizen, Gerste und Roggen. 61. Tagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs 2010, pp 9-17. HBLFA Raumberg-Gumpenstein, Irdning.
- Perten H. (1964): Application of the falling number method for evaluating alpha-amylase activity. *Cereal Chem.* 41, 127-140.
- Pettersson H., Åberg L. (2003): Near infrared spectroscopy for determination of mycotoxins in cereals. *Food Control* 14, 229-232. [https://doi.org/10.1016/S0956-7135\(03\)00011-2](https://doi.org/10.1016/S0956-7135(03)00011-2)
- Piepho H. P. (2005): Erfassung der phänotypischen Stabilität in züchterischen Versuchen. 56. Jahrestagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, pp. 93-98. HBLFA Raumberg-Gumpenstein, Irdning.
- Plarre W. (1985): Roggen, *Secale cereale* L. In: Fischbeck G., Schuster W. (Hrsg.), *Lehrbuch der Züchtung landwirtschaftlicher Kulturpflanzen*, 2. Aufl., Bd. 2 – Spezieller Teil, pp. 137-152. Paul Parey, Berlin.
- Plaza-Wüthrich S., Blösch R., Rindisbacher A., Cannarozzi G., Tadele Z. (2016): Gibberellin deficiency confers both lodging and drought tolerance in small cereals. *Front. Plant Sci.* 7, 643. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00643>
- Pohl F., Senn T. (2011): A rapid and sensitive method for the evaluation of cereal grains in bioethanol production using near infrared reflectance spectroscopy. *Bioresour. Technol.* 102, 2834-2841. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2010.10.058>
- Putt E. D. (1954): Cytogenetic studies of sterility in rye. *Can. J. Agric. Sci.* 34, 81-119. <https://doi.org/10.4141/agsci-1954-0013>

- Ragaei S., Abdel-Aal E.-S. M. (2006): Pasting properties of starch and protein in selected cereals and quality of their food products. *Food Chem.* 95, 9-18. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2004.12.012>
- Reitz L. P., Salmon S. C. (1968): Origin, history, and use of Norin 10 wheat. *Crop Sci.* 8, 686-689. <https://doi.org/10.2135/cropsci1968.0011183X000800060014x>
- Robert N., Denis J. B. (1996): Stability of baking quality in bread wheat using several statistical parameters. *Theor. Appl. Genet.* 93, 172-178. <https://doi.org/10.1007/BF00225742>
- Römer T. (1917): Sind die ertragreichen Sorten ertragssicherer? *Mitt. Deut. Landw. Ges.* 32, 87-89.
- Römer T. (1941): Roggen (*Secale cereale* L.). In: Römer T., Rudolf W. (Hrsg.), *Handbuch der Pflanzenzüchtung*, Bd. 1 – Grundlagen der Pflanzenzüchtung, pp. 34-74. Paul Parey, Berlin.
- Saaten-Union (2021): Hybridwinterroggen. Saaten-Union GmbH, Isernhagen. [[https://www.saaten-union.de/varfinder/6\\_Hybridwinterroggen?plz=&culture=6](https://www.saaten-union.de/varfinder/6_Hybridwinterroggen?plz=&culture=6); besucht am 7. Oktober 2021]
- Saatzucht Edelhof (2021): Winterroggen. Saatzucht Edelhof, Zwettl. [<https://saatzucht-edelhof.at/sorten-saatgut/winterroggen/>; besucht am 7. Oktober 2021]
- SeedNet (2021): KWS Daniello hybrid fall rye. SeedNet, Inc., Lethbridge, AB. [<https://seednet.ca/variety/kws-daniello-hybrid-fall-rye/>; besucht am 30. November 2021]
- Shindler M. (2016): From east Asia to south Asia, via Mexico: how one gene changed the course of history. The story of how Japanese wheat variety Norin 10 saved millions from starvation and revolutionized the world of wheat. CIMMYT Features - Nutrition, health and food security, International Maize and Wheat Improvement Center, El Batán, Texcoco, Mexico. [<https://www.cimmyt.org/news/from-east-asia-to-south-asia-via-mexico-how-one-gene-changed-the-course-of-history/>; besucht 26. November 2021].
- Spitzer M., Wildenhain J., Rappsilber J., Tyers M. (2014): BoxPlotR: a web tool for generation of box plots. *Nat. Methods* 11, 121-122. <https://doi.org/10.1038/nmeth.2811>
- Statistik Austria (2020): Ackerflächen 2019 - Getreide - Roggen. Bundesanstalt Statistik Österreich, Wien. [[https://www.statistik.at/web\\_de/nomenu/suchergebnisse/index.html](https://www.statistik.at/web_de/nomenu/suchergebnisse/index.html); besucht am 2. Oktober 2020]
- Stockhammer W. (2007): Eine Dokumentation zur Geschichte des Lungauer Tauernroggens und zu seiner züchterischen Bearbeitung bis zum Jahr 1975. RegioMarket-Lebensraum Lungau, Vortrag Dr. Stockhammer.
- Vendelbo N. M., Sarup P., Orabi J., Kristensen P. S., Jahoor A. (2020): Genetic structure of a germplasm for hybrid breeding in rye (*Secale cereale* L.). *PLoS One* 15, e0239541. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0239541>
- Walter H., Lieth H. (1967): Klimadiagramm-Weltatlas. Gustav Fischer Verlag, Jena.
- Wegulo S. N., Carlson M. P. (2011): Ergot of small grain cereals and grasses and its health effects on humans and livestock. University of Nebraska Extension, EC1880, Lincoln.

- Wricke G. (1962): Über eine Methode zur Erfassung der ökologischen Streubreite in Feldversuchen. Z. Pflanzenzücht. 47, 92-96.
- Wricke G. (1964): Zur Berechnung der Ökovalenz bei Sommerweizen und Hafer. Z. Pflanzenzücht. 52, 127-138.
- Yan W. (2001): GGE biplot - A windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. Agron. J. 93, 1111-1118. <https://doi.org/10.2134/agronj2001.9351111x>
- Yan W. (2016): Analysis and handling of  $G \times E$  in a practical breeding program. Crop Sci. 56, 2106-2118. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.06.0336>
- Yan W., Kang M. S., Ma B., Woods S., Cornelius P. L. (2007): GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype by environment data. Crop Sci. 47, 643-655. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.06.0374>

## 7 TABELLENVERZEICHNIS

Tabelle 1: Roggenproduktion Welt (Quelle: FAOSTAT – Production, crops; Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rom) .....	4
Tabelle 2: Verwendete Roggensorten und deren Beschreibung.....	30
Tabelle 3: Beschreibung der Versuchsstandorte des RYE-SUS Sortenversuches .....	32
Tabelle 4: Signifikanzwerte der Varianzanalyse ausgewählter Merkmale für die Genotypen. Signifikante Effekte ( $p < 0,05$ ) sind fett gedruckt. ....	43
Tabelle 5: Signifikanzwerte der gemischten Varianzanalyse ausgewählter Merkmale für die Sortentypen. Signifikante Effekte ( $p < 0,05$ ) sind fett gedruckt. ....	43
Tabelle 6: Adjustierte Mittelwerte (LSMEANS) ausgewählter Merkmale getrennt nach Sortentypen. ....	44
Tabelle 7: Ergebnisse und Rangfolge (kursiv) der einzelnen Stabilitätsmaße <i>Superiority Index</i> , Umweltvarianz, Ökovalenz und Regression. ....	62

## 8 ABBILDUNGSVERZEICHNIS

Abbildung 1: Verteilung der Roggenackerflächen in Österreich 2019 (Bildquelle: Statistik Austria, 2020)	5
Abbildung 2: Genzentren und Ausbreitung des Roggens (Bildquelle: Plarre, 1985)	6
Abbildung 3: Schematische Darstellung eines Roggenährchens (Bildquelle: Laube & Quadt, 1959)	7
Abbildung 4: Mutterkorn-Sklerotien bei Roggen	8
Abbildung 5: Zuchtziele bei Roggen. Toleranz und Resistenzen gegen (a) Auswuchs, (b) Schneeschimmel, (c) Mutterkorn, (d) <i>Rhynchosporium</i> -Blattflecken (Bildquellen: Miedaner, 2017)	10
Abbildung 6: Restsaatgutmethode (Bildquelle: Miedaner, 2017)	11
Abbildung 7: Hybridsaatgutproduktion (Bildquelle: Geiger & Miedaner, 2009)	14
Abbildung 8: Marker-gestützte Einkreuzung von <i>Ddw1</i> in Elitesaatgut-Elternlinien: (a) Langstrohlinien mit dem rezessiven Allel ( <i>ddw1ddw1</i> ); (b) Halbzwerge mit dem dominanten Allel ( <i>Ddw1Ddw1</i> ). (Bildquellen: Hackauf et al., 2020)	15
Abbildung 9: Typische RVA-Kurve mit Angabe der wichtigsten Parameter während der Analyse (Bildquelle: Balet et al., 2019)	20
Abbildung 10: Verschiedene Typen einer Genotyp-Umwelt-Interaktion (Bildquelle: Allard & Bradshaw, 1964)	23
Abbildung 11: Interpretation der Sorten nach ihrer Ertragsstabilität aufgrund der Regressionsparameter $s_d^2$ und $b$ (Bildquelle: Haufe & Geidel, 1978)	27
Abbildung 12: Klimadiagramm nach Walter-Lieth für den Versuchszeitraum September 2019 bis August 2020 der Standorte Edelfhof, Raasdorf, Cicibor, Koscian, Jögeva und Lethbridge. Dargestellt sind Monatsmittelwerte für Temperatur (°C) in 2 m Höhe und die monatliche Niederschlagssumme (mm) (Datenquelle: NASA)	35
Abbildung 13: Klimadiagramm nach Walter-Lieth für den Versuchszeitraum September 2019 bis August 2020 der deutschen Standorte Groß-Lüsewitz, Bornhof, Kleptow, Wulfstode, Langenstein und Grünseiboldsdorf. Dargestellt sind Monatsmittelwerte für Temperatur (°C) in 2 m Höhe und die monatliche Niederschlagssumme (mm) (Datenquelle: NASA)	36
Abbildung 14: Nah-Infrarot-Transmissions-Spektroskopie (NITS) Foss Infratec Typ 1241	39
Abbildung 15: Messung der Hektolitergewichtes und der Tausenkornmasse: (i) Messzylinder Hektolitergewicht, (ii) Messung ¼ L Gewicht, (iii) Körnerzählgerät Contador (v.l.n.r.)	40
Abbildung 16: Messung der Fallzahl: (i) Labormühle Typ 3100, (ii) vermahlene Roggenprobe, (iii) Gerät zur Bestimmung der Fallzahl nach Hagberg (v.l.n.r.)	40
Abbildung 17: Bestimmung der Viskosität mittels Rapid Visco Analyser: (i) Perten RVA 4500 Rotationsviskosimeter, (ii) Aluminiumbehälter und Plastikpaddel, (iii) Laborwaage Sartorius A200S (v.l.n.r.)	41

Abbildung 18: Variabilität im Kornertrag (KOER). (a) Unterschiede zwischen den Umwelten (Managementstufe biologisch grün, „Low-input“ blau und „High-input“ rot gekennzeichnet). Umwelten ergeben sich aus der Kombination Standort × Management (Stufe 0=biologisch, 1=„Low-input“, 2=„High-input“). (b) Unterschiede zwischen den Sortentypen (Landsorten grün, Populationsorten blau, Hybridsorten rot und Zuchtstämme grau gekennzeichnet). Abkürzungen siehe Tabellen 2 und 3. ....	46
Abbildung 19: Variabilität in der Wuchshöhe (WHOE) zwischen den Sortentypen (Landsorten grün, Populationsorten blau, Hybridsorten rot und Zuchtstämme grau gekennzeichnet). Abkürzung der Genotypen siehe Tabelle 2. ....	48
Abbildung 20: Variabilität im Hektolitergewicht (HLG) zwischen den Sortentypen (Landsorten grün, Populationsorten blau, Hybridsorten rot und Zuchtstämme grau gekennzeichnet). Abkürzung der Genotypen siehe Tabelle 2. ....	49
Abbildung 21: Variabilität in der Tausendkornmasse (TKM) zwischen den Sortentypen (Landsorten grün, Populationsorten blau, Hybridsorten rot und Zuchtstämme grau gekennzeichnet). Abkürzung der Genotypen siehe Tabelle 2. ....	50
Abbildung 22: Variabilität im Proteingehalt (PROT) zwischen den Sortentypen (Landsorten grün, Populationsorten blau, Hybridsorten rot und Zuchtstämme grau gekennzeichnet). Abkürzung der Genotypen siehe Tabelle 2. ....	51
Abbildung 23: Variabilität im wasserlöslichen Arabinoxylangehalt (WAX) zwischen den Sortentypen (Landsorten grün, Populationsorten blau, Hybridsorten rot und Zuchtstämme grau gekennzeichnet). Abkürzung der Genotypen siehe Tabelle 2. ....	52
Abbildung 24: Korrelation zwischen Kornertrag (KOER) und Wuchshöhe (WHOE) getrennt nach den drei Managementsystemen biologisch, „Low-input“ und „High-input“. ....	53
Abbildung 25: Korrelation zwischen Wuchshöhe (WHOE) und Lager (LA) getrennt nach den drei Managementsystemen biologisch, „Low-input“ und „High-input“. ....	54
Abbildung 26: Einfluss der Sortentypen auf die Korrelationen zwischen (a) Kornertrag (KOER) und Tausendkornmasse (TKM), (b) Kornertrag und Hektolitergewicht (HLG), (c) Kornertrag und wasserlöslichen Arabinoxylangehalt (WAX) und (d) Kornertrag und Proteingehalt (PROT). ....	55
Abbildung 27: Einfluss der Sortentypen auf (a) die Wuchshöhe (WHOE), (b) das Hektolitergewicht (HLG), (c) die Tausendkornmasse (TKM) und (d) den Kornertrag (KOER) in Abhängigkeit des Erstzulassungsjahres des Genotyps. ....	57
Abbildung 28: Einfluss der Sortentypen auf die Korrelationen zwischen (a) Fallzahl und maximaler Viskosität und (b) Fallzahl und finaler Viskosität der drei österreichischen Versuchsstandorte Edelhof, Raasdorf konventionell und Raasdorf biologisch. ....	60

- Abbildung 29: AMMI Biplot für das Merkmal Kornertrag. Genotypen sind rot und Umwelten mit blauen Vektoren gekennzeichnet. Abkürzungen der Genotypen und Umwelten siehe Tabellen 2 und 3. .64
- Abbildung 30: GGE Biplot für das Merkmal Kornertrag. Genotypen sind rot und Umwelten blau sowie die beiden Mega-Umwelten durch blaue Ellipsen gekennzeichnet. Abkürzung der Genotypen und Umwelten siehe Tabellen 2 und 3. ....65

## 9 ANHANG

Tabelle A1: Variationsbreite agronomischer und qualitativer Merkmale an den verschiedenen Versuchsstandorten .....	81
Tabelle A2: Adjustierte Mittelwerte (LSMEANS) agronomischer und qualitativer Merkmale. Vergleichssorte 'Elias' ist fett gedruckt. ....	82
Tabelle A3: Differenzen und Signifikanzwerte der Mittelwerte der kleinsten Quadrate zur Vergleichssorte 'Elias'. Signifikante Effekte ( $p < 0,05$ ) sind fett gedruckt. ....	83
Tabelle A4: Durchschnittliche Kornerträge ( $\text{dt ha}^{-1}$ ) und Wuchshöhen (cm) der Genotypen getrennt nach den Managementsystemen biologisch, „Low-input“ und „High-input“ .....	84
Tabelle A5: Korrelationsanalyse zwischen agronomischen und qualitativen Merkmalen aller Versuchsstandorte. Korrelationskoeffizienten sind kursiv und signifikante ( $p < 0,05$ ) Wahrscheinlichkeiten fett gedruckt.....	85
Tabelle A6. Korrelationsanalyse zwischen wasserlöslichen Arabinoxylane, Protein- und Stärkegehalt, Fallzahl und RVA-Parameter der österreichischen Versuchsstandorte. Korrelationskoeffizienten sind kursiv und signifikante ( $p < 0,05$ ) Wahrscheinlichkeiten fett gedruckt. ....	85
Tabelle A7: Korrelationsanalyse zwischen Fallzahl und Stärkeverkleisterung (RVA-Parametern). Korrelationskoeffizienten sind kursiv und signifikante ( $p < 0,05$ ) Wahrscheinlichkeiten fett gedruckt. .....	86

Tabelle A1: Variationsbreite agronomischer und qualitativer Merkmale an den verschiedenen Versuchsstandorten

ENV	KOER <sup>1</sup>	WHOE	LA	WAX	PROT	STAR	FZAL	PEAK VISK	FIN VISK	TKM	HLG
BF1 <sup>2</sup>	31,9-88,6	95-175	1-8	-	-	-	-	-	-	-	-
BF2	39,1-90,6	90-180	1-7	-	-	-	-	-	-	-	-
BH1	34,6-94,1	90-210	1-9	-	-	-	-	-	-	-	56,5-78,3
BH2	24,4-77,1	110-205	1-9	-	-	-	-	-	-	-	45,7-78,3
BY1	48,5-143,9	95-220	1-9	-	-	-	-	-	-	-	-
BY2	29,0-131,9	105-220	1-9	-	-	-	-	-	-	-	-
CI1	24,5-106,3	120-200	2-9	-	-	-	-	-	-	-	-
CI2	30,9-123,6	100-200	2-9	-	-	-	-	-	-	-	-
EH1	29,4-105,8	105-185	1-9	1,4-2,0	8,0-11,8	61,9-65,7	63-246	232-1340	79-1602	24,0-40,3	64,1-74,3
GL0	15,7-133,0	120-250	1-9	1,3-2,2	6,1-13,4	-	-	-	-	-	-
GL2	40,2-148,1	95-200	1-9	1,7-2,2	8,2-12,7	-	-	-	-	-	-
JG0	23,8-74,6	103-186	1-5	1,8-2,5	7,8-11,9	-	-	-	-	26,7-40,2	69,0-78,7
JG1	25,0-90,6	93-220	1-7	1,6-2,3	5,8-10,4	-	-	-	-	26,7-38,7	71,5-79,0
JG2	30,1-105,2	100-230	1-7	1,7-2,4	6,3-10,0	-	-	-	-	24,7-39,7	70,8-79,0
KL1	49,0-137,6	120-215	1-8	1,5-2,0	8,0-12,3	-	-	-	-	22,3-39,6	68,2-80,0
KL2	48,8-137,2	115-215	1-7	1,4-2,1	7,7-12,4	-	-	-	-	21,2-37,2	69,6-79,6
KO1	28,0-118,5	125-195	1-9	-	-	-	-	-	-	-	-
KO2	42,3-128,0	115-195	1-9	-	-	-	-	-	-	-	-
LB1	19,8-114,1	115-155	1-6	-	-	-	-	-	-	-	-
LE1	31,8-113,0	110-165	1-6	-	-	-	-	-	-	-	-
RA0	13,0-73,4	90-165	1-9	1,7-2,1	8,1-12,1	61,6-66,4	266-378	1133-2581	1684-3416	22,7-35,8	68,2-77,6
RA1	27,6-119,2	80-135	1-9	1,6-2,0	8,6-13,0	61,3-64,7	260-395	697-2636	473-3474	23,4-34,2	66,8-76,2
WU1	48,3-137,9	105-230	-	1,8-2,3	7,4-12,7	-	-	-	-	25,6-43,6	-
WU2	68,4-145,3	95-230	-	1,6-2,2	7,4-10,7	-	-	-	-	25,9-43,5	-

<sup>1</sup> KOER, Kornertrag; WHOE, Wuchshöhe; LA, Lager; WAX, Wasserlösliche Arabinoxylane; PROT, Proteingehalt; STAR, Stärkegehalt; FZAL, Fallzahl; PEAK VISK, Maximale Viskosität; FIN VISK, Finale Viskosität; TKM, Tausendkornmasse; HLG, Hektolitergewicht

<sup>2</sup> Abkürzung der Umwelten siehe Tabelle 3

Tabelle A2: Adjustierte Mittelwerte (LSMEANS) agronomischer und qualitativer Merkmale. Vergleichssorte 'Elias' ist fett gedruckt.

GENID	KOER	WHOE	TKM	HLG	LA	PROT	STAR	FZAL	PEAKVISK	FINVISK
ACR	47,39	107,65	25,00	71,78	1,25	11,39	62,70	233,73	1112,67	1210,00
H3	54,03	138,65	29,96	69,00	1,61	10,45	62,29	241,71	1236,67	1654,00
H6	54,22	138,54	31,00	68,14	1,48	10,65	62,66	249,43	1203,67	1581,33
NCH	72,37	170,60	34,12	75,36	5,61	10,89	63,25	272,95	1270,33	1769,00
DMT	72,76	146,69	35,22	76,45	1,89	10,25	64,06	297,76	1649,00	2273,33
HAD	81,72	149,94	35,41	76,56	2,20	10,35	64,12	279,01	1463,33	1959,33
OPL	81,75	148,60	33,90	74,88	2,11	10,07	63,87	292,70	1471,33	2082,00
RUB	76,03	146,54	35,19	76,38	1,98	10,21	64,29	272,53	1466,33	2010,00
SKD	79,64	143,67	34,60	76,95	2,27	10,21	64,58	266,08	1376,00	1767,33
TKS	82,66	146,65	34,56	76,06	2,39	10,21	64,02	280,66	1418,33	1834,67
ELG	80,28	153,33	34,68	75,89	2,36	9,95	64,60	294,13	1445,33	1799,33
<b>ELS</b>	<b>80,91</b>	<b>153,40</b>	<b>34,27</b>	<b>76,17</b>	<b>2,60</b>	<b>9,89</b>	<b>64,16</b>	<b>298,77</b>	<b>1639,00</b>	<b>2196,00</b>
ELV	70,96	163,52	32,20	75,55	2,40	9,89	63,49	260,21	970,33	992,67
HAZ	71,90	151,46	38,42	76,66	2,22	9,37	65,35	223,25	790,33	1022,67
TAU	36,70	187,67	28,30	68,27	7,31	13,67	61,64	223,87	1071,33	1467,33
REE	75,15	160,06	30,56	76,16	2,47	11,05	63,23	260,56	1396,33	1772,00
SAN	54,33	195,02	35,71	67,80	5,43	11,29	62,18	231,42	1178,33	1426,33
COS	101,83	134,31	33,99	76,35	2,07	9,13	64,36	316,05	1687,00	2560,33
FOR	104,98	135,23	34,37	76,55	2,78	9,19	64,56	316,49	1902,67	2384,67
PER	104,40	133,87	34,03	76,52	2,88	8,95	64,42	328,47	2185,67	2830,67
POP	69,00	147,62	36,67	76,31	2,18	10,45	64,04	264,23	1324,33	1709,67
TUL	62,30	159,52	32,83	74,06	2,48	10,89	63,12	267,52	1366,33	1755,00
TF1	87,75	145,08	34,19	74,39	2,11	9,01	64,52	259,66	1281,00	1732,67
VAM	71,84	149,04	33,02	73,97	2,10	9,85	63,92	252,20	1219,33	1586,00

<sup>1</sup>Abkürzungen siehe Tabellen A1 und 2

Tabelle A3: Differenzen und Signifikanzwerte der Mittelwerte der kleinsten Quadrate zur Vergleichssorte 'Elias'. Signifikante Effekte ( $p < 0,05$ ) sind fett gedruckt.

GENID	KOER		WHOE		TKM		HLG		LA	
	Differenz	Pr>t								
ACR	-33,52	<b>&lt;0,0001</b>	-45,75	<b>&lt;0,0001</b>	-9,26	<b>&lt;0,0001</b>	-4,39	<b>0,0004</b>	-1,35	<b>0,0008</b>
H3	-26,87	<b>&lt;0,0001</b>	-14,75	<b>&lt;0,0001</b>	-4,31	<b>&lt;0,0001</b>	-7,17	<b>&lt;0,0001</b>	-0,99	<b>0,0389</b>
H6	-26,69	<b>&lt;0,0001</b>	-14,85	<b>&lt;0,0001</b>	-3,26	<b>&lt;0,0001</b>	-8,03	<b>&lt;0,0001</b>	-1,13	<b>0,0105</b>
NCH	-8,54	<b>0,0037</b>	17,21	<b>&lt;0,0001</b>	-0,15	1,0000	-0,81	0,9997	3,01	<b>&lt;0,0001</b>
DMT	-8,14	<b>0,0069</b>	-6,71	<b>0,0382</b>	0,96	0,7363	0,28	1,0000	-0,72	0,2933
HAD	0,81	1,0000	-3,46	0,7555	1,14	0,4978	0,39	1,0000	-0,40	0,9540
OPL	0,84	1,0000	-4,79	0,3079	-0,37	1,0000	-1,29	0,9308	-0,49	0,8055
RUB	-4,88	0,3272	-6,85	<b>0,0314</b>	0,92	0,7805	0,21	1,0000	-0,63	0,4776
SKD	-1,27	1,0000	-9,73	<b>0,0003</b>	0,34	1,0000	0,78	0,9998	-0,33	0,9931
TKS	1,75	0,9998	-6,75	<b>0,0361</b>	0,29	1,0000	-0,11	1,0000	-0,22	1,0000
ELG	-0,63	1,0000	-0,06	1,0000	0,41	1,0000	-0,28	1,0000	-0,24	0,9999
ELV	-9,95	<b>0,0003</b>	10,13	<b>0,0001</b>	-2,07	<b>0,0124</b>	-0,62	1,0000	-0,20	1,0000
HAZ	-9,01	<b>0,0017</b>	-1,94	0,9989	4,15	<b>&lt;0,0001</b>	0,49	1,0000	-0,39	0,9644
TAU	-44,21	<b>&lt;0,0001</b>	34,27	<b>&lt;0,0001</b>	-5,96	<b>&lt;0,0001</b>	-7,90	<b>&lt;0,0001</b>	4,70	<b>&lt;0,0001</b>
REE	-5,76	0,1477	6,67	<b>0,0403</b>	-3,70	<b>&lt;0,0001</b>	-0,01	1,0000	-0,14	1,0000
SAN	-26,58	<b>&lt;0,0001</b>	41,63	<b>&lt;0,0001</b>	1,44	0,1979	-8,37	<b>&lt;0,0001</b>	2,83	<b>&lt;0,0001</b>
COS	20,92	<b>&lt;0,0001</b>	-19,08	<b>&lt;0,0001</b>	-0,28	1,0000	0,18	1,0000	-0,53	0,6990
FOR	24,07	<b>&lt;0,0001</b>	-18,17	<b>&lt;0,0001</b>	0,10	1,0000	0,38	1,0000	0,18	1,0000
PER	23,49	<b>&lt;0,0001</b>	-19,52	<b>&lt;0,0001</b>	-0,24	1,0000	0,35	1,0000	0,27	0,9994
POP	-11,91	<b>&lt;0,0001</b>	-5,77	0,1183	2,40	<b>0,0017</b>	0,14	1,0000	-0,42	0,9276
TUL	-18,61	<b>&lt;0,0001</b>	6,13	0,0791	-1,44	0,2017	-2,11	0,3610	-0,13	1,0000
TF1	6,84	<b>0,0427</b>	-8,31	<b>0,0034</b>	-0,08	1,0000	-1,78	0,6024	-0,49	0,8055
VAM	-9,07	<b>0,0015</b>	-4,35	0,4371	-1,24	0,3766	-2,20	0,3043	-0,50	0,7801

<sup>1</sup> Abkürzungen siehe Tabellen A1 und 2

Tabelle A4: Durchschnittliche Kornerträge (dt ha<sup>-1</sup>) und Wuchshöhen (cm) der Genotypen getrennt nach den Managementsystemen biologisch, „Low-input“ und „High-input“.

GENID	Kornertrag (dt ha <sup>-1</sup> )			Wuchshöhe (cm)		
	Biologisch	Low input	High input	Biologisch	Low input	High input
ACR	31,1	48,7	51,1	107	108	107
H3	39,5	53,0	60,3	134	134	146
H6	37,7	53,3	60,9	136	135	144
NCH	63,3	70,1	78,5	160	167	179
DMT	45,2	72,1	82,8	140	145	152
HAD	62,5	79,9	90,5	142	148	155
OPL	62,3	82,9	86,7	142	148	152
RUB	57,0	75,6	82,9	137	146	150
SKD	64,8	77,1	88,0	138	143	147
TKS	66,7	82,4	88,3	143	145	150
ELG	56,7	80,2	88,2	148	152	157
ELS	61,3	80,3	88,2	149	151	158
ELV	50,6	70,6	78,2	155	161	169
HAZ	51,8	70,8	80,1	144	150	157
TAU	20,0	36,5	42,5	190	180	197
REE	61,4	72,0	83,7	151	157	167
SAN	34,6	51,7	64,3	194	188	205
COS	84,1	99,4	111,0	128	133	138
FOR	88,9	102,1	114,1	124	135	140
PER	79,1	106,3	110,3	127	133	138
POP	38,9	70,9	76,5	133	146	154
TUL	42,6	61,3	70,2	146	157	168
TF1	67,1	83,7	100,0	136	143	151
VAM	50,2	71,2	79,9	138	148	154

<sup>1</sup> Abkürzungen der Genotypen siehe Tabelle 2

Tabelle A5: Korrelationsanalyse zwischen agronomischen und qualitativen Merkmalen aller Versuchsstandorte. Korrelationskoeffizienten sind kursiv und signifikante ( $p < 0,05$ ) Wahrscheinlichkeiten fett gedruckt.

	WHOE	LO	TKM	HLG	PROT	WAX
KOER	<i>0,189</i>	0,005	<i>0,392</i>	<i>0,413</i>	<i>-0,173</i>	<i>-0,471</i>
	<b>&lt;0,0001</b>	0,8751	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>
WHOE		<i>0,437</i>	<i>0,190</i>	0,039	0,086	<i>-0,242</i>
		<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	0,4027	0,054	<b>&lt;0,0001</b>
LO			<i>-0,214</i>	<i>-0,325</i>	<i>0,435</i>	<i>-0,039</i>
			<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	0,431
TKM				<i>0,402</i>	<i>-0,302</i>	0,015
				<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	0,762
HLG					<i>-0,402</i>	<i>-0,162</i>
					<b>&lt;0,0001</b>	<b>0,004</b>
PROT						0,086
						0,053

<sup>1</sup> Abkürzungen siehe Tabelle A1

Tabelle A6. Korrelationsanalyse zwischen wasserlöslichen Arabinoxylane, Protein- und Stärkegehalt, Fallzahl und RVA-Parameter der österreichischen Versuchsstandorte. Korrelationskoeffizienten sind kursiv und signifikante ( $p < 0,05$ ) Wahrscheinlichkeiten fett gedruckt.

	PROT	STAR	FZAL	PEAKVISK	FINVISK
WAX	<i>0,444</i>	<i>-0,476</i>	0,062	0,053	0,106
	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	0,6028	0,658	0,3776
PROT	1,000	<i>-0,787</i>	-0,085	-0,120	-0,079
		<b>&lt;0,0001</b>	0,4801	0,3153	0,5105
STAR		1,000	-0,100	-0,073	-0,105
			0,4018	0,5401	0,3794
FZAL			1,000	<i>0,942</i>	<i>0,953</i>
				<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>
PEAKVISK				1,000	<i>0,988</i>
					<b>&lt;0,0001</b>

<sup>1</sup> Abkürzungen siehe Tabelle A1

Tabelle A7: Korrelationsanalyse zwischen Fallzahl und Stärkeverkleisterung (RVA-Parametern). Korrelationskoeffizienten sind kursiv und signifikante ( $p < 0,05$ ) Wahrscheinlichkeiten fett gedruckt.

	PEAKVISK	TROUGH	BREAKDOWN	FINVISK	SETBACK	PEAKTIME	PASTEMP
FZAL	<i>0,942</i>	<i>0,943</i>	<i>0,509</i>	<i>0,953</i>	<i>0,958</i>	<i>0,950</i>	-0,106
	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	0,376
PEAKVISK	1,000	<i>0,993</i>	<i>0,597</i>	<i>0,988</i>	<i>0,974</i>	<i>0,910</i>	-0,154
		<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	0,198
TROUGH		1,000	<i>0,497</i>	<i>0,997</i>	<i>0,986</i>	<i>0,912</i>	-0,144
			<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	0,229
BREAKDOWN			1,000	<i>0,478</i>	<i>0,451</i>	<i>0,483</i>	-0,157
				<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	0,189
FINVISK				1,000	<i>0,996</i>	<i>0,930</i>	-0,126
					<b>&lt;0,0001</b>	<b>&lt;0,0001</b>	0,291
SETBACK					1,000	<i>0,944</i>	-0,105
						<b>&lt;0,0001</b>	0,380
PEAKTIME						1,000	-0,004
							0,974

<sup>1</sup> Abkürzungen siehe Tabelle A1, Erläuterung der RVA-Parameter siehe Kapitel 2.4.3