



Abschlussbericht Teilprojekt 6

Validierung praxisrelevanter Marker für die Züchtung klima- angepasster und gesunder Gers- tensorten

Projektverbund BayKlimaFit

Strategien zur Anpassung von Kulturpflanzen an den
Klimawandel

Auftraggeber

Bayerisches Staatsministerium für
Umwelt und Verbraucherschutz
Rosenkavalierplatz 2
81925 München

Projektnehmer

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung
Dr. Markus Herz, Dr. Jennifer Groth (Projektbearbeiter)
Am Gereuth 6
85354 Freising
Tel.: 08161/71-3629; Fax: 08161/71-4085
E-Mail: markus.herz@lfl.bayern.de
Web: www.lfl.bayern.de

Berichtszeitraum:

1. Februar 2016 bis 31. Januar 2019



finanziert durch
Bayerisches Staatsministerium für
Umwelt und Verbraucherschutz



Inhaltsverzeichnis

Inhaltsverzeichnis.....	2
1 Kurzzusammenfassung	3
2 Einführung.....	4
3 Zielstellung	5
3.1 Arbeitspaket 1: Versuche im Rollgewächshaus und im Feld.....	5
3.2 Arbeitspaket 2: Validierung molekularer Marker	5
3.3 Arbeitspaket 3: Materialbereitstellung für Projektpartner	5
4 Ergebnisse und Diskussion	6
4.1 Aufbau der Versuche im Rollgewächshaus und im Feld in den Jahren 2016 bis 2018.....	6
4.1.1 Bodenfeuchtegehalt in den Jahren 2016 bis 2018.....	6
4.1.2 Phänotypische Merkmale der Feldversuche 2016 & 2017.....	7
4.1.3 Phänotypische Merkmale der Ertragsversuche 2018	12
4.1.4 Beurteilung von Kaliumiodid zur Simulation von Trockenstress.....	18
4.1.5 Genotype Stability Index	21
4.1.6 Fazit Feldversuche 2016 bis 2018.....	25
4.2 Validierung molekularer Marker.....	25
4.3 Materialbereitstellung für Projektpartner	36
5 Veröffentlichungen im Rahmen des Projekts	37
6 Vernetzungen	38
7 Bestehende und entstandene Industriebeteiligungen.....	39
8 Zusammenfassung	40
9 Ausblick.....	42
Abkürzungsverzeichnis.....	43
Literaturverzeichnis.....	45
Anhang	48

1 Kurzzusammenfassung

In den Jahren 2016 und 2017 wurde das BayKlimaFit-Sortiment mit knapp 60 Sommergersten unter verschiedenen Behandlungen im Rollgewächshaus und auf externen Versuchsfeldern angebaut, um seine Reaktion auf Trockenstress zu untersuchen. Erfasst wurden phänotypische Merkmale im Feld sowie Ertragskomponenten und Qualitätsparameter. Im Jahr 2018 erfolgten Ertragsprüfungen im Parzellenmaßstab an verschiedenen Standorten. Die Feldversuche verliefen in allen drei Jahren sehr zufriedenstellend und führten zu verwertbaren Ergebnissen. Mit Hilfe eines Stabilitätsindex war es möglich, Sorten nicht allein anhand der mittleren Leistung bezüglich eines Merkmals einzuordnen, sondern auch die Stabilität eines Genotyps mit zu berücksichtigen. Unter diesem Gesichtspunkt schnitten generell die modernen Sorten und die Zuchtstämme der beteiligten bayerischen Pflanzenzüchter am besten ab, während die Exoten auf den hinteren Plätzen rangierten.

Einen weiteren Schwerpunkt bildete die Validierung von Markern, die in einem Vorgängerprojekt an der LfL im Zusammenhang mit Expressionsstudien zur Trockenstresstoleranz entwickelt wurden. Es handelte sich hierbei um 177 Klimamarker für 107 Kandidatengene, die in eine genomweite Assoziationsstudie mit knapp 8.000 SNP-Markern integriert wurden. Es konnten einige Klimamarker mit bedeutenden Effekten für verschiedene Merkmale im vorliegenden Sortiment bestätigt werden. Dabei gab es Marker, die lediglich auf ein einzelnes Merkmal einen Effekt hatten, und solche, die gleichzeitig mehrere Merkmale in die gewünschte Richtung beeinflussten. Letztere sind für den Einsatz zur markergestützten Selektion im Züchtungsgang besonders interessant. Da positive Allele oftmals schon in den modernen Sorten und aktuellen Zuchtstämmen fixiert waren, besteht in jeden Fall die Notwendigkeit sie vor einer Verwendung in markergestützten Züchtungsprogrammen mit allen beteiligten Kreuzungseltern zu testen.

2 Einführung

Der Klimawandel stellt eine ernst zu nehmende Bedrohung für Qualität und Ertrag von Getreide dar. Extreme Wetterereignisse (Hitze, Trockenheit, Starkniederschläge) erhöhen die Risiken im Pflanzenbau. Außerdem beeinflusst das Klima das Spektrum von Krankheitserregern und Pflanzenschädlingen. Die Anpassung von Kulturpflanzen an den Klimawandel ist eine besondere Herausforderung für die Pflanzenzüchtung, da es sich hierbei um komplexe Prozesse handelt, die von vielen Genen beeinflusst werden. Es gibt internationale Veröffentlichungen sowohl für einzelne Merkmale, die im Zusammenhang mit Trockenstress stehen als auch zum Themenbereich der genetischen Charakterisierung von Trockenstresstoleranz. Zu nennen sind hier beispielsweise zwei relativ neue Publikationen über Assoziationsstudien für trockenstressrelevante Merkmale in Gerste ([1], [2]) sowie eine Metaanalyse von Haupt-QTL für abiotische Stresstoleranz in Gerste ([3]). In Sommergerste, die vor allem zu Brauzwecken angebaut wird, kommt es durch Trockenstress neben deutlichen Ertragseinbußen auch zu einer Verminderung der Brauqualität ([4], [5], [6]). Eine ausführliche Übersicht über weltweite Arbeiten zu diesem Themenkomplex findet sich auf www.plantstress.com. Dort werden allein unter dem Schlagwort „Trockenstress bei Nutzpflanzen“ seit dem Jahr 2016 insgesamt 520 Referenzen gelistet, was die enormen weltweiten Forschungsaktivitäten in diesem Bereich verdeutlicht. Die Forschungsdatenbank FISA gibt aktuell 213 Projekte aus, die sich mit dem Thema Klimawandel befassen. Das für die Forschungsarbeiten verwendete Material stammt dabei allerdings oftmals aus einem Genpool, der nicht an die besonderen geografischen und klimatischen Gegebenheiten in Bayern angepasst ist. Der im Vergleich zu ganz Deutschland geringere Ertragszuwachs und die besondere jahreszeitliche Verteilung von Strahlung und Temperatur erfordern jedoch eine intensive Prüfung der Stresstoleranz in Bayern, um effizient neue Sorten entwickeln zu können, die an zukünftige Klimabedingungen in Bayern angepasst sind und eine nachhaltige Landwirtschaft ermöglichen. Die Entwicklung molekulargenetischer Marker leistet dabei für die Züchtung stresstoleranter Pflanzen einen wichtigen Beitrag, da sie frühzeitig einsetzbar und unabhängig von der Umwelt sind.

Seit 2009 nutzt die LfL ein Rollgewächshaus, das reproduzierbare Trockenstressexperimente unter Feldbedingungen erlaubt. Außerdem liegen langjährige Erfahrungen vor, Trockenstress chemisch durch die Behandlung mit einer verdünnten Kaliumiodidlösung zu induzieren. Der Datenbestand aus Vorgängerprojekten sowie das Saatgut bildeten die Grundlage für die Zusammenstellung des BayKlimaFit-Sortiments. Molekulare Marker, die mit Merkmalen der Trockenstresstoleranz assoziiert sind, standen ebenfalls zur Verfügung. Vor einer Nutzung der Marker zur effizienten Selektion im Züchtungsgang ist es jedoch erforderlich, deren Effekte in einem möglichst breiten genetischen Hintergrund zu überprüfen, um so einen Nutzen der Marker für die Praxis ableiten zu können. Neben der Identifizierung von besonders stresstoleranten Genotypen, die beispielsweise als mögliche Kreuzungspartner genutzt werden können, bildete daher die Validierung der genannten molekularen Marker einen Schwerpunkt im Teilprojekt 6 des BayKlimaFit-Projektverbundes.

3 Zielstellung

3.1 Arbeitspaket 1: Versuche im Rollgewächshaus und im Feld

In den Jahren 2016 und 2017 wurde das BayKlimaFit-Sortiment im Rollgewächshaus der LfL und an zwei weiteren Standorten in Doppelreihen angebaut. Die Feldversuche im Rollgewächshaus (ROS) erfolgten in beiden Jahren mit zwei Behandlungen (trocken/bewässert). Ein weiterer Versuchsteil wurde auf zwei externen Feldern durchgeführt, wo das Sortiment jeweils unter natürlichen Bedingungen und unter chemischem Trockenstress angebaut wurde. Um den Trockenstress zu dokumentieren wurde der Wassergehalt des Bodens mit Tensiometern überprüft. An allen Standorten wurden Messungen zur Bestimmung des Chlorophyllgehaltes durchgeführt und weitere phänotypische Merkmale erfasst (Wuchshöhe, Ährenschieben). Nach der Ernte wurden Ertragskomponenten sowie der Proteingehalt der Körner als Messgröße für die Qualität bestimmt.

Im Jahr 2018 wurde das gesamte Sortiment an mehreren Orten im Parzellenmaßstab angebaut, um den Ertrag der Genotypen zuverlässig abschätzen zu können sowie Aussagen über die Ertragsstabilität treffen zu können. Aufgrund der limitierten Fläche wurden im Rollgewächshaus lediglich 15 selektierte Sorten in kleinen Parzellen mit den beiden Behandlungen trocken und bewässert geprüft. Diese wurden auch auf einem externen Feld unter chemischem Trockenstress vs. natürliche Bedingungen angebaut.

3.2 Arbeitspaket 2: Validierung molekularer Marker

An der LfL wurden in einem Vorgängerprojekt, das sich mit Expressionsstudien zur Trockenstresstoleranz beschäftigte, mehr als 100 „KASP for Fluidigm“-Marker entwickelt. Diese wurden mit allen vorliegenden phänotypischen Daten aus den Versuchsjahren 2016-2018 verrechnet, um ihren Effekt auf stressrelevante Merkmale im vorliegenden Sortiment zu überprüfen. Um die Bedeutung der Marker statistisch besser absichern zu können, wurden diese in eine genomweite Assoziationsstudie integriert. Die hierfür nötigen Markerdaten (9k iSelect SNP-Chip) lagen an der LfL durch frühere Projekte bereits vor bzw. wurden von den beteiligten Projektpartnern zur Verfügung gestellt.

3.3 Arbeitspaket 3: Materialbereitstellung für Projektpartner

In allen drei Versuchsjahren wurden den Projektpartnern aus dem BayKlimaFit Sortiment Blatt- und Kornmaterial für Untersuchungen auf den Gehalt von Stoffwechselprodukten, den Pilzbefall (*Fusarium* und *Ramularia*) und den Wassergehalt bereitgestellt. Sie wurden fortlaufend über den Vegetationsstand informiert, so dass die Probennahme für die Laborversuche rechtzeitig erfolgen konnte.

4 Ergebnisse und Diskussion

4.1 Aufbau der Versuche im Rollgewächshaus und im Feld in den Jahren 2016 bis 2018

In den Jahren 2016 und 2017 wurden die 57 bzw. 59 Genotypen des BayKlimaFit-Sortiments (Anhang Tabelle 4) in Doppelreihen im Rollgewächshaus mit 2 Behandlungen (trocken/bewässert) in jeweils 2 Wiederholungen angebaut. Nach der Aussaat wurde zunächst die komplette Versuchsfläche bewässert (entweder durch natürliche Niederschläge oder mit Hilfe der Überkopfbewässerung des Rollhauses), um zu gewährleisten, dass genug Feuchtigkeit für die Keimung zur Verfügung stand. Jeweils ab Anfang Mai wurde die bewässerte Variante einmal wöchentlich mit jeweils 20 mm beregnet während die trockene Variante kein Wasser mehr bekam. Die Festlegung der Menge für die Beregnung erfolgte in Anlehnung an die langjährigen durchschnittlichen Niederschlagsmengen während der Vegetationsperiode in Freising. Teilweise war es im Vegetationsverlauf wegen hoher Temperaturen nötig, zweimal pro Woche zu bewässern, um eine optimale Versorgung der Pflanzen mit Wasser sicherstellen zu können. In der trockenen Behandlung war das Ziel, dass die Pflanzen ab dem Zeitpunkt des Ährenschiebens unter starkem Trockenstress litten. Auf den externen Versuchsfeldern erfolgte der Anbau in jeweils 4 Wiederholungen unter natürlichen Aufwuchsbedingungen und in jeweils 4 Wiederholungen unter chemischem Trockenstress. Dieser wurde durch die Behandlung der Pflanzen mit einer verdünnten Kaliumiodidlösung zum Zeitpunkt des Ährenschiebens induziert. Um die Bodenfeuchtigkeit zu dokumentieren, waren auf den Versuchsflächen insgesamt 96 Tensiometer in jeweils 3 Tiefen (15 cm, 45 cm, 75 cm) verteilt, mit denen dreimal wöchentlich gemessen wurde. Erfasst wurden im Feld für alle Genotypen der Zeitpunkt des Ährenschiebens, die Wuchshöhe und der Verlauf des Chlorophyllgehalts mittels eines SPADmeters über mehrere Wochen. Nach der Ernte wurden Ertragskomponenten sowie der Proteingehalt der Körner als Messgröße für die Qualität bestimmt.

Im Jahr 2018 wurde das gesamte Sortiment (Anhang Tabelle 4) an mehreren Orten im Parzellenmaßstab (Parzellengröße je nach Ort 6,3-11,3 m²) angebaut, um den Ertrag der Genotypen zuverlässiger abschätzen zu können sowie Aussagen über die Ertragsstabilität treffen zu können. Dabei handelte es sich um Standorte der LfL, der TUM, sowie der beteiligten bayerischen Pflanzenzüchter (Saatzucht Breun, Saatzucht Streng-Engelen, Saatzucht Ackermann). Aufgrund der limitierten Fläche wurden im Rollgewächshaus lediglich 15 selektierte Sorten in kleinen Parzellen (3,5 m²) mit den beiden Behandlungen trocken und bewässert geprüft. Diese wurden auch auf zwei externen Feldern unter chemischem Trockenstress vs. natürliche Bedingungen angebaut. Wie bereits in den Jahren zuvor wurde auf der Fläche des Rollgewächshauses sowie auf den beiden externen Versuchsfeldern zum chemischen Trockenstress die Bodenfeuchtigkeit mittels Tensiometern bestimmt.

4.1.1 Bodenfeuchtegehalt in den Jahren 2016 bis 2018

In allen drei Versuchsjahren lag in der nicht bewässerten Variante im Rollgewächshaus ab dem Zeitpunkt des Ährenschiebens starker Trockenstress vor während die beregnete Fläche ausreichend mit Wasser versorgt war. Von starkem Trockenstress spricht man sobald die

Saugspannung im Boden unter -500 hPa fällt. In Abbildung 1 sind exemplarisch die Saugspannungen in der zu diesem Zeitpunkt relevanten Wurzeltiefe von 45 cm dargestellt. Der Zeitpunkt des Ährenschiebens variierte in Abhängigkeit der Sorten sowie der drei Versuchsjahre und lag im Bereich vom 30. Mai im Jahr 2017 bis zum 24. Juni im Jahr 2016.

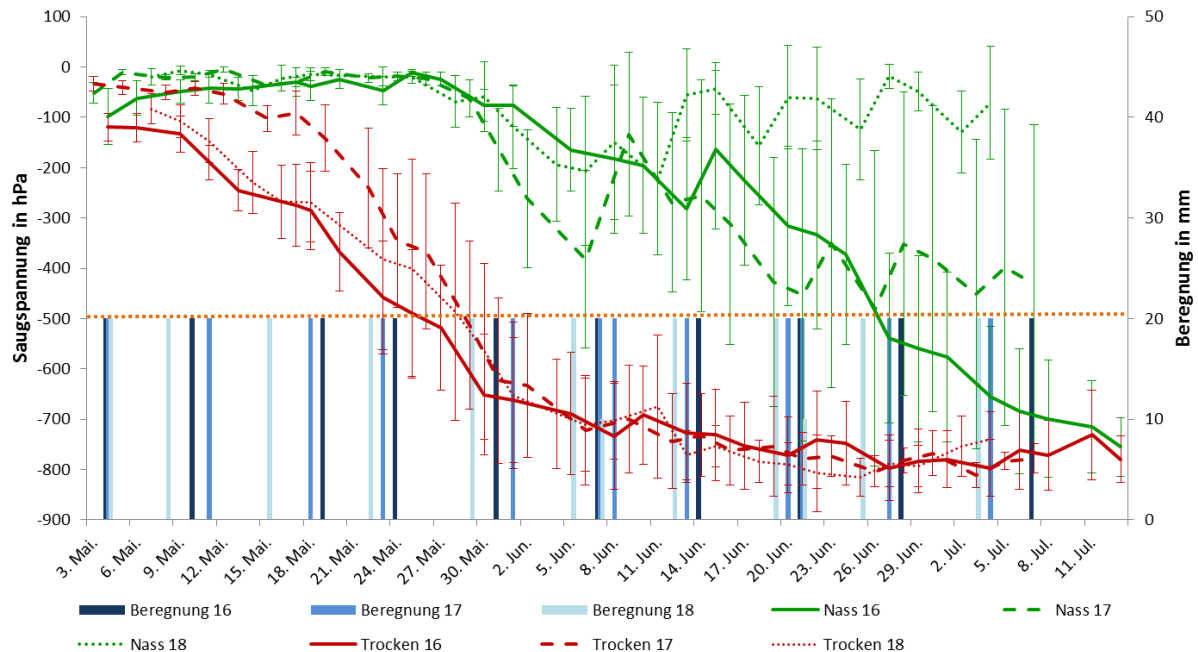


Abbildung 1: Saugspannungen in hPa im Rollgewächshaus in 45 cm Tiefe in der trockenen (rote Linien) und in der bewässerten Behandlung (grüne Linien) in den Jahren 2016, 2017 und 2018. Ein Punkt ist jeweils der Mittelwert aus den Messwerten von 8 Tensiometern; Standardfehler sind durch vertikale Striche gekennzeichnet. Blaue Balken unterschiedlicher Farbintensität: Beregnung in der bewässerten Variante in den Jahren 2016 bis 2018. Orange gestrichelte horizontale Linie: Wert, ab dem Pflanzen unter starkem Trockenstress leiden.

Auf den externen Versuchsflächen sah die Wasserversorgung der Böden in Abhängigkeit des Jahres unterschiedlich aus (Anhang Abbildung 18). Im Jahr 2016 fielen während der Vegetationsperiode ausreichend Niederschläge, so dass bis zur beginnenden Abreife Anfang Juli stets ausreichend Wasser für die Pflanzen zur Verfügung stand. Im Jahr 2017 litten die Pflanzen bereits während des Ährenschiebens unter starkem Trockenstress, der bis nach der Abreife anhielt. Das Jahr 2018 war dagegen von einer Mischung aus Trockenheit und Starkregenereignissen geprägt, die zunächst zu einem Austrocknen des Bodens führte, im weiteren Verlauf aber durch einen starken Niederschlag am 12. Juni 2018 mit 65 l/m² für eine ausreichende Feuchte im Boden sorgte (Anhang Abbildung 18).

4.1.2 Phänotypische Merkmale der Feldversuche 2016 & 2017

Die Genotypen des BayKlimaFit-Sortiments differenzierten in beiden Jahren sowohl innerhalb als auch zwischen den Behandlungen sehr gut, so dass sowohl für die Selektion interessanter Genotypen als auch für die Verrechnung mit den Markerdaten ausreichend Varia-

tion vorhanden war. Visuelle Unterschiede konnte man sehr gut im Vegetationsverlauf erkennen. Der Bestand in der trockenen Variante war deutlich dünner, die Pflanzen waren kürzer und die Abreife setzte früher ein. Nach Behandlung mit Kaliumiodid zur Erzeugung des chemischen Trockenstresses schimmerten die Ähren leicht rötlich. Auch wurde der Unterschied von exotischen Sorten zu modernen an unsere Verhältnisse adaptierte Sorten und Zuchtstämmen sichtbar. So war die langstrohige exotische Sorte Abessinische weniger standfest und ging bereits sehr früh ins Lager während die in Bayern weit verbreitete Braugerste Grace noch sehr gut im Feld stand (Abbildung 2).

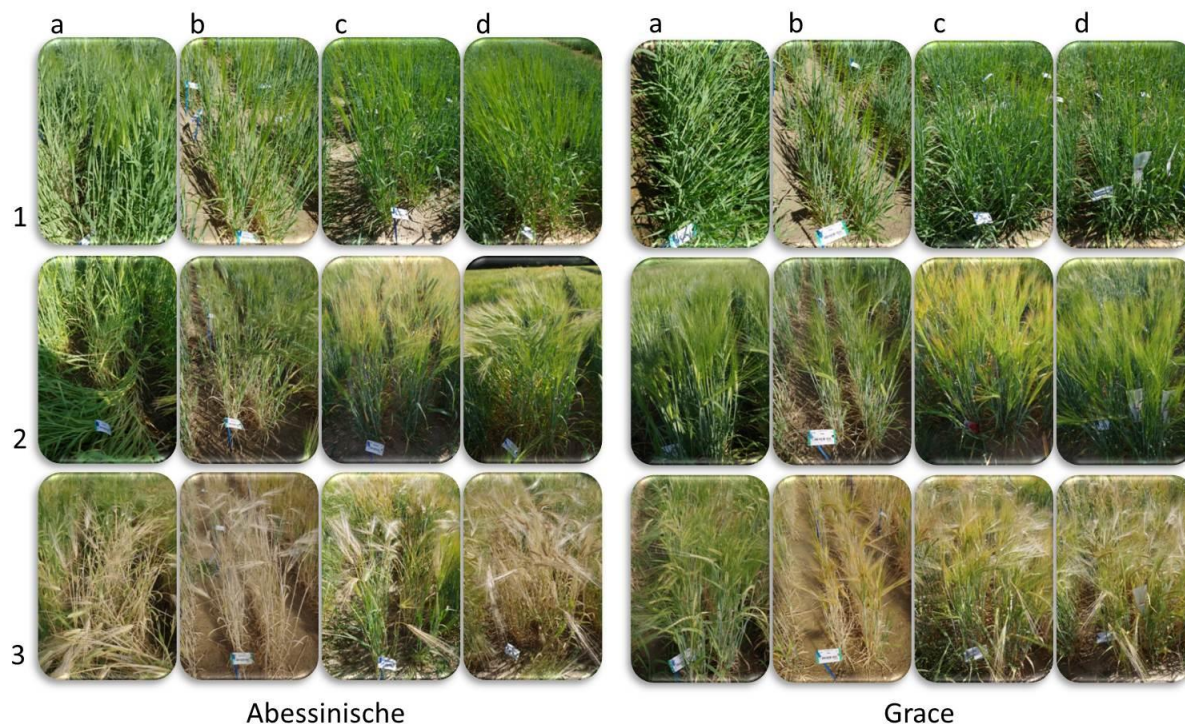


Abbildung 2: Die Sorten Abessinische und Grace in Doppelreihen am 09.06., 22.06. und 06.07.2017 (Reihen 1 bis 3) in den Behandlungen Rollhaus bewässert (a), Rollhaus trocken (b), chemischer Trockenstress (c) und natürliche Aufwuchsbedingungen (d).

In Abhängigkeit vom betrachteten Merkmal zeigten sich außerdem signifikante Unterschiede zwischen den Behandlungen. Tendenziell waren die trockengestressten Pflanzen im Rollhaus am kürzesten, hatten die wenigsten Halme und wiesen die niedrigsten Gewichte (Trockenmasse und Korngewicht) auf. Bei den Merkmalen Kornsortierung, Tausendkorngewicht sowie dem Ernteindex (Verhältnis von Kornertrag zu Gesamtertrag) schnitt die trockengestresste Variante im Wesentlichen genauso gut ab wie die bewässerte Variante im Rollgewächshaus. Das bedeutet, dass Pflanzen unter Trockenstress zwar insgesamt weniger Körner ausbilden, diese aber vergleichbar mit denen der nicht gestressten Behandlung sind, was Größe und Gewicht angeht. Die chemische Behandlung mit Kaliumiodid führte dagegen vor allem zu einem geringeren Anteil an großen Körnern sowie zu einem niedrigeren Tausendkorngewicht. Der chemische Trockenstress hatte wie zu erwarten keinen Einfluss auf den Zeitpunkt des Ährenschiebens, die Wuchshöhe sowie die Halmzahl, da das Kaliumiodid erst zum bzw. kurz nach dem Ährenschieben appliziert wurde und die genannten Merkmale

zu diesem Zeitpunkt bereits determiniert waren. Die Qualitätsparameter Extrakt- und Proteingehalt wurden aus Kostengründen nur für die Proben aus dem Rollgewächshaus bestimmt. Dabei wies der Extraktgehalt zwischen beiden Behandlungen keinen signifikanten Unterschied auf, während der Proteingehalt in der trockenen Variante in beiden Jahren deutlich reduziert war. Dies steht im Gegensatz zu bisherigen Annahmen, dass sich der Proteingehalt im Korn unter Trockenstress erhöht, was unter Umständen eine nachfolgende Verwendung der Sommergerste als Braugerste gefährden würde. Um den Einfluss von Trockenstress auf die einzelnen Parameter der Brauqualität zuverlässiger bestimmen zu können, wäre es allerdings notwendig größere Saatgutmengen der unterschiedlichen Genotypen und Behandlungen zu vermälzen wie dies bereits in anderen aktuellen Studien zum Thema geschehen ist ([4], [5], [6]).

Abbildung 3 zeigt die Ausprägung ausgewählter Merkmale im BayKlimaFit-Sortiment aufgeteilt nach Behandlung und jeweils gemittelt über die Jahre 2016 und 2017. Das Sortiment unterschied sich in beiden Jahren geringfügig, da in Absprache mit den Projektpartnern im zweiten Versuchsjahr noch Zuchtstämme der beteiligten bayerischen Pflanzenzüchtungsunternehmen Saatucht Streng-Engelen und Saatucht Ackermann mit aufgenommen wurden. Um die Größe des Sortiments konstant zu halten, konnten daher einige wenige Genotypen aus dem Jahr 2016 nicht mehr angebaut werden. Da es sich also insgesamt um einen unbalancierten Datensatz mit Fehlwerten handelt, wurden für die Verrechnung über die Jahre geschätzte Mittelwerte (LS means; Least-squares means) verwendet. Diese wurden mit dem Paket „lsmeans“ ([7]) der frei zugänglichen Software R v 3.5.0. (www.r-project.org) ermittelt.

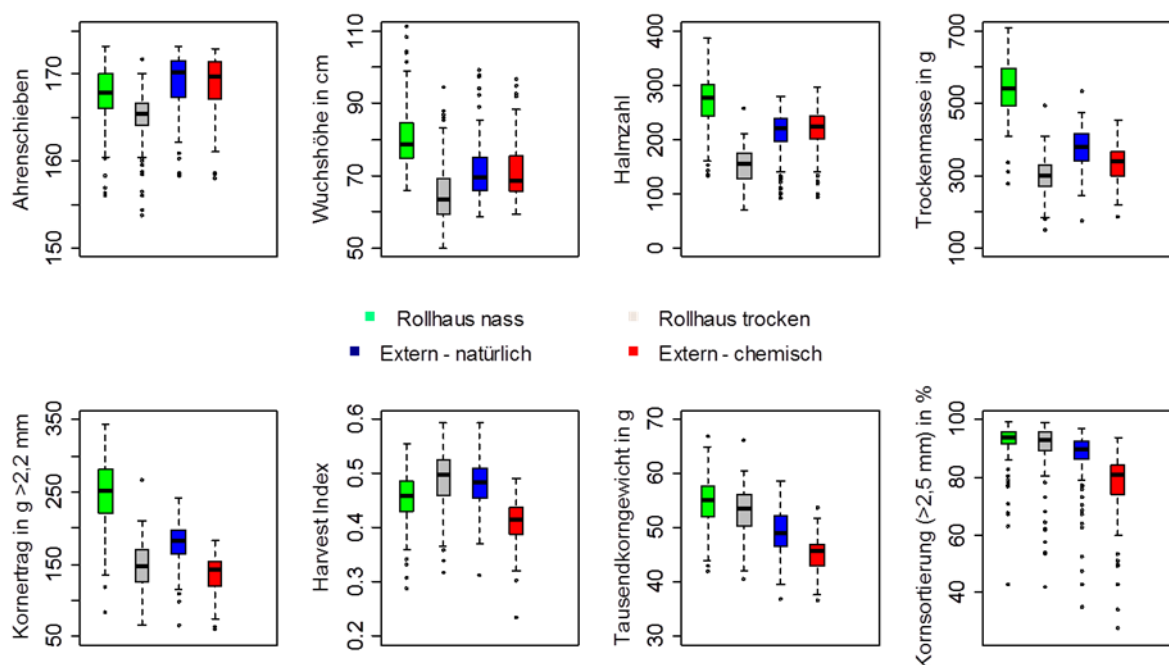


Abbildung 3: Boxplot-Verteilungen der Merkmale Zeitpunkt des Ährenschiebens (in Tagen ab dem 1. Jan.), Wuchshöhe (in cm), Halmzahl, Trockenmasse (in g), Kornertag >2,2 mm pro Doppelreihe (in g), Harvest Index, Tausendkorngewicht (in g) und Kornsartierung > 2,5 mm (in %) im BayKlimaFit-Sortiment. Die Boxplots sind aufgeteilt nach bewässerter (grün) und trockener (grau) Behandlung im Rollgewächshaus sowie nach natür-

licher (blau) und chemischer (rot) Behandlung mit Kaliumiodid auf den externen Versuchsfeldern. Verwendet wurden für die Abbildung die LS means der Jahre 2016 und 2017.

Das BayKlimaFit-Sortiment reagierte in beiden Versuchsjahren sehr ähnlich auf die unterschiedlichen Behandlungen. So führte beispielsweise Trockenstress in beiden Jahren zu früherer Blüte, kürzerer Wuchshöhe und niedrigerer Halmzahl. Aufgrund der im Vergleich mit 2016 deutlich wärmeren Witterung im Frühjahr 2017 und der etwas früheren Aussaat schoben die Genotypen unabhängig von der Behandlung durchschnittlich ca. 10 Tage früher Ähren. Auch war der Bestand 2017 weniger dicht und somit der Gesamtertrag niedriger als im Vorjahr (Anhang Abbildung 19). Dies zeigte sich am stärksten auf der Fläche des Rollgewächshauses. Das Tausendkorngewicht lag in Abhängigkeit der Behandlungen im selben Bereich wie im Jahr 2016. Die Korrelationen innerhalb einer Behandlung zwischen den beiden Versuchsjahren lagen für Merkmale wie Ährenschieben, Wuchshöhe, Halmzahl und die Ertragskomponenten Kornsortierung und Tausendkorngewicht erwartungsgemäß in einem mittleren bis hohen Bereich, während sie für die Trockenmasse und den Kornertrag pro Doppelreihe lediglich im niedrigen bis mittleren Bereich lagen (Abbildung 4, Anhang Abbildung 20, Anhang Abbildung 21). Der Grund hierfür ist, dass eine verlässliche Ertragsermittlung nur durch einen Anbau im Parzellenmaßstab möglich ist und Doppelreihen dafür weniger geeignet sind.

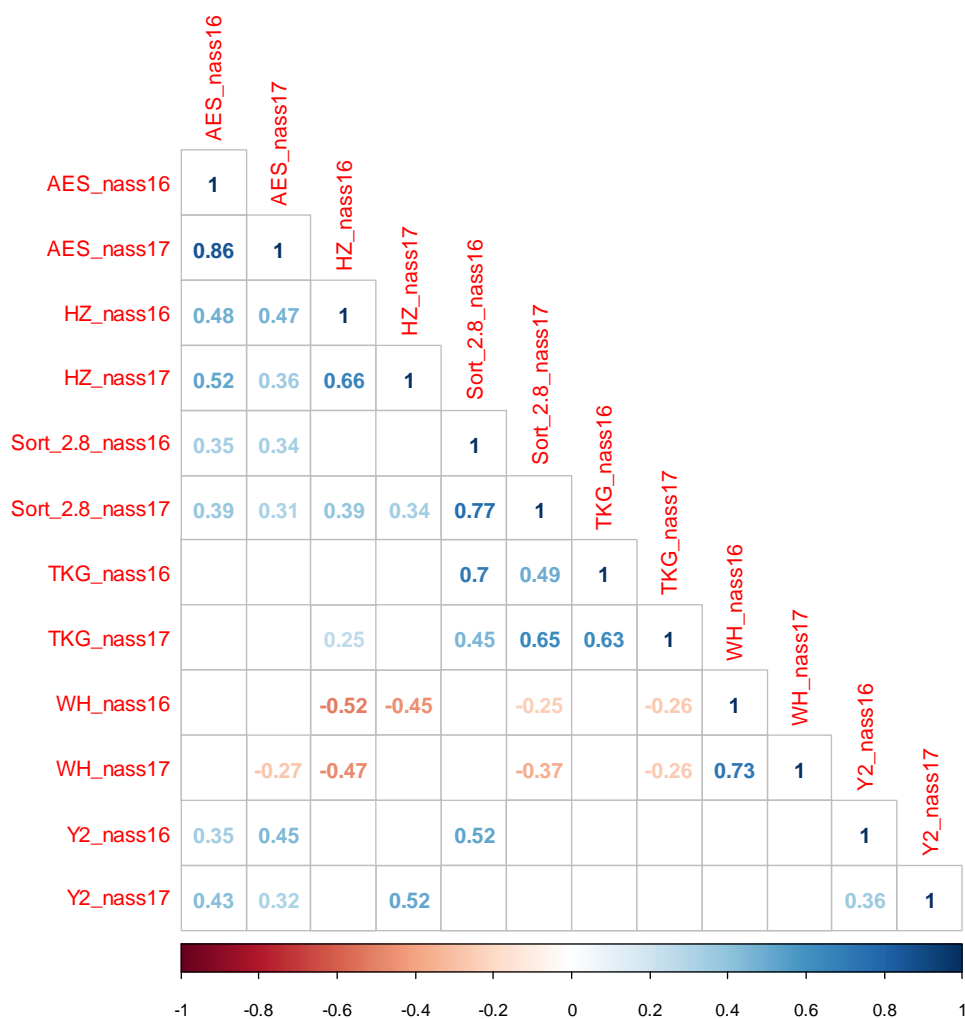


Abbildung 4: Korrelationsmatrix für eine Auswahl an Merkmalen, die 2016 und 2017 im Rollgewächshaus erfasst wurden. Der Korrelationskoeffizient (blaue bzw. rote Schrift) ist jeweils nur für signifikante ($p < 0,05$) Korrelationen dargestellt. Abkürzungen der Merkmale: AES=Ährenschieben, HZ=Halmzahl, Sort_2.8=Kornsartierung >2,8 mm, TKG= Tausendkorngewicht, WH= Wuchshöhe, Y2=Korngewicht nach Aufreinigung; nass16/ nass17: Rollgewächshaus bewässerte Variante in den Jahren 2016 bzw. 2017.

Auf allen Versuchsflächen wurden ab Ende Mai/Anfang Juni über einen Zeitraum von 4 bis 6 Wochen einmal wöchentlich SPAD-Messungen durchgeführt. Mit Hilfe eines SPADmeters wird die Lichttransmission im roten (650 nm) und nahinfraroten (960 nm) Bereich gemessen. Daraus (t_{960}/t_{650}) ergibt sich ein dimensionsloser Wert, der Rückschlüsse auf den relativen Chlorophyllgehalt und somit indirekt auf den N-Status der Pflanze erlaubt ([8]). Dabei wurden die Messungen auf 10 Einzelmessungen pro Genotyp festgesetzt und daraus der Mittelwert errechnet. Die Messungen zeigten zwar Unterschiede zwischen Genotypen und Behandlungen (Daten nicht gezeigt), jedoch ergaben sich nicht wie ursprünglich erhofft reproduzierbare signifikante Korrelationen zwischen SPAD-Werten und beispielsweise Ertragskomponenten, um diese als relativ einfache Methoden zur Selektion komplexerer Merkmale einsetzen zu können. So fanden sich beispielsweise mit den Daten aus dem Jahr 2017 schwache, aber

signifikante Korrelationen zwischen den SPAD-Werten zum Zeitpunkt des Ährenschiebens und dem Kornertrag pro Doppelreihe (Korrelationskoeffizienten zwischen 0,22 und 0,28; p -Wert < 0,05). Diese konnten aber weder im ersten Versuchsjahr 2016 noch in den Parzellenversuchen im Jahr 2018 wieder gefunden werden. Die Autoren der Studie [9] berichten über eine signifikante Beziehung zwischen SPAD-Werten zum Ährenschieben und Kornertrag im Weizen. Diese sei allerdings stark beeinflusst von Sorte, Umwelt sowie N-Gehalt des Bodens und erfordere für Ertragsvorhersagen eine sortenabhängige Kalibrierung. Weitere eventuell vielversprechendere Einsatzmöglichkeiten von SPAD-Messungen könnten eher in den Bereichen N-Düngung und Blattgesundheit liegen ([10], [11], [12]).

4.1.3 Phänotypische Merkmale der Ertragsversuche 2018

Im Jahr 2018 wurde das aus 59 Genotypen bestehende Sortiment an mehreren Orten im Parzellenmaßstab angebaut, um den Ertrag der Genotypen zuverlässiger abschätzen zu können sowie Aussagen über die Ertragsstabilität treffen zu können. Die Standorte waren nicht nur über ganz Bayern verteilt, sondern der Versuch wurde auch in Sachsen-Anhalt, Niedersachsen und Frankreich angebaut (Tabelle 1). Dadurch sollte gewährleistet sein, dass das Sortiment unter ganz unterschiedlichen Bedingungen (Böden, Niederschläge usw.) geprüft wurde.

Tabelle 1: Übersicht über die Anbauorte des Parzellenversuchs 2018 (komplettes BayKlimaFit-Sortiment).

Anbauer	Ort	Bundesland	Parzellengröße	Zahl der Wdh
LfL	Grub	Bayern	11,3 m ²	2
TUM	Freising	Bayern	11,3 m ²	2
Saatzucht Breun	Herzogenaurach	Bayern	7,5 m ²	2
Saatzucht Breun	Morgenrot	Sachsen-Anhalt	7,5 m ²	2
Saatzucht Breun	Lenglern	Niedersachsen	7,5 m ²	2
Saatzucht Breun	Cutrelles/Frankreich		10,6 m ²	1
Saatzucht Ackermann	Irlbach	Bayern	8,4 m ²	2
Saatzucht Streng-Engelen	Uffenheim	Bayern	6,3 m ²	2

Der Versuch wurde unter ortsüblichen Bedingungen (Saatstärke, Düngung, Pflanzenschutzmittel) angebaut. Nach der Ernte wurde der Ertrag in dt/ha ermittelt sowie Kornsortierung und Tausendkorngewicht bestimmt. Lediglich am Standort in Grub wurde auch die Bestandsdichte und die Wuchshöhe gemessen, in Frankreich noch zusätzlich der Proteingehalt in den Körnern. Aufgrund eines starken Unwetters mit Hagel wurde der Feldversuch in Uffenheim nahezu vollständig zerstört, so dass dieser für die Ertragsermittlungen nicht geerntet wurde und im Folgenden auch nicht weiter erwähnt wird.

Das Sortiment differenzierte sehr gut bzgl. aller betrachteten Merkmale. So variierte beispielsweise der Ertrag von 13,2 dt/ha (Sorte Alava am Standort Herzogenaurach) bis 77,3

dt/ha (Sorte Quench am Standort der TUM in Freising), und das Tausendkorngewicht von 36,7 g (Sorte Morex in Grub) bis 65 g (Zuchtstamm von Streng-Engelen in Morgenrot).

Das Ertragsniveau an den unterschiedlichen Orten war erwartungsgemäß sehr verschieden. Irlbach, Freising (TUM) sowie Cutrelles in Frankreich gehörten zu den ertragsstärkeren Orten, Morgenrot und Grub lagen im Mittelfeld und Herzogenaurach und Lenglern waren am ertragsschwächsten (Abbildung 5).

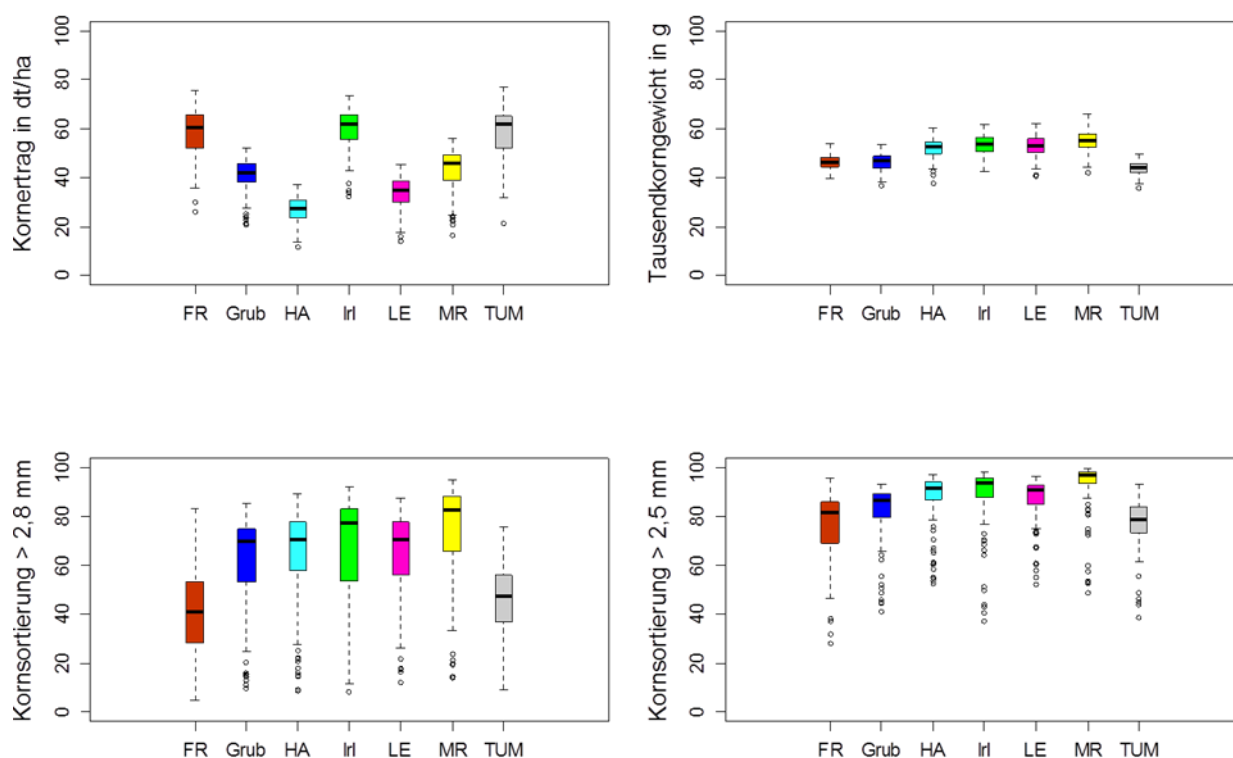


Abbildung 5: Boxplot-Verteilungen der Merkmale Kornertag (in dt/ha), Tausendkorngewicht (in g), Kornsartierung > 2,8 mm (in %) sowie Kornsartierung > 2,5 mm (in %) im BayKlimaFit-Sortiment aufgeteilt nach den verschiedenen Standorten der Parzellenversuche 2018. FR=Cutrelles in Frankreich, Grub=LfL-Standort, HA= Herzogenaurach, Irl= Irlbach, LE=Lenglern, MR=Morgenrot, TUM=Standort der TUM in Freising.

Diese Variationen im Ertragsniveau waren zu erwarten und lagen unter anderem an den unterschiedlichen Mengen und Verteilungen der Niederschläge in den einzelnen Regionen sowie an den Bodenarten. Im mittelfränkischen Herzogenaurach führten beispielsweise geringe Niederschläge im ertragsbildenden Monat Juni (32 l) in Kombination mit eher leichten Böden zu einem niedrigen Ertragsniveau. Am Standort der TUM in Freising mit hohem Ertragsniveau gab es im selben Zeitraum deutlich mehr Niederschläge (123 l). Um Sortenunterschiede herauszuarbeiten und vor allem um ertragsstabile Sorten zu identifizieren, war es auch erwünscht, das Sortiment unter den unterschiedlichsten Bedingungen zu prüfen. Die Merkmale Tausendkorngewicht und Kornsartierung waren unabhängiger von der Umwelt und variierten weitaus weniger zwischen Standorten. Einzig in Frankreich und am Standort der

TUM in Freising war der Anteil an großen Körnern (> 2,8 mm) deutlich reduziert im Vergleich zu den anderen Standorten (Abbildung 5).

Die Korrelationen zwischen den einzelnen Standorten für den Ertrag lagen in einem hohen Bereich (Abbildung 6), was zum einen für die Reproduzierbarkeit der Feldversuche spricht und zum anderen die Notwendigkeit von Parzellenversuchen für Ertragsabschätzungen unterstreicht. Im Vergleich zu den Doppelreihenversuchen aus den Jahren 2016 und 2017 nahmen die Korrelationskoeffizienten im Parzellenversuch 2018 für den Ertrag deutlich höhere Werte an (Abbildung 6, Anhang Abbildung 20, Anhang Abbildung 21). Auch für die weiteren Ertragskomponenten (Tausendkorngewicht, Kornsortierung) lagen die Korrelationen in einem hohen Bereich mit Korrelationskoeffizienten zwischen $r=0,61$ und $r=0,92$ (Abbildung 22, Abbildung 23).

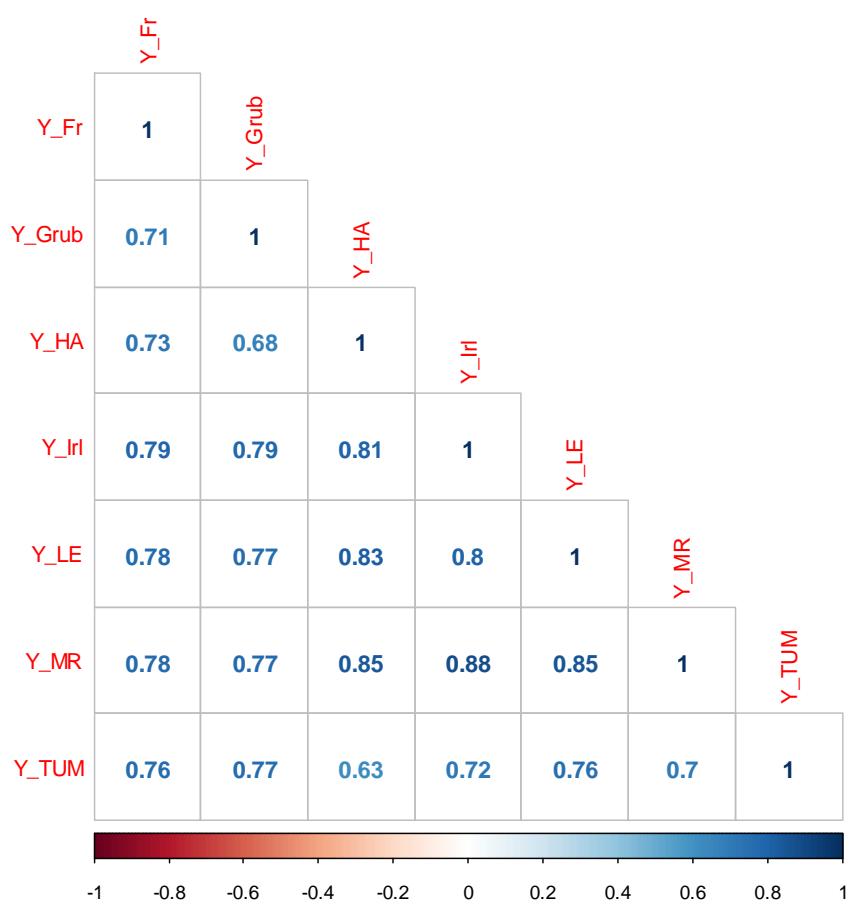


Abbildung 6: Korrelationsmatrix für das Merkmal Ertrag der mehrortigen Parzellenversuche 2018. Der Korrelationskoeffizient (blaue Schrift) ist jeweils nur für signifikante ($p < 0,05$) Korrelationen dargestellt. Abkürzungen: Y=Yield/Ertrag, Fr=Cutrelles in Frankreich, Grub=LfL-Standort, HA=Herzogenaurach, Irl=Irlbach, LE=Lenglern, MR=Morgenrot, TUM=Standort der TUM in Freising.

Gemittelt über alle Standorte schnitten die Sorten Quench und RGT Planet ertragsmäßig am besten ab (jeweils 55 dt/ha). Quench wird als eine ertragsstarke Sommerbraugerste mit hervorragender Strohstabilität und höchster Qualität beschrieben, die international bei Mälzern

und Brauern anerkannt ist. Sie zeichnet sich durch einen hohen Vollgerstenanteil aus, den sie auch in unseren Versuchen gezeigt hat (91,3%). RGT Planet ist bekannt dafür, Höchstertträge zu liefern bei gleichzeitig ausgewogener Brauqualität. In Bayern ist sie eine Braugerste für den Vertragsanbau. Sie hatte zudem einen hohen Vollgerstenanteil (93%) und ein hohes Tausendkorngewicht (55 g). Unter den ertraglich besten Sorten befanden sich außerdem einige Zuchtstämme der beteiligten bayerischen Pflanzenzüchter, die mit 51 bis 54 dt/ha nahe an die besten zugelassenen Sorten heran kamen. Die niedrigsten Erträge (< 40 dt/ha) brachten erwartungsgemäß die exotischen Landsorten, beispielsweise Engledow India, Abessinische, Palmella Blue und Jerusalemer. Keine aktuellen Braugersten oder Zuchtstämme lagen in diesem Bereich. Auf mittlerem Ertragsniveau (um die 47 dt/ha) befanden sich zugelassene Sorten wie die Futtergerste Eunova oder die langjährig empfohlene Braugerste Marthe sowie ein Zuchtstamm der LfL.

Aufgrund der limitierten Fläche wurden im Rollgewächshaus lediglich 15 selektierte Sorten in kleinen Parzellen (3,5 m²) mit den beiden Behandlungen trocken und bewässert geprüft. Diese wurden auch auf zwei externen Feldern unter chemischem Trockenstress vs. natürlichen Bedingungen angebaut. Die Sorten wurden in Absprache mit den Projektpartnern ausgewählt. Für eine bessere Vergleichbarkeit wurden nur zweizeilige Gersten selektiert, die ähnlich vom Zeitpunkt des Ährenschiebens waren. Außerdem war jeder Züchter mit einem Zuchtstamm vertreten. Abbildung 7 zeigt exemplarisch die sehr ertragsstarke Sorte RGT Planet zu verschiedenen Zeitpunkten in den vier Behandlungen. Deutlich zu sehen ist der sehr dünne Bestand und die geringe Wuchshöhe in der trockenen Variante (Spalte b), sowie die rötliche Färbung der Parzellen nach der Kaliumiodidbehandlung (Reihen 2 und 3, Spalte c).

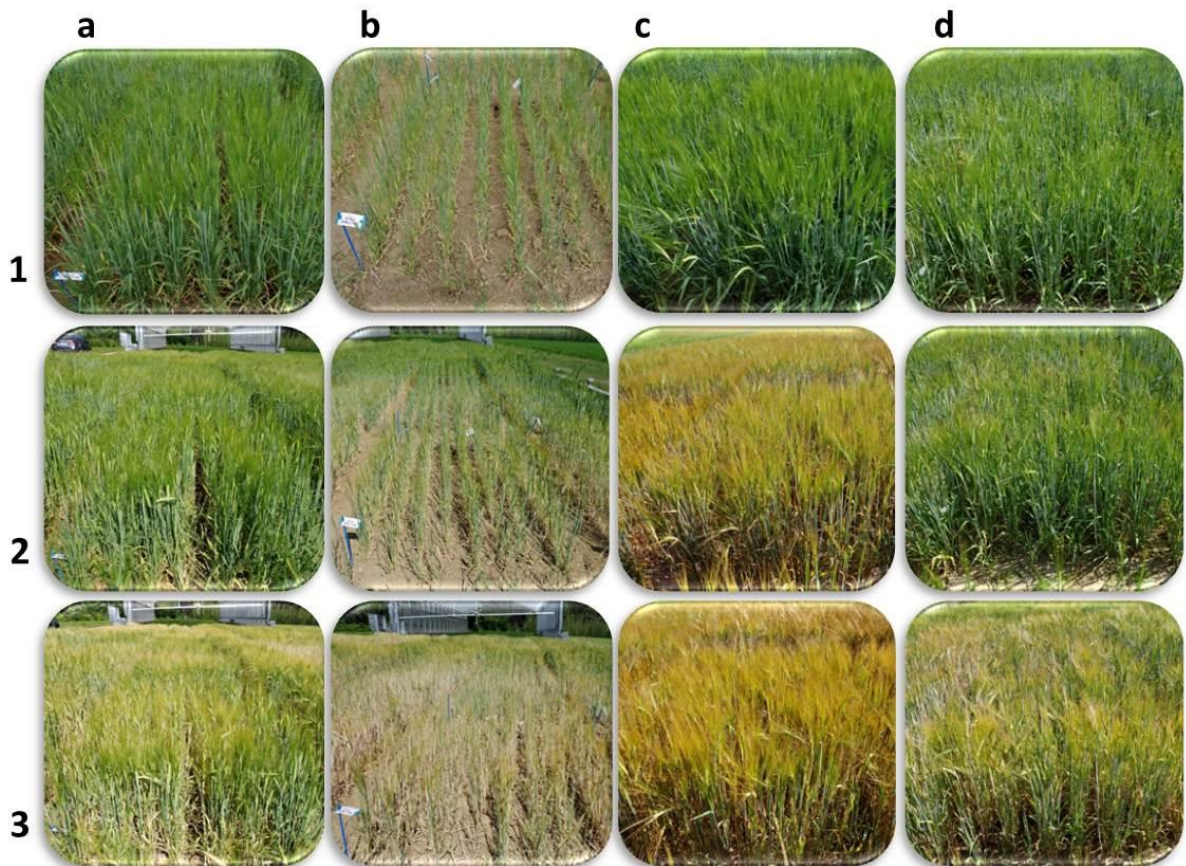


Abbildung 7: Die Sorte RGT Planet in Kleinparzellen (3,5m²) am 14.06., 21.06. und 02.07.2018 (Reihen 1 bis 3) in den Behandlungen Rollhaus bewässert (a), Rollhaus trocken (b), chemischer Trockenstress (c) und natürliche Aufwuchsbedingungen (d).

Das eingeschränkte Sortiment in Kleinparzellen reagierte ähnlich auf die verschiedenen Behandlungen wie das gesamte Sortiment in Doppelreihen in den Jahren 2016 und 2017. So führte auch in diesem Versuch der Trockenstress im Rollgewächshaus zu einer geringeren Wuchshöhe, niedrigeren Bestandsdichte und einem deutlich reduzierten Kornertrag (Abbildung 8). Im Jahr 2018 beeinflusste der Trockenstress sowohl Tausendkorngewicht als auch die Kornsortierung > 2,8 mm deutlich negativer als in den Jahren zuvor, was vermutlich daran liegen könnte, dass es in der Vegetationsperiode 2018 deutlich höhere Temperaturen gab und die Pflanzen somit neben dem starken Trockenstress noch mit extremem Hitzestress zu kämpfen hatten.

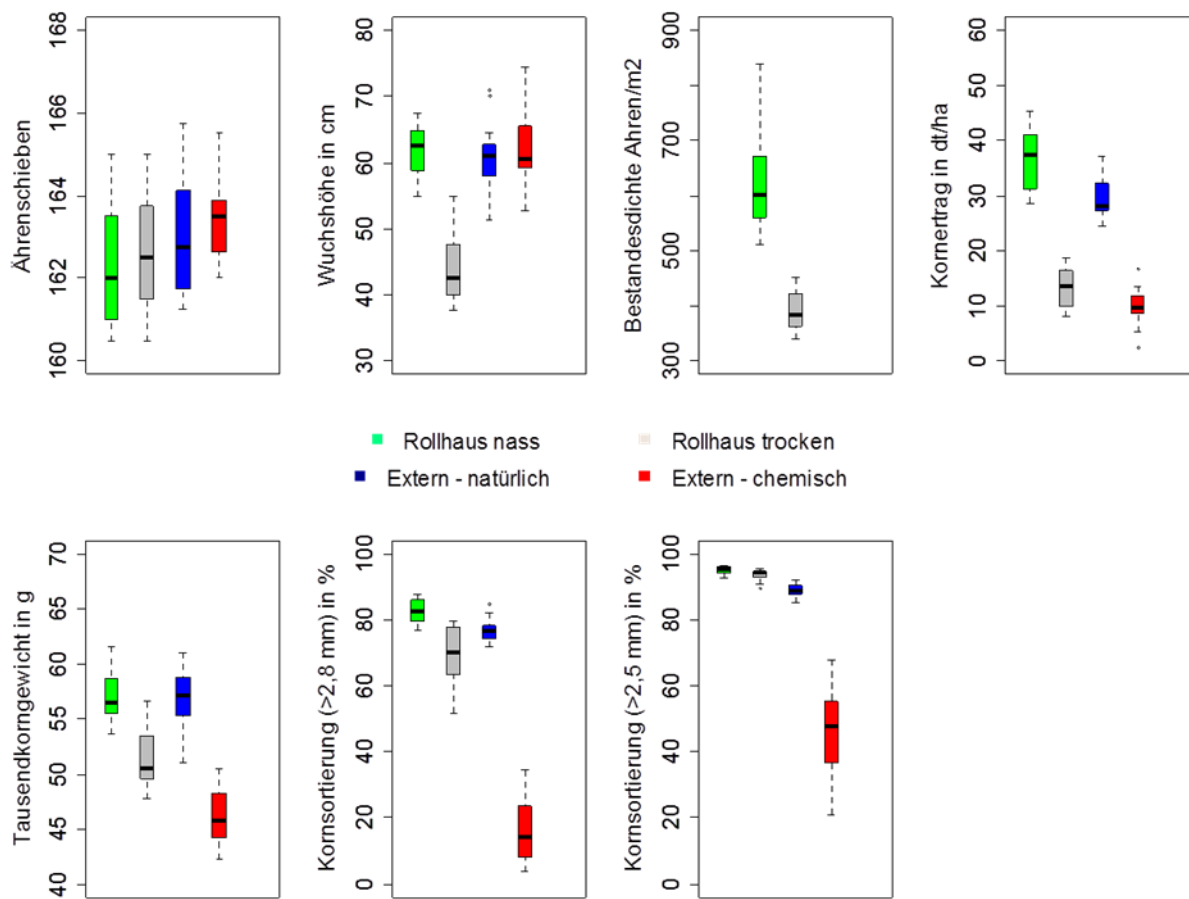


Abbildung 8: Boxplot-Verteilungen der Merkmale Zeitpunkt des Ährenschiebens (in Tagen ab dem 1. Januar), Wuchshöhe (in cm), Bestandsdichte (in Ähren/m²), Kornertrag (in dt/ha), Tausendkorngewicht (in g), Kornsortierung > 2,8 mm (in %) und Kornsortierung > 2,5 mm (in %) im eingeschränkten aus 15 Sorten bestehenden BayKlimaFit-Sortiment. Die Boxplots sind aufgeteilt nach bewässerter (grün) und trockener (grau) Behandlung im Rollgewächshaus sowie nach natürlicher (blau) und chemischer (rot) Behandlung mit Kaliumiodid auf den externen Versuchsfeldern. Verwendet wurden für die Abbildung die Daten aus dem Kleinparzellenversuch 2018.

Auch der chemische Trockenstress hatte in den Versuchen 2018 einen weitaus größeren negativen Effekt auf die Merkmale Tausendkorngewicht sowie Kornsortierung. Dies könnte damit zusammenhängen, dass das Kaliumiodid in Verbindung mit dem sehr heißen Sommer und den vielen Sonnenstunden eine stärkere Wirkung zeigte als in den Jahren zuvor. Außerdem wurde das Kaliumiodid in den Kleinparzellen mittels einer Feldspritze appliziert, während es in 2016 und 2017 mit einer kleinen Rückenspritze ausgebracht wurde, so dass es 2018 vermutlich gleichmäßiger über dem Bestand verteilt war.

Verglichen mit den oben beschriebenen Feldversuchen des kompletten BayKlimaFit-Sortiments in größeren Parzellen war das Ertragsniveau in den Kleinparzellen eher niedrig, und zwar in der bewässerten und der natürlichen Variante. Eine Ausnahme bildete die Sorte RGT Planet, die in der bewässerten Behandlung sehr gut abschnitt, allerdings mit recht großer Variation zwischen den beiden Wiederholungen (Abbildung 9). Ansonsten differenzierten

die 15 Sorten innerhalb einer Behandlung recht schwach bezüglich des Ertrags und es stach beispielsweise auch keine Sorte mit besonders hohem Ertrag unter Trockenheit hervor. Die geringe Differenzierung ergab sich vermutlich aus der Auswahl der Sorten für diesen Versuchsteil, da hier nur adaptierte Sorten und Zuchtstämme ausgewählt wurden und keine Exoten. Auch bei den anderen erfassten Merkmalen war die Sortenvariation innerhalb einer Behandlung eher gering, vor allem in der interessanten trockenen Behandlung, so dass hier auf den ersten Blick kein Genotyp auffiel, der unter Trockenheit deutlich besser abschnitt als die anderen.

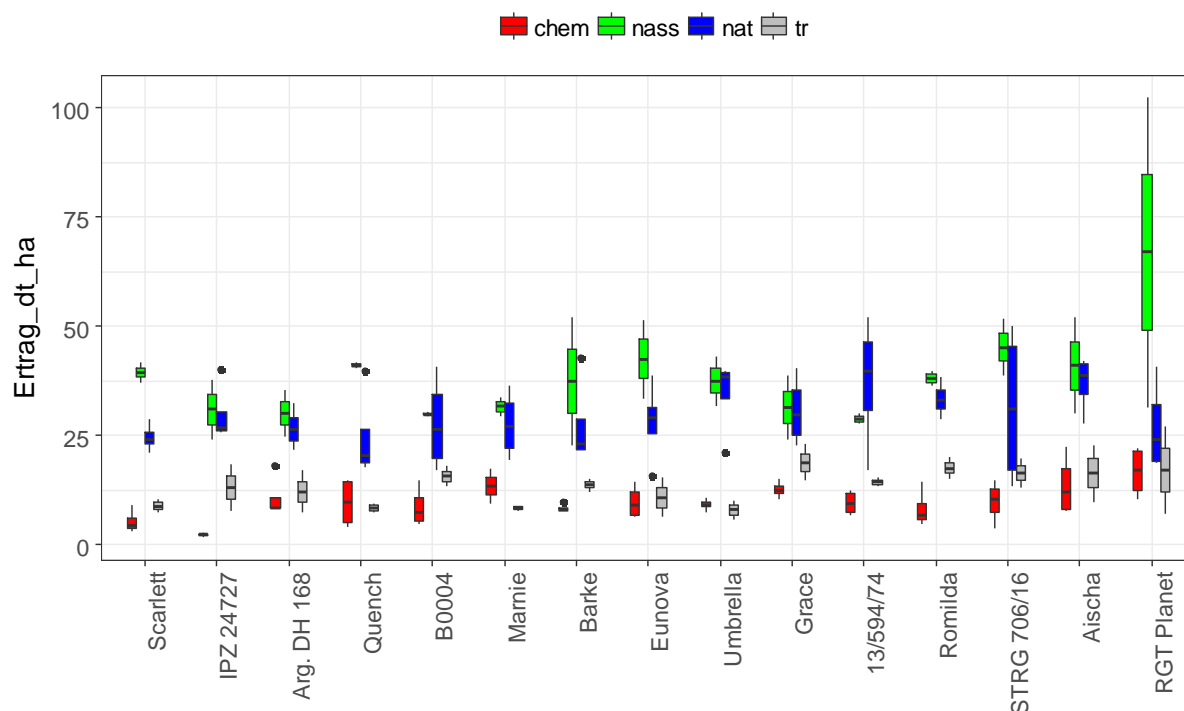


Abbildung 9: Boxplot-Verteilungen der 15 ausgewählten Sorten für den Ertrag (dt/ha) jeweils aufgeteilt nach bewässerter (grün) und trockener (grau) Behandlung im Rollgewächshaus sowie nach natürlicher (blau) und chemischer (rot) Behandlung mit Kaliumiodid auf den externen Versuchsfeldern. Verwendet wurden für die Abbildung die Daten aus dem Kleinparzellenversuch 2018.

4.1.4 Beurteilung von Kaliumiodid zur Simulation von Trockenstress

Da es aufgrund der Witterung und des Standorts nicht in jedem Jahr möglich ist, unter natürlichen Bedingungen auf Trockenstresstoleranz zu selektieren und ein Rollgewächshaus nicht immer verfügbar sowie von der Fläche her limitierend ist, sollte im Projekt die Möglichkeit untersucht werden, durch Besprühen des Feldbestandes mit einer verdünnten Kaliumiodid-Lösung, Trockenstress zu simulieren (=chemische Desikkation). Dies wurde bereits in einem Vorgängerprojekt an der LfL sowie im Rahmen verschiedener Veröffentlichungen durchgeführt ([12], [13], [14]). Durch diese Vorgehensweise kurz nach dem Ährenschieben wird die Photosynthese unterbunden, so dass keine neu gebildeten Assimilate zur Kornfüllung genutzt werden können. Außerdem wird der Chlorophyllgehalt reduziert, sowie die stomatare Leitfähigkeit und die Transpiration des Fahnenblatts herabgesetzt ([15], [16], [17]). Die Tole-

ranz gegenüber chemischem Trockenstress liegt in der Fähigkeit einiger Genotypen, ihre Körner durch die Mobilisierung der zuvor im Halm gespeicherten Assimilate zu füllen.

Die Korrelationen für die LS means aus den Versuchsjahren 2016 und 2017 zwischen chemischem Stress und Trockenstress im Rollgewächshaus waren für alle ertragsrelevanten Merkmale (Korngewicht pro Doppelreihe, Tausendkorngewicht, Kornsortierung, Harvest Index) signifikant ($p < 0,1$) und lagen in einem mittleren bis hohen Bereich (Korrelationskoeffizienten zwischen $r = 0,53$ und $0,78$). Abbildung 10 zeigt exemplarisch die Beziehungen zwischen den beiden Stressarten für die Merkmale Korngewicht pro Doppelreihe und Kornsortierung $> 2,8$ mm. Mit Hilfe beider Methoden konnten beispielsweise Barke, Ventina und der Zuchtstamm BF_077 als Genotypen mit hohem Korngewicht pro Doppelreihe identifiziert werden und Engledow India und Palmella Blue als solche mit niedrigem. Einzig der Zuchtstamm BF_101 zeigte sich als deutlicher Ausreißer aus der Korrelation, da er unter Trockenstress ein sehr hohes Korngewicht aufwies, während er nach der chemischen Behandlung eher im Mittelfeld lag. Beim Merkmal Kornsortierung $> 2,8$ mm war der Korrelationskoeffizient zwischen den beiden Stressarten am höchsten ($r = 0,78$). Aischa, Propino und Shakira zeigten hier einen sehr hohen Anteil an Körnern $> 2,8$ mm während Emperor und CDC McGwire lediglich einen geringen Anteil Körner an dieser Kornfraktion hatten.

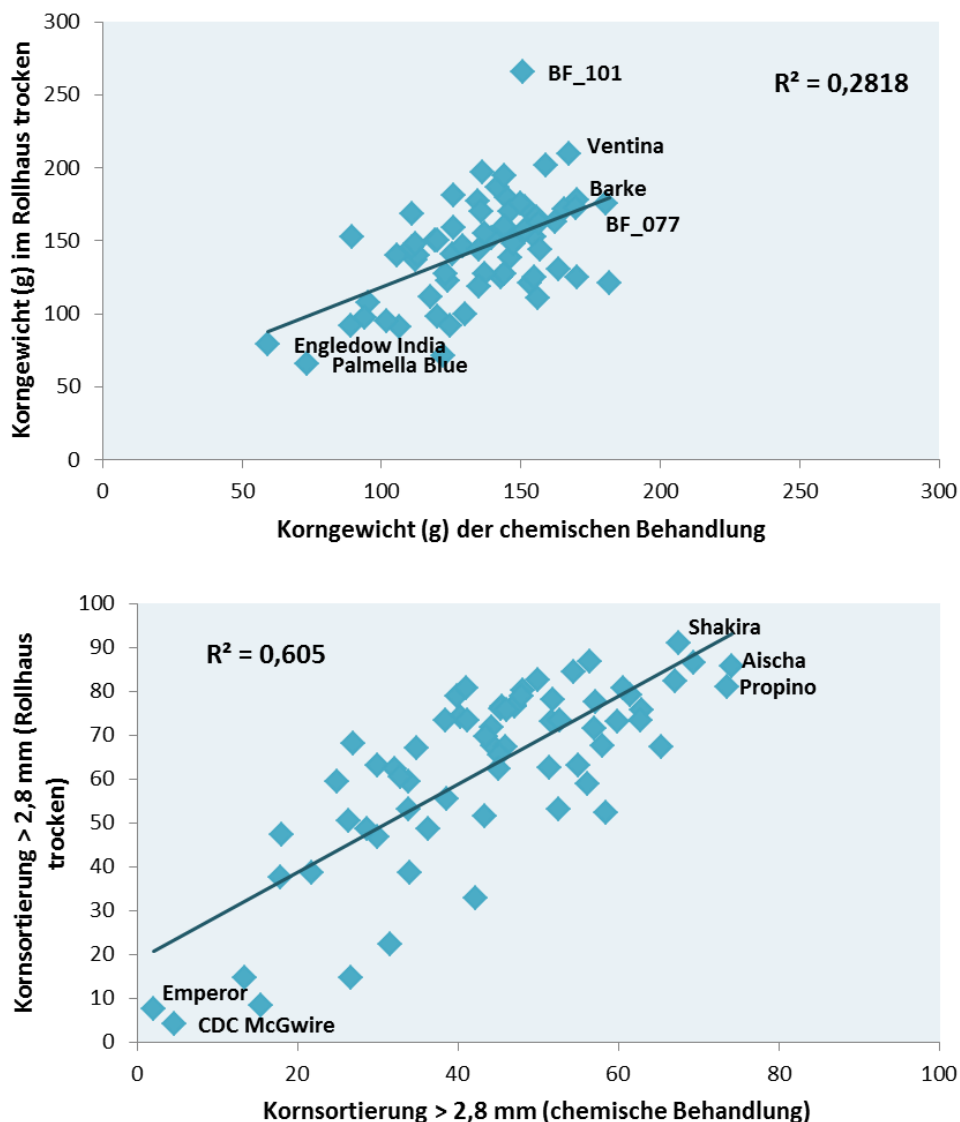


Abbildung 10: Korrelationen für die Merkmale Korngewicht pro Doppelreihe (oben) und Kornsortierung >2,8 mm in % (unten) zwischen chemischem Stress nach Behandlung mit Kaliumiodid und dem Trockenstress im Rollgewächshaus. Verwendet wurden die LS means aus den Versuchsjahren 2016 und 2017 des gesamten BayKlimaFit-Sortiments. Das Bestimmtheitsmaß (R^2) ist jeweils angegeben; interessante Genotypen sind in der Abbildung indiziert.

Wie oben bereits erwähnt, wurde auch in den Kleinparzellen im Jahr 2018 die chemische Desikkation zur Simulation von Trockenstress durchgeführt. Hier fielen die Korrelationen zwischen den beiden Stressarten deutlich schwächer aus als in den Doppelreihenversuchen 2016 und 2017 und waren lediglich für den Ertrag und das Tausendkorngewicht signifikant (Daten nicht gezeigt). Dies könnte an der niedrigen Zahl der Genotypen (15) und an der insgesamt geringen Sortenvariation innerhalb der Behandlungen liegen.

Die Ergebnisse aus dem Projekt zeigen, dass die chemische Desikkation eine einfache, und kostengünstige Methode darstellt, um ein Set an Genotypen auf Stresstoleranz zu prüfen,

ohne dass tatsächlich Trockenstress vorhanden sein muss. Die beiden Stressarten sind zwar nicht absolut identisch, aber die vorhandenen signifikanten Korrelationen sind vielversprechend, so dass auf diese Weise stresstolerante Genotypen selektiert werden können. Dies bezieht sich vor allem auf die Ertragskomponenten. Eine Qualitätsuntersuchung der durch Kaliumiodid verursachten Kümmerkörner wurde im Projekt aus Kostengründen nicht durchgeführt und erscheint eher fragwürdig. Auch Studien mit Reis ([14]) und Weizen ([18]) zeigten, dass der durch Kaliumiodid hervorgerufene chemische Trockenstress eine einfache und geeignete Methode darstellt, um Genotypen bezüglich ihrer Trockenstresstoleranz zu beurteilen.

4.1.5 Genotype Stability Index

Entscheidend bei der Entwicklung und Selektion überdurchschnittlicher Linien ist nicht nur eine gute Leistung bezüglich des betrachteten Merkmals, also beispielsweise ein hoher Ertrag, sondern auch Informationen über Anpassungsfähigkeit und Stabilität eines Genotyps für wichtige Merkmale. Um dies herauszufinden, ist es notwendig mehrortige und/oder mehrjährige Versuche unter den verschiedensten Bedingungen durchzuführen, wie es auch in diesem Projekt geschehen ist. Zur Berechnung von Genotyp x Umweltinteraktionen sowie Stabilitätsindices stehen zahlreiche statistische Methoden und Modelle zur Verfügung. Eine weit verbreitete multivariate Methode ist die AMMI-Methode. AMMI steht für **A**dditive **M**ain effects and **M**ultiplicative **I**nteraction und kombiniert eine ANOVA (**A**nalysis **O**f **V**ariance) mit additiven Haupteffekten für Genotyp und Umwelt mit einer Hauptkomponentenanalyse für Genotyp x Umweltinteraktionen ([19]). Diese Methode wurde für die statistische Analyse mehrortiger Versuche in verschiedensten Kulturarten wie beispielsweise Weizen, Gerste, Reis und Süßkartoffel angewandt ([20], [21], [22], [23]). Im Rahmen des AMMI-Modells wird der ASV (**A**MMI **S**tability **V**alue) gemäß [24] berechnet. Dieser gibt Auskunft über die Stabilität eines Genotyps bezüglich eines Merkmals. Dabei gilt, dass ein Genotyp umso stabiler ist, desto niedriger der ASV. Für jeden Genotyp wurde außerdem der GSI (**G**enotype **S**tability **I**ndex) berechnet. Dieser setzt sich zusammen aus der Rangfolge bezüglich des ASVs und der Rangfolge für den Mittelwert des betrachteten Merkmals:

$$GSI_i = RASV_i + RY_i, \text{ wobei gilt:}$$

GSI_i : Genotype stability index für den i-ten Genotyp über die Umwelten; $RASV_i$: Rang des i-ten Genotyps über die Umwelten basierend auf dem ASV; RY_i : Rang des i-ten Genotyps basierend auf dem Mittelwert des betrachteten Merkmals über die Umwelten.

Um überlegene Genotypen über Merkmale hinweg zu identifizieren, werden die GSI-Ränge für alle Merkmale aufsummiert. Derjenige mit der niedrigsten Rangsumme gilt dabei als der beste über Merkmale hinweg ([23]). Das AMMI-Modell sowie der GSI wurden mit dem Paket „agricolae“ ([25]) der frei zugänglichen Software R v 3.5.0. (www.r-project.org) für die in den Feldversuchen ermittelten relevanten Ertragsparameter (Ertrag/Kornengewichte, Kornsortierung, Tausendkorngewicht) sowie teilweise auch für Qualitätsparameter (Extrakt- und Rohproteingehalt) berechnet.

Für die Feldversuche aus den Jahren 2016 und 2017 wurde für die Merkmale Korngewicht pro Doppelreihe, Gesamtertrag, Ernteindex (Verhältnis Kornertrag/Gesamtertrag), Halmzahl, Kornsortierung, Tausendkorngewicht sowie Extrakt- und Rohproteingehalt über alle vorlie-

genden Umwelten bzw. Behandlungen (nass, trocken, chemisch, natürlich) AMMI stability values (ASV) und Genotype stability indices (GSI) ermittelt. Aus letzteren ergab sich dann der gesamt GSI über alle Merkmale hinweg, so dass die zahlreichen für die Trockenstresstoleranz relevanten Merkmale letztendlich mit Hilfe einer Zahl zusammengefasst werden konnten. Abbildung 24 und Abbildung 25 im Anhang zeigen exemplarisch Biplots aller Behandlungen und Genotypen des BayKlimaFit-Sortiments für die Merkmale Korngewicht pro Doppelreihe und Kornsortierung >2,5 mm. Je stabiler und damit umweltunabhängiger eine Sorte ist, desto näher befindet sie sich in der Graphik am Ursprung und desto geringer ist ihr ASV. Erwartungsgemäß clusterten die Genotypen für das umweltunabhängigere Merkmal Kornsortierung weitaus dichter am Ursprung als für den Kornertrag pro Doppelreihe. Am umweltstabilsten unabhängig vom Ertragsniveau waren die Sorten Union sowie Zuchtstämme der drei beteiligten bayerischen Pflanzenzüchter. Bei der Kornsortierung wiesen ebenfalls verschiedene Zuchtstämme die niedrigsten ASVs auf und zählten somit zu den stabilsten Genotypen über die Behandlungen hinweg.

Bezogen auf den gesamt GSI für alle oben aufgeführten Merkmale befanden sich neben den zugelassenen Sorten RGT Planet und Tesla interessanterweise vor allem Stämme der drei beteiligten bayerischen Pflanzenzüchter unter den besten Genotypen (Abbildung 11). Dies zeigt, dass bereits sehr viel Züchtungsarbeit in Richtung leistungsfähige und stabile Sorten in Bayern geleistet wird. Am schlechtesten schnitten die exotischen Sorten ab, die nicht an unsere Bedingungen adaptiert sind und zudem meist sehr langstrohig und damit lagergefährdet sind, so dass hier nicht wie erhofft Material aus eher trockenen Ursprungsgebieten dabei war, welches auch in unseren Breiten und unter unseren intensiven Ackerbaubedingungen von Vorteil sein könnte. Eine Ausnahme bildeten die aus einer Kartierungspopulation stammenden doppelhaploiden Linien Arg. DH16 und Arg. DH168, die vom Ranking her im Mittelfeld lagen (Abbildung 11). Sie gingen hervor aus einer Kreuzung zwischen der aus dem Jahr 1999 stammenden Braugerste Aspen und der argentinischen trockenstresstoleranten Braugerste Arg. Mutante 6519.

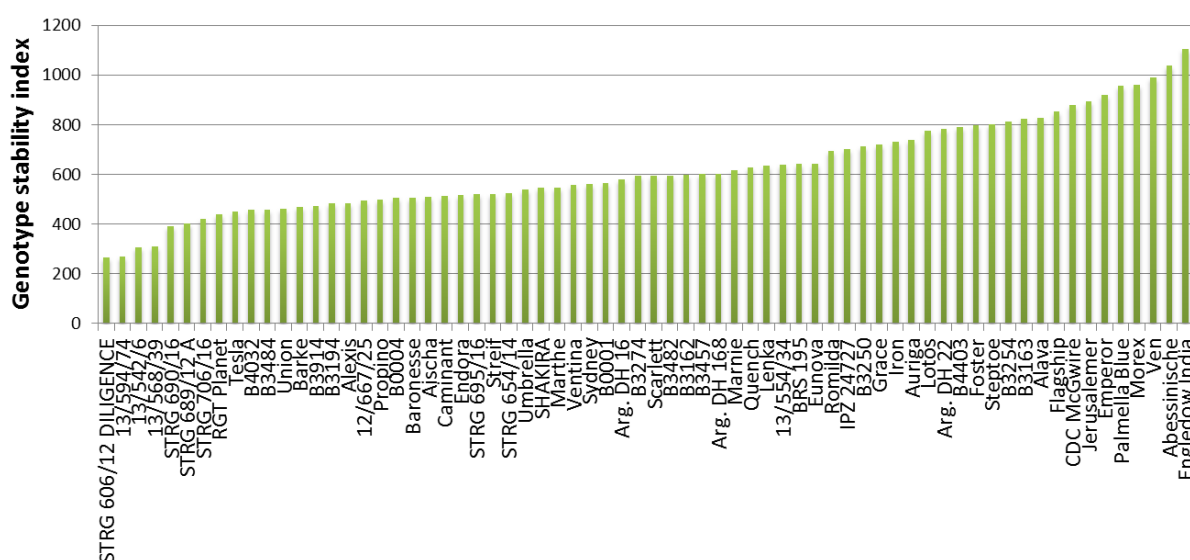


Abbildung 11: Gesamt GSI (genotype stability index) aufsummiert für die Merkmale Korngewicht pro Doppelreihe, Gesamtertrag, Ernteindex (Verhältnis Kornertrag/Gesamtertrag), Halmzahl, Kornsortierung, Tausendkorngewicht

wicht sowie Extrakt- und Rohproteingehalt. Zugrunde liegen die Daten aus den Feldversuchen 2016 und 2017 im Rollgewächshaus (nass/trocken) und den externen Versuchsfeldern (chemisch/natürlich). Je kleiner der GSI desto besser die Einstufung der Sorte.

Betrachtet man den GSI für einzelne Merkmale, so ergeben sich teilweise andere Rangfolgen, da manche Sorten nur bezüglich einzelner Eigenschaften positiv oder negativ hervorstechen, wobei die Exoten tendenziell immer eher auf der schlechteren Seite zu finden sind (Anhang Abbildung 26).

Auch für die Feldversuche 2018 wurde der GSI unter Berücksichtigung verschiedener Merkmale berechnet. Für die Bestimmung des GSIs sind diese Versuche besonders geeignet und interessant, da sie im Parzellenmaßstab durchgeführt wurden und somit eine tatsächliche Ertragschätzung möglich ist. Im reduzierten Sortiment, das im Rollgewächshaus und auf den externen Feldern in Kleinparzellen angebaut wurde, war Barke die ertragsstabilste Sorte gefolgt von Umbrella und Aischa (Anhang Abbildung 27). Unter Berücksichtigung des Ertragsniveaus sowie der GSIs bezüglich der weiteren Ertragskomponenten ergab sich das in Abbildung 12 dargestellte Ranking. Aischa und zwei Zuchtstämme schnitten insgesamt am besten ab, der von der LfL entwickelte Zuchtstamm bildete das Schlusslicht. Die Unterschiede im GSI für die einzelnen Merkmale werden auch hier wieder deutlich. So trug vor allem das gute TKG für den Zuchtstamm 13/594/74 zur guten Platzierung bei, während andere Sorten eher einen guten GSI für den Ertrag (Aischa, STRG706/16, Umbrella, Romilda) oder die Kornsortierung (Aischa, 13/594/16) aufwiesen.

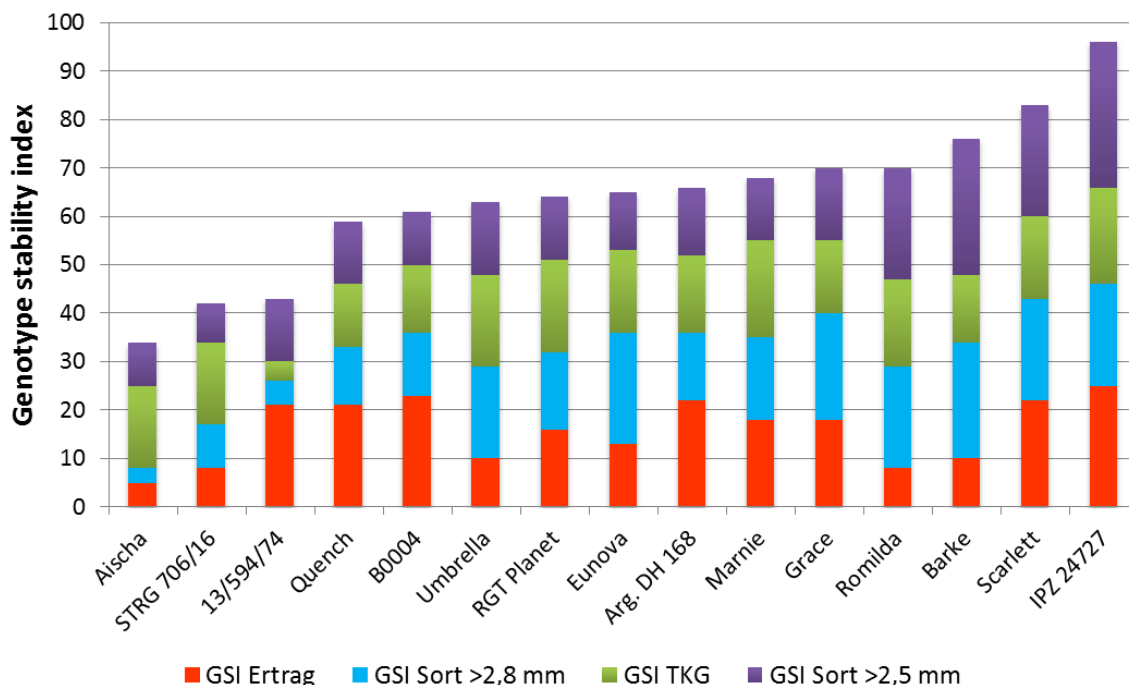


Abbildung 12: Genotype stability index für die Merkmale Ertrag (rot), Tausendkorngewicht (grün) und Kornsortierung >2,5 mm bzw. 2,8 mm (lila bzw. blau). Zugrunde liegen die Daten aus dem Kleinparzellenversuch 2018 im Rollgewächshaus (nass/trocken) und den externen Versuchsfeldern (che-

misch/natürlich). Je kleiner der GSI desto besser die Einstufung der Sorte für das jeweilige Merkmal.

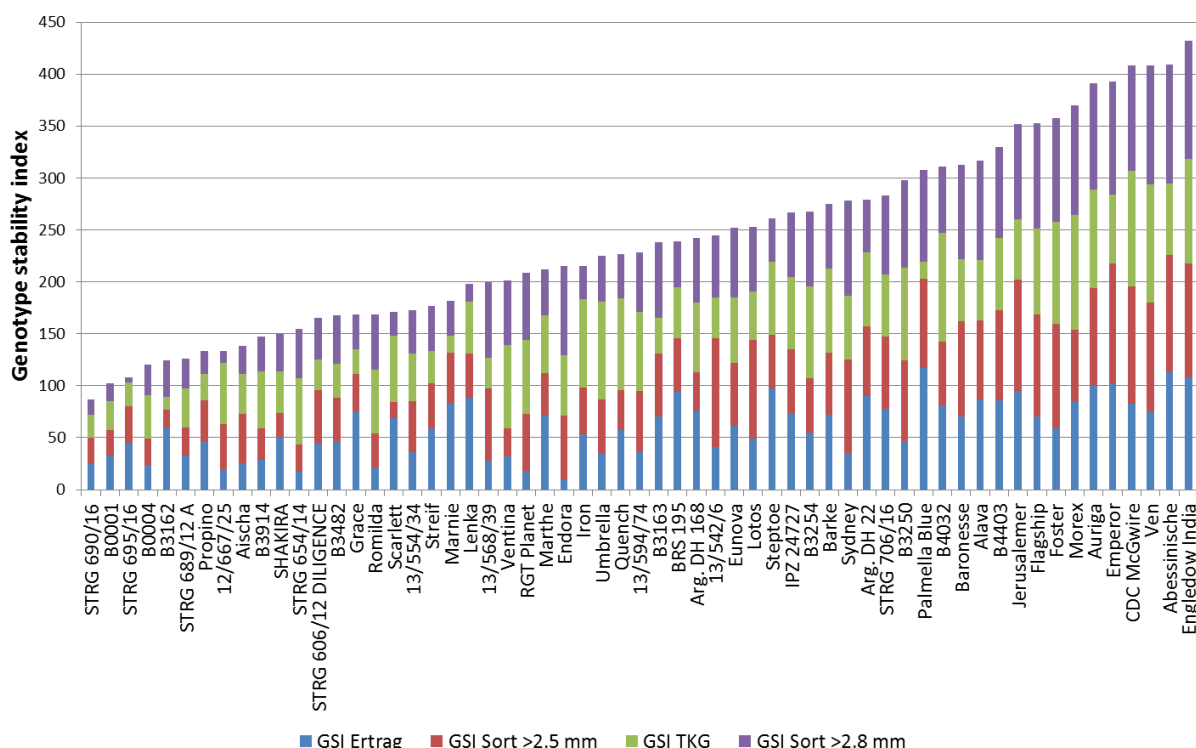


Abbildung 13: Genotype stability index für die Merkmale Ertrag (blau), Tausendkorngewicht (grün) und Kornsortierung >2,5 mm bzw. 2,8 mm (rot bzw. lila). Zugrunde liegen die Daten aus den mehrortigen Ertragsversuchen 2018. Je kleiner der GSI desto besser die Einstufung der Sorte für das jeweilige Merkmal.

Bei den Ertragsversuchen des kompletten BayKlimaFit-Sortiments fiel neben einigen Zuchtstämmen auch wieder die Sorte Aischa als besonders ertragsstabil auf, die auch bei der Gesamtbetrachtung auf der Rangliste recht weit vorne lag (Abbildung 13). Auch Romilda, Endora und RGT Planet waren sehr ertragsstabil. In der Gesamtwertung waren wie bereits in den anderen Versuchsteilen vor allem Zuchtstämme der drei bayerischen Pflanzenzüchter mit vorne dabei. Die besten und gleichzeitig stabilsten Sorten waren Propino, Aischa, Shakira, Romilda und Grace. Wie auch schon in den Doppelreihenversuchen aus den Jahren 2016 und 2017 rangierten die Exoten auf den hinteren Plätzen. Palmella Blue fiel allerdings durch ein sehr stabiles und hohes TKG auf. Bei der Stabilität für das TKG lag Palmella Blue auf Rang 1, bei der mittleren Höhe auf Rang 15.

Zusammenfassend lässt sich feststellen, dass der GSI einen geeigneten Index darstellt, um Sorten für verschiedene Merkmale bezüglich ihrer Ausprägung und Stabilität zu beurteilen und einzustufen. Auch extreme Umwelten wie beispielsweise die trockene Behandlung im Rollgewächshaus oder der chemische Trockenstress nach Kaliumiodid können bei der Verrechnung berücksichtigt werden. Das Ziel ist es ja, letztendlich Sorten zu entwickeln, die unter den verschiedensten Bedingungen eine gute Leistung bringen und auch die Fähigkeit haben, längere trockene Perioden besser zu überstehen als andere Genotypen.

4.1.6 Fazit Feldversuche 2016 bis 2018

Zusammenfassend lässt sich zu den zweijährigen Doppelreihenversuchen sagen, dass alles planmäßig und gemäß Projektantrag verlaufen ist. Die Bestände entwickelten sich auf allen Flächen und in allen Behandlungen sehr gut, so dass keine Ausfälle zu verzeichnen waren. Für das Jahr 2016 waren laut Antrag noch gar keine Feldversuche vorgesehen. Aufgrund der Zusammenarbeit mit einem anderen Projekt, das an der LfL zu diesem Zeitpunkt lief, konnten jedoch bereits für das Jahr 2016 Feldversuche im Rollgewächshaus und auf externen Versuchsfeldern organisiert werden, so dass sogar umfangreichere Daten zur Verfügung stehen als zunächst geplant. Die Bewässerung innerhalb des Rollgewächshauses wurde in den bisherigen Projekten der LfL noch nicht durchgeführt, so dass die Beregnung und die entsprechenden Niederschlagsmengen zu Beginn der Vegetationsperiode im ersten Versuchsjahr (2016) erst getestet werden mussten. Die Ergebnisse zeigen, dass es gelungen ist, innerhalb des Rollgewächshauses trockengestresste und ausreichend mit Wasser versorgte Versuchsfelder zu generieren (Abbildung 1). Dies hat den Vorteil, dass beide Varianten besser miteinander verglichen werden können, da sie sich im selben Mikroklima „Rollgewächshaus“ befanden.

Die umfangreichen Ertragsversuche des kompletten BayKlimaFit-Sortiments im Jahr 2018 waren vor allem durch die gute Zusammenarbeit mit den beteiligten Züchtern möglich, die 6 der 8 Standorte zur Verfügung stellten. Ursprünglich war ein Versuch von diesem Umfang nicht geplant. Da Ertragsabschätzungen in Doppelreihen schwer möglich bzw. viel zu ungenau sind, lieferte dieser Versuch sehr interessante und auch praxisrelevante Daten. Da der Versuch an ganz unterschiedlichen Standorten angebaut wurde, teilweise auch auf bekannten Trockenstandorten, lieferte er in Bezug auf den Klimawandel und der Ertragsstabilität unter den verschiedensten Bedingungen wichtige Erkenntnisse. Darüber hinaus konnten die Ertragsdaten auch für die Markerverrechnungen verwendet werden, was einen weiteren Mehrwert für die Assoziationsstudie darstellte.

4.2 Validierung molekularer Marker

An der LfL wurden in einem Vorgängerprojekt, das sich mit Expressionsstudien zur Trockenstresstoleranz beschäftigte, mehr als 100 „KASP for Fluidigm“-Marker entwickelt. Bevor molekulare Marker beispielsweise in Zuchtprogrammen zur markergestützten Selektion eingesetzt werden können, ist es notwendig sie zuvor in einem unabhängigen Sortenpanel bezüglich ihres Effektes und ihrer Diagnostik zu überprüfen. In diesem Projekt ging es dabei vor allem um den Effekt der Marker auf stressrelevante Merkmale, die in den Jahren 2016 bis 2018 in umfangreichen Feldversuchen ermittelt wurden (siehe 4.1). Um die Bedeutung der Marker statistisch besser absichern zu können, wurden diese in eine genomweite Assoziationsstudie (GWAS) integriert und nicht in Form einer Einzelmarkerregression verrechnet. Die hierfür nötigen Markerdaten (9k iSelect SNP-Chip) lagen an der LfL durch frühere Projekte bereits vor bzw. wurden von den beteiligten Projektpartnern zur Verfügung gestellt. Aufgrund der ungleichen Populationsstruktur des Sortiments (wenige mehrzeilige vs. viele zweizeilige Genotypen) und der für eine Assoziationsstudie insgesamt recht geringen Anzahl an Genotypen wurden für die Durchführung der GWAS nur zweizeilige Genotypen ohne Einbeziehung der Populationsstruktur berücksichtigt. Da es hier in erster Linie um eine Validierung

schon bekannter Marker ging und nicht um das Auffinden von grundsätzlich neuen Genorten, ist diese Vorgehensweise durchaus auch statistisch vertretbar. Bei der Darstellung der Ergebnisse der GWAS wird aus Komplexitätsgründen nur auf die im Projekt zu validierenden Marker eingegangen, die im Folgenden unter dem Begriff „Klimamarker“ zusammengefasst werden.

Die Assoziationsstudie erfolgte mit R v 3.5.0. unter Verwendung der Pakete GenABEL ([26]) und Synbreed ([27]). Um die Alphafehler-Kumulierung bei multiplen Vergleichen zu neutralisieren wurden p -Wert-Korrekturen nach Benjamini-Hochberg ([28]) und Bonferroni-Holm ([29]) durchgeführt, wobei das letztgenannte das strengere Verfahren zur Korrektur ist. Der genetische Datensatz für die GWAS bestand aus den 7864 Markern des 9k iSelect SNP-Chips und den 177 im Vorgängerprojekt entwickelten Klimamarkern für 107 Kandidatengene. Die Kandidatengene waren vor allem den Funktionsbereichen Zuckerstoffwechsel, Signaltransduktion, osmotische Anpassung und zellschützende Proteine zuzuordnen. Bei der GWAS wurden Marker mit fixiertem Allel entfernt, redundante Marker sowie solche mit $>10\%$ Fehlwerten, so dass sich die Gesamtzahl an Markern auf rund 2400 belief. Von den 177 Klimamarkern hatten 23 im vorliegenden Sortiment ein fixiertes Allel und wurden nicht berücksichtigt. Die Klimamarker waren über alle sieben Chromosome verteilt, wobei auf Chromosom 4H am wenigsten lagen (8) und auf Chromosom 7H am meisten (27). Insgesamt 25 Marker konnten keinem Chromosom zugeordnet werden. Die Assoziationsstudie wurde mit den phänotypischen Daten der Doppelreihenversuche 2016 und 2017, den LS means aus den Jahren 2016 und 2017 sowie den Daten der Parzellenversuche aus dem Jahr 2018 inklusive der Stabilitätsindices durchgeführt. Aus den Jahren 2016 und 2017 wurden außerdem die Daten zum Krankheitsbefall der TUM sowie zum Metabolitgehalt der FAU Erlangen mit verrechnet.

Abbildung 14 zeigt exemplarisch einen Manhattan Plot für das Merkmal Kornsortierung $>2,8$ mm in der trockenen Variante des Rollgewächshauses. Im Rahmen der GWAS werden für alle Merkmale Manhattan Plots erstellt. Diese visualisieren die chromosomalen Positionen der Marker und das dazugehörige Signifikanzniveau. Alle Punkte oberhalb der roten bzw. orangenen Linie entsprechen einem signifikanten Marker für das jeweilige Merkmal. In den Manhattan Plots sind neben den zu validierenden Klimamarkern auch alle für die GWAS verwendeten Marker des 9k iSelect SNP-Chips enthalten.

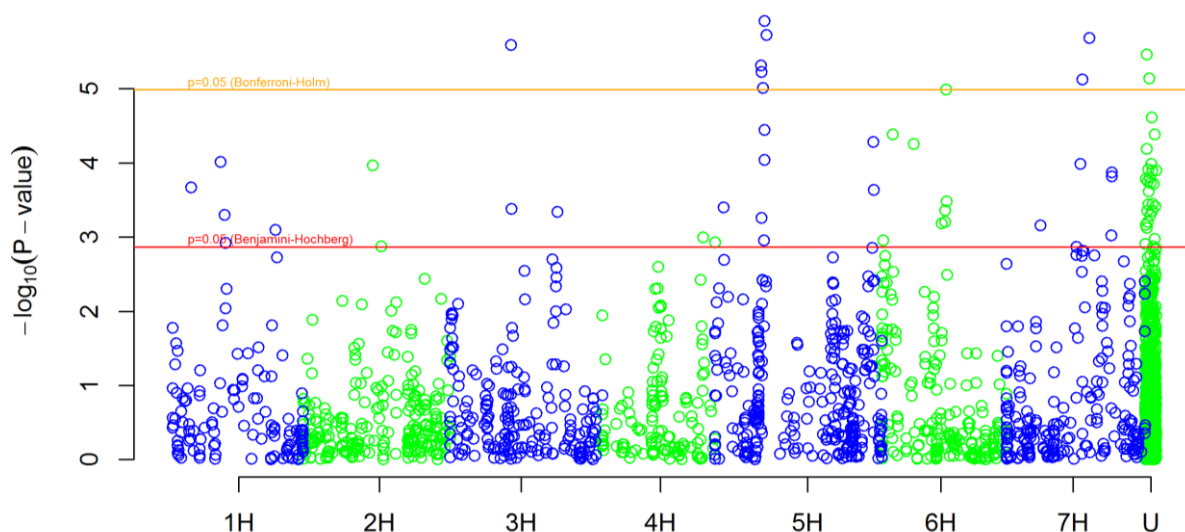


Abbildung 14: Manhattan Plot für das Merkmal Kornsortierung >2,8 mm in der trockenen Variante des Rollgewächshauses. Auf der x-Achse sind die chromosomalen Positionen der Marker aufgetragen, auf der y-Achse das Signifikanzniveau; U=Lokalisierung des Markers unbekannt. Die rote Linie entspricht der p -Wert-Korrektur nach Benjamini-Hochberg, die orangene der Korrektur nach Bonferroni-Holm. Für die Verrechnungen wurden die LS means der Jahre 2016/17 verwendet.

Für die Versuchsdaten aus den Jahren 2016 und 2017 konnten 17 signifikante Klimamarker identifiziert werden, für die Daten aus dem Jahr 2018 waren es 22 signifikante Marker (Tabelle 2, Tabelle 3). Die erklärten phänotypischen Varianzen der Marker lagen dabei zwischen 14,1% (HVB141 auf Chromosom 7H für das Ertragsmittel 2018) und 46% (HVB130 auf Chromosom 2H für die Wuchshöhe in der trockenen Behandlung des Rollhauses 2016). Mit den Klimamarkern assoziierte Merkmale waren hauptsächlich Ertragskomponenten (vor allem Kornsortierung) und der Kornertrag selbst, aber auch morphologische Merkmale (Wuchshöhe) und Qualitätsparameter (Rohproteingehalt). Für die Krankheitsdaten der TUM und die Metabolitdaten der FAU konnten nur sehr wenige (1-3) signifikante Marker-Merkmals-Assoziation identifiziert werden. Dies ist aber auch nicht weiter verwunderlich, da die Marker im Vorgängerprojekt nicht im Hinblick auf z.B. Krankheitsresistenzen entwickelt wurden.

Tabelle 2: Übersicht über die in der GWAS identifizierten signifikanten Klimamarker. Für die Verrechnungen wurden die Versuchsdaten aus den Jahren 2016 und 2017 verwendet. Die chromosomalen Lokalisierungen (Chr) sowie die erklärten phänotypischen Varianzen (R^2) der Marker sind jeweils angegeben.

Marker	Chr	Assoziierte Merkmale	Jahr	R^2 in %	Gen/Klassifikation
HVB062	2H	WH_nass	2017	33,5	putatives Membranprotein im Zuckertransport
		WH_chem		40,0	
		Extrakt_tr	lsmeans16/17	21,7	
		WH_chem		24,9	
		WH_nass		22,5	

Marker	Chr	Assoziierte Merkmale	Jahr	R ² in %	Gen/Klassifikation
HVB085	2H	RP_tr	2017	30,0	unbekannt
HVB130	2H	WH_tr	2016	46,0	putative Rezeptorkinase; Signaltransduktion
		WH_nass	lsmeans16/17	34,3	
		WH_tr		22,7	
		WH_nat		31,0	
		WH_chem		28,6	
		gTr_nass	2016	41,3	
HVB143	2H	Inok_Fcul_DNA	2016	29,9	unbekannt
		RP_tr	lsmeans16/17	27,9	
HVB052	3H	Sort_2.5mm_nat	2017	32,7	unbekannt
		Sort_2.5mm_chem		29,7	
		Sort_2.8mm_nat		20,1	
		Sort_2.5mm_nat	2016	26,9	
		Sort_2.5mm_nass		26,3	
		Sort_2.5mm_nat	lsmeans16/17	26,2	
		Sort_2.5mm_chem		25,0	
HVB083	4H	RP_nass	lsmeans16/17	24,0	Zellorganisation
HVB112	5H	WH_chem	2017	24,5	putative Rezeptorkinase; Signaltransduktion/ Protein- kinase
HVB005	6H	Inok_Fcul_DNA	2016	41,9	Invertase/Zuckerstoffwechsel
		TM_chem	lsmeans16/17	31,6	
		Y1_chem		30,3	
		Y2_chem		28,9	
		Sort_2.5mm_tr		22,1	
HVB059	6H	RP_tr	2017	26,2	putative Allene- Oxid synthase; Hormo- ne/Jasmonat
		RP_tr	lsmeans16/17	25,6	
		AES_nass		23,0	
HVB111	6H	RP_tr	lsmeans16/17	29,8	unbekannt
		TM_nat		26,8	
		Y1_nat		23,0	
		Y2_nat		21,6	
HVB121	6H	Y1_nat	2017	24,7	putative LRR-Rezeptorkinase; Signaltransduktion/ Protein- kinase
		Y2_nat		24,2	
		RP_tr	lsmeans16/17	31,4	
		Y1_nat		23,9	
		RP_nass		23,6	
		Y2_nat		23,1	
		TM_nat		22,5	
HVB135	6H	Y1_nat	2017	26,9	putative Hydrolase
		Y2_nat		25,9	

Marker	Chr	Assoziierte Merkmale	Jahr	R ² in %	Gen/Klassifikation
		RP_tr	Ismeans16/17	28,1	
		Y1_nat		24,5	
		Y2_nat		24,1	
		RP_tr		22,4	
HVB188	6H	Sort_2.8mm_chem	Ismeans16/17	23,6	Allene-Oxidcyclase; Hormone/Jasmonat
		GSI_Sort		21,3	
HVB061	7H	Sort_2.8mm_chem	2017	21,6	putatives Desiccation-related Protein
HVB153	7H	WH_nass	Ismeans16/17	26,1	Germin-like Protein 2a; abiotischer Stress
		WH_nass		32,6	
		WH_chem		29,5	
HVB064	U	Inok_Fcul_DNA	Ismeans16/17	32,2	putative Invertase/Zuckerstoffwechsel
		AES_chem		27,6	
		Y1_nat		26,9	
		AES_nass		26,9	
		AES_nat		26,1	
		Y2_nat		25,7	
		TM_nat		22,9	
HVB159	U	Y1_nat	2017	32,5	putatives Expansin; Zellwand
		Y2_nat		30,4	
		Y1_nat	Ismeans16/17	30,0	
		Y2_nat		28,7	
		TM_nat		26,1	

Abkürzungen: WH=Wuchshöhe, RP=Rohprotein, gTtr=gamma-Tocotrienol, Inok_Fcul_DNA =Menge der DNA von *Fusarium culmorum* in der inokulierten Doppelreihe, Sort_2.5 bzw 2.8mm=Kornsartierung >2,5 bzw. 2,8 mm, TM=gesamte Trockenmasse, Y1 bzw. Y2= Ertrag vor bzw. nach der Aufreinigung (nur Fraktion >2,2 mm), AES=Ährenschieben, GSI_Sort= Genotype stability index für die Kornsartierung; nass=Rollhaus bewässerte Variante, tr= Rollhaus trockene Variante, chem=chemischer Trockenstress durch Kaliumiodid, nat=natürliche Behandlung; U=unbekanntes Chromosom.

Tabelle 3: Übersicht über die in der GWAS identifizierten signifikanten Klimamarker. Für die Verrechnungen wurden die Versuchsdaten aus dem Jahr 2018 verwendet. Die chromosomalen Lokalisierungen (Chr) sowie die erklärten phänotypischen Varianzen (R²) der Marker sind jeweils angegeben.

Marker	Chr	Assoziierte Merkmale	R ² in %	Gen/Klassifikation
HVB195	1H	GSI_Y	20,7	ABC-Transporter
HVB062	2H	Y_2018	14,8	putatives Membranprotein im Zuckertransport
		Y_Fr	20,1	
		Protein_Fr	23,0	
HVB085	2H	Y_Ack	17,9	unbekannt

Marker	Chr	Assoziierte Merkmale	R ² in %	Gen/Klassifikation
		Y_HA	17,3	
		Y_MR	15,2	
		Y_Fr	22,4	
		Y_2018	28,9	
HVB101	2H	Y_Ack	29,4	putativer ABA-Rezeptor; Hormone/ABA
		Y_HA	18,7	
		Y_MR	34,0	
		Y_2018	32,1	
		Sort_2.8mm_MR	19,3	
		Protein_Fr	25,2	
HVB052	3H	Y_MR	17,4	unbekannt
		Sort_2.5mm_Grub	25,2	
		Sort_2.5mm_Ack	27,4	
		Sort_2.5mm_HA	24,1	
		Sort_2.5mm_MR	24,8	
		Sort_2.5mm_LE	20,6	
		Sort_2.5mm_2018	19,8	
HVB151	3H	Y_Ack	17,2	putative Rezeptorkinase
HVB255	3H	Y_Ack	22,1	putative Esterase
		Y_MR	17,9	
		Y_2018	19,1	
		GSI_Y	25,1	
HVB078	5H	Y_Ack	22,4	unbekannt
		Y_HA	26,2	
		Y_MR	23,9	
		Y_Fr	20,4	
		Y_2018	30,7	
		Sort_2.8mm_Ack	17,9	
		Sort_2.8mm_MR	25,4	
		Sort_2.8mm_2018	17,9	
		Sort_2.5mm_HA	17,0	
		GSI_Y	22,0	
HVB112	5H	Y_HA	21,9	putative Rezeptorkinase; Signaltransduktion/ Proteinkinase
		Y_Fr	21,5	
		Y_2018	14,2	
		GSI_Y	17,8	
HVB059	6H	Y_Ack	20,6	putative Allene-Oxid- Synthase; Hormo- ne/Jasmonat
		Y_MR	19,6	
		Y_2018	18,7	
HVB086	6H	Y_Ack	29,3	putatives Transmembran- protein; Transport
		Y_HA	26,5	
		Y_MR	18,4	

Marker	Chr	Assoziierte Merkmale	R ² in %	Gen/Klassifikation
		Y_Fr	29,0	
		Y_TUM	38,8	
		Y_2018	41,3	
		Sort_2.8mm_Ack	17,5	
		Sort_2.8mm_MR	16,3	
HVB121	6H	Y_Ack	20,1	putative LRR-Rezeptorkinase; Signaltransduktion/ Proteinkinase
		Y_HA	21,5	
		Y_MR	26,8	
		Y_2018	26,6	
		Sort_2.5mm_Ack	17,7	
HVB134	6H	GSI_gesamt	21,9	unbekannt
HVB135	6H	Y_Ack	28,2	putative Hydrolase
		Y_HA	26,4	
		Y_MR	30,7	
		Y_Fr	30,6	
		Y_2018	36,8	
		Sort_2.8mm_Ack	19,7	
		Sort_2.8mm_HA	19,7	
		Sort_2.8mm_MR	22,2	
		Sort_2.8mm_2018	16,7	
		Sort_2.5mm_HA	17,5	
		Sort_2.5mm_MR	18,0	
		Protein_Fr	23,8	
HVB188	6H	Y_Ack	21,9	Allene-Oxidcyclase; Hormone/Jasmonat
		Y_HA	25,3	
		Y_MR	22,7	
		Y_Fr	28,5	
		Y_2018	27,7	
		Sort_2.8mm_Ack	22,6	
		Sort_2.8mm_HA	17,3	
		Sort_2.8mm_LE	18,2	
		Sort_2.8mm_2018	17,8	
		GSI_gesamt	25,0	
HVB027	7H	Y_MR	16,2	Transkriptionsfaktor ABF2
HVB061	7H	Sort_2.8mm_Ack	23,0	putatives Desiccation-related Protein
		Sort_2.8mm_HA	21,2	
		Sort_2.8mm_MR	24,7	
		Sort_2.8mm_LE	21,1	
		Sort_2.8mm_2018	22,5	
HVB141	7H	Y_MR	23,6	unbekannt
		Y_2018	14,1	

Marker	Chr	Assoziierte Merkmale	R ² in %	Gen/Klassifikation
		GSI_Y	17,2	
HVB153	7H	Y_HA	20,1	Germin-like Protein 2a; abiotischer Stress
		Y_Fr	25,1	
		Y_2018	21,7	
		Sort_2.8mm_Ack	17,5	
		Sort_2.8mm_MR	17,3	
		Protein_Fr	26,8	
HVB161	7H	GSI_Y	19,3	putative Oxidase
HVB090	U	Protein_Fr	22,6	unbekannt
HVB159	U	Y_Ack	25,0	putatives Expansin; Zell- wand
		Y_HA	21,0	
		Y_MR	24,5	
		Y_Fr	30,9	
		Y_2018	32,2	
		Sort_2.8mm_Ack	27,2	
		Sort_2.8mm_MR	26,1	
		Sort_2.8mm_2018	19,3	
		Protein_Fr	20,9	

Abkürzungen: GSI_Y= Genotype stability index für den Ertrag, GSI_gesamt= Genotype stability index über alle Merkmale, Sort_2.5 bzw 2.8mm=Kornsortierung >2,5 bzw. 2,8 mm, Y= Ertrag; Fr=Cutrelles (Ort in Frankreich), Ack=Standort von Saatzucht Ackermann in Irlbach, Grub=LfL-Standort, HA=Herzogenaurach, LE=Lenglern, MR=Morgenrot, TUM=Standort der TUM in Freising; U=unbekanntes Chromosom.

Die signifikanten Klimamarker waren über alle 7 Chromosomen verteilt, wobei sich die meisten auf Chromosom 6H (8) befanden, gefolgt von den Chromosomen 2H und 7H (jeweils 5). Abbildung 15 zeigt exemplarisch die aus dem Vorgängerprojekt stammende Konsensuskarte von Chromosom 6H mit den rot markierten Klimamarkern und den entsprechenden assoziierten Merkmalen.

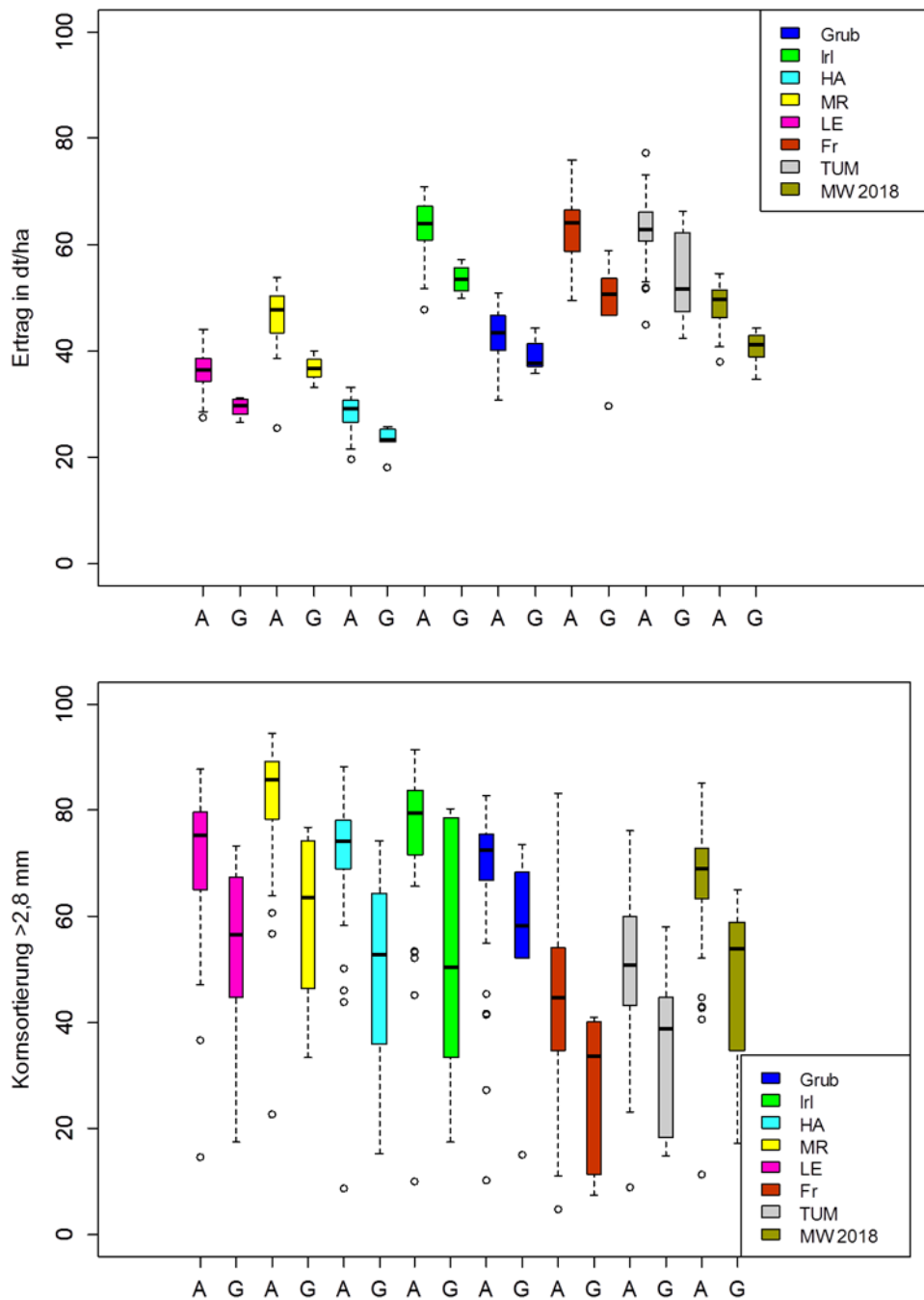


Abbildung 16: Boxplot-Verteilungen für den Marker HVB135 auf Chromosom 6H bezüglich der Merkmale Ertrag (oben) und Kornsörtierung >2,8 mm in % (unten) im BayKlimaFit-Sortiment aufgeteilt nach Markerklassen (Allel A vs. Allel G) und Umwelten. Abkürzungen der Umwelten: Grub=LfL-Standort (blau), Irl=Irlbach (grün), HA=Herzogenaurach (türkis), MR=Morgenrot (gelb), LE=Lenglern (pink), Fr=Cutrelles in Frankreich (braun), TUM=Standort der TUM in Freising (grau). Die phänotypischen Daten zur Verrechnung stammen aus dem Versuchsjahr 2018.

Elf Klimamarker waren in beiden Versuchsdesigns (Doppelreihenversuche 2016/17 vs. Parzellenversuche 2018) signifikant, teilweise sogar für dieselben Merkmale wie beispielsweise

HVB052 für die Kornsortierung. Solche Marker könnten für die praktische Anwendung ebenfalls besonders interessant sein, da sie in voneinander unabhängigen Versuchen ihren positiven Effekt zeigen konnten.

Liegen die positiven Allele verschiedener Genorte für ein Merkmal in Kombination vor, so zeigt sich eine deutliche Tendenz, dass sich mit steigender Anzahl positiver Allele auch das betrachtete Merkmal in die gewünschte Richtung verändert. Für den Ertrag wurden mit den Daten aus dem Jahr 2018 beispielsweise sechs voneinander unabhängige Genorte auf den Chromosomen 2H, 3H, 5H, 6H und 7H identifiziert. Die Merkmalsverteilungen in Abhängigkeit der Anzahl positiver Allele bestätigte eine deutliche Zunahme des Ertrags mit zunehmender Zahl positiver Allele unabhängig vom betrachteten Standort (Abbildung 17).

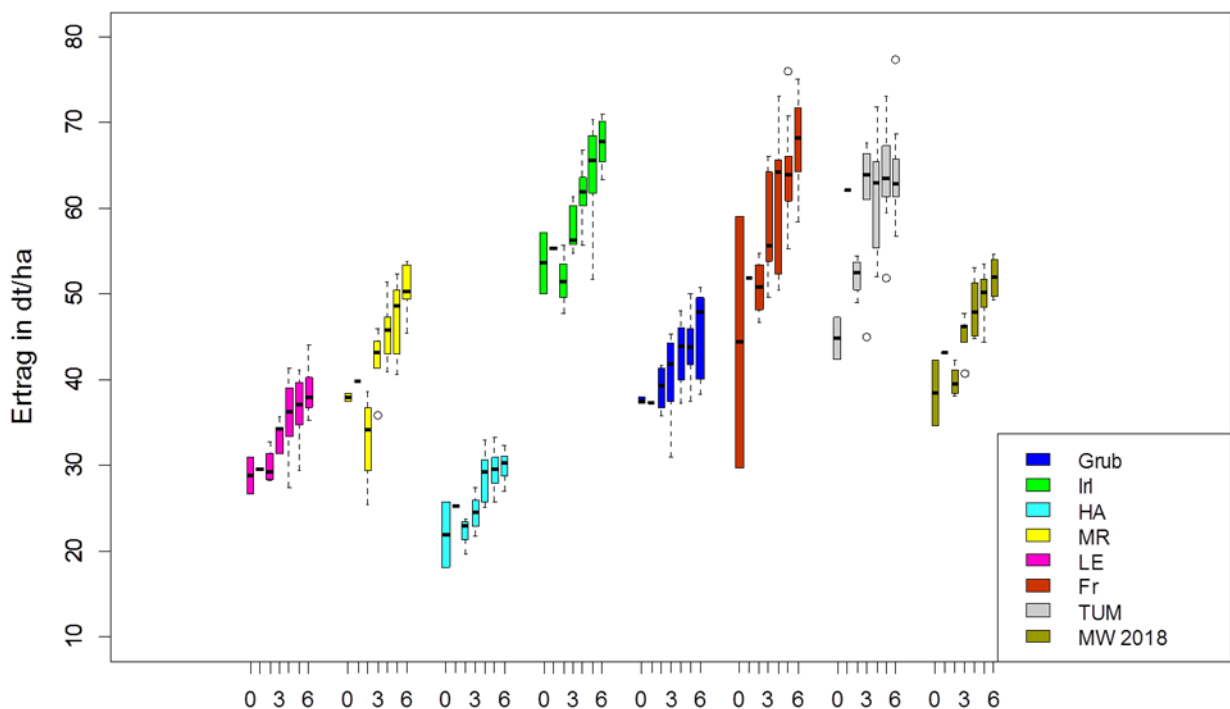


Abbildung 17: Boxplot-Verteilungen für den Ertrag in Abhängigkeit der Anzahl positiver Allele. Es handelt sich insgesamt um 6 Genorte auf den Chromosomen 2H, 3H, 5H, 6H und 7H, somit liegt die Anzahl positiver Allele zwischen 0 und 6 (x-Achse). Abkürzungen der Umwelten: Grub=LfL-Standort (blau), Irl=Irlbach (grün), HA=Herzogenaurach (türkis), MR=Morgenrot (gelb), LE=Lenglern (pink), Fr=Cutrelles in Frankreich (braun), TUM=Standort der TUM in Freising (grau). Die phänotypischen Daten zur Verrechnung stammen aus dem Versuchsjahr 2018.

Es zeigte sich außerdem, dass Genotypen mit keinem bis wenigen (2) positiven Allelen vor allem den nicht-adaptierten und exotischen Sorten zuzuordnen waren, z.B. die argentinischen doppelhaploiden Linien 22 und 168, Jerusalem oder Flagship, während unter den Genotypen mit sechs positiven Ertragsallelen zahlreiche Zuchtstämme und die modernen Sorten RGT Planet und Quench zu finden waren. Dies bezieht sich nicht nur auf den Ertrag, sondern gilt auch für andere Merkmale wie beispielsweise die Kornsortierung.

Zusammenfassend lässt sich also sagen, dass einige Klimamarker mit bedeutenden Effekten für verschiedene Merkmale im vorliegenden Sortiment bestätigt werden konnten. Dadurch dass die zu validierenden Klimamarker anders als im Antrag vorgesehen im Rahmen einer genomweiten Assoziationsstudie mit berücksichtigt werden konnten, sind die Ergebnisse statistisch besser abgesichert verglichen mit einer einfachen Einzelmarkerregression. Die Tatsache, dass die positiven Allele oftmals schon in den modernen Sorten und aktuellen Zuchtstämmen fixiert waren, verdeutlicht die begrenzten Möglichkeiten, diese in markergestützten Züchtungsprogrammen einzusetzen. Bei weiteren Kreuzungen mit exotischem Material wäre ein Einsatz der Marker aber durchaus denkbar um den „Linkage Drag“, also unerwünschte Eigenschaften, die bei einer Kreuzung mitvererbt werden, schneller zu minimieren. In jedem Fall ist ein vorheriges Screening der Kreuzungseltern notwendig, um festzustellen, ob die konkreten Marker im jeweiligen Kreuzungsprogramm einsetzbar sind.

4.3 Materialbereitstellung für Projektpartner

Entsprechend Arbeitspaket 3 wurde den Projektpartnern in allen drei Versuchsjahren Blatt- und Kornmaterial für ihre Untersuchungen zur Verfügung gestellt. Konkret entnahmen die Projektpartner der FAU Erlangen-Nürnberg in allen Versuchsjahren zu verschiedenen Terminen Blattmaterial aus dem Rollgewächshaus, um dieses auf den Gehalt von Stoffwechselprodukten wie zum Beispiel Tocopherol (Vitamin E) zu untersuchen. Im Jahr 2017 ermittelten die Projektpartner der Universität Würzburg den Wasserverlust der einzelnen Genotypen in der trockenen vs. der bewässerten Variante, indem Blattproben aus dem Feldversuch abgeschnitten und zu verschiedenen Zeitpunkten gewogen wurden. Die Projektpartner der TUM ernteten ebenfalls Blattmaterial aus dem Rollgewächshaus, um dieses sowohl visuell als auch mittels qPCR auf verschiedene Krankheiten zu untersuchen. Außerdem führten sie visuelle Krankheitsbonituren direkt im Feld durch. Nach der Ernte ging zusätzlich noch Kornmaterial an die Kollegen der TUM, das für qPCR auf *Fusarium* genutzt wurde. Neben dem Pflanzenmaterial wurden den Projektpartnern auch jedes Jahr die Daten der LfL aus den Feldversuchen zur Verfügung gestellt.

5 Veröffentlichungen im Rahmen des Projekts

Herz M. (2017) Validierung praxisrelevanter Marker für die Züchtung klimaangepasster und gesunder Gerstensorten. Vortrag am 09. Oktober 2017 bei der Zwischenbilanz und Fachtagung des Projektverbundes BayKlimaFit am IZB in Martinsried.

Herz M. (2017) Entwicklung von Erzeugung und Qualität der Braugerste in Bayern. Vortrag am 23. November 2017 beim XIX. Bayerischen Braugerstentag in München.

Hoheneder F, Heß M, Herz M, Hückelhoven R (2017): Barley_Fit, Krankheitsresistenz klimaangepasster Gerstensorten. Journal für Kulturpflanzen **69**, [213-214](#).

Groth J., Herz M., Schweizer G. (2018). Sommergerstensorten fit für den Klimawandel. Getreidemagazin 01/2018: Seite 74 ff.

6 Vernetzungen

Partner aus dem Projektverbund BayKlimaFit waren der Lehrstuhl für Phytopathologie der Technischen Universität München (Teilprojekt 10), der Lehrstuhl für Biochemie der Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg (Teilprojekt 5) sowie das Julius-von-Sachs-Institut für Biowissenschaften der Universität Würzburg (Teilprojekt 7).

Außerdem gab es eine enge Zusammenarbeit mit dem ebenfalls an der LfL laufenden Projekt „Optimierung der Nährstoffaufnahme unter Trockenstress durch die züchterische Verbesserung des Wurzelwachstums bei Gerste“ durch beispielsweise gemeinsame Nutzung des Rollgewächshauses für Feldversuche.

Ein weiterer Kooperationspartner innerhalb der LfL war die Arbeitsgruppe Genomanalyse von Günther Schweizer, an der die molekulargenetischen Arbeiten für das Projekt durchgeführt wurden und aus der auch die zu validierenden Klimamarker stammen.

7 Bestehende und entstandene Industriebeteiligungen

Am Projekt beteiligt waren die drei bayerischen Pflanzenzüchtungsunternehmen Saatzucht Breun GmbH & Co. KG, Saatzucht Streng-Engelen GmbH & Co. KG und Ackermann Saatzucht GmbH & Co. KG. Mit den genannten Züchtern wurde im Rahmen des Projekts ein Kooperationsvertrag abgeschlossen. Die Firmen stellten für die verschiedenen Feld- und Gewächshausversuche fortgeschrittene Zuchtstämme aus ihren aktuellen Kreuzungsprogrammen zur Verfügung. Zudem führten sie auch selbst Feldversuche durch. Zu nennen sind hier Saatgutvermehrungen und die recht umfangreichen mehrortigen Ertragsprüfungen des kompletten BayKlimaFit-Sortiments in Parzellen im Jahr 2018.

Die Züchter erhalten alle Daten zu ihrem Material, so dass eine schnelle Umsetzung der Projektergebnisse in die züchterische Praxis möglich ist.

8 Zusammenfassung

Im Rahmen des BayKlimaFit-Projektverbunds bildete die Planung, Durchführung und Auswertung von mehrjährigen Feldversuchen mit Gerste einen Schwerpunkt im Teilprojekt der LfL. Das BayKlimaFit-Sortiment bestehend aus knapp 60 Genotypen wurde in den Jahren 2016 und 2017 mit unterschiedlichen Behandlungen angebaut, um seine Reaktion auf Trockenstress zu untersuchen: Im Rollgewächshaus mit den Behandlungsvarianten trocken und bewässert sowie auf zwei externen Versuchsfeldern mit jeweils natürlichen Aufwuchsbedingungen und chemischem Trockenstress, induziert mit einer verdünnten Kaliumiodidlösung zum Ährenschieben. Um den Trockenstress zu dokumentieren wurde der Wassergehalt des Bodens während der Vegetationszeit mit Tensiometern überprüft. An allen Standorten wurden Messungen zur Bestimmung des Chlorophyllgehaltes durchgeführt und weitere phänotypische Merkmale erfasst (Wuchshöhe, Ährenschieben). Nach der Ernte wurden sowohl Ertragskomponenten wie Tausendkorngewicht und Kornsortierung als auch Qualitätsparameter (Rohprotein- und Extraktgehalt) bestimmt. Im Jahr 2018 wurde das gesamte Sortiment an mehreren Orten im Parzellenmaßstab angebaut, um den Ertrag der Genotypen zuverlässiger abschätzen zu können sowie Aussagen über die Ertragsstabilität treffen zu können. Aufgrund der limitierten Fläche wurden im Rollgewächshaus lediglich 15 selektierte Gersensorten in kleinen Parzellen mit den beiden Behandlungen trocken und bewässert geprüft. Diese wurden auch auf einem externen Feld unter chemischem Trockenstress vs. natürlichen Bedingungen angebaut.

Die Feldversuche verliefen in allen drei Jahren sehr zufriedenstellend und führten zu verwertbaren Ergebnissen. Gute Korrelationen zwischen denselben Merkmalen in unterschiedlichen Umwelten/Behandlungen/Jahren stehen für eine gute Reproduzierbarkeit der phänotypischen Daten. Die Genotypen aus dem BayKlimaFit Sortiment differenzierten sehr gut für die verschiedenen Merkmale und zwischen den Behandlungen, so dass sowohl für die Selektion interessanter Genotypen als auch für die Verrechnung mit den Markerdaten ausreichend Variation vorhanden war. Mit Hilfe eines Stabilitätsindex über Umwelten/Behandlungen und Merkmale hinweg war es möglich, Sorten nicht allein anhand der mittleren Leistung bezüglich eines Merkmals einzuordnen, sondern beispielsweise auch die Ertragsstabilität mit zu berücksichtigen. Unter diesem Gesichtspunkt schnitten generell die modernen Sorten und die Zuchtstämme der beteiligten bayerischen Pflanzenzüchter am besten ab, während die Exoten auf den hinteren Plätzen rangierten.

Einen weiteren Schwerpunkt bildete die Validierung von Markern, die in einem Vorgängerprojekt an der LfL im Zusammenhang mit Expressionsstudien zur Trockenstresstoleranz von Gerste entwickelt wurden. Bevor molekulare Marker beispielsweise in Zuchtprogrammen zur markergestützten Selektion eingesetzt werden können, ist es notwendig sie zuvor in einem unabhängigen Sortenpanel bezüglich ihres Effektes und ihrer Diagnostik zu überprüfen. Es handelte sich hierbei um 177 Klimamarker für 107 Kandidatengene. Die Kandidatengene waren vor allem den Bereichen Zuckerstoffwechsel, Signaltransduktion, osmotische Anpassung und zellschützende Proteine zuzuordnen. Die Klimamarker wurden in eine genomweite Assoziationsstudie mit insgesamt knapp 8.000 SNP-Markern integriert. Berücksichtigt für die Marker-Merkmal-Assoziationen wurden dabei die phänotypischen Daten aller Feldversuche sowie die Daten der Projektpartner aus den Jahren 2016 und 2017 (Krankheitsbefall, Meta-

bolitgehalt). Für die Versuchsdaten aus den Jahren 2016 und 2017 konnten 17 signifikante Klimamarker identifiziert werden, für die Daten aus dem Jahr 2018 waren es 22 signifikante Marker. Die signifikanten Klimamarker waren über alle sieben Chromosomen verteilt, wobei auf Chromosom 6H mit 8 Stück die meisten lagen. Mit den Klimamarkern assoziierte Merkmale waren hauptsächlich Ertragskomponenten (vor allem Kornsortierung) und der Kornertrag selbst, aber auch morphologische Merkmale (Wuchshöhe) und Qualitätsparameter (Rohproteingehalt). Dabei gab es Marker, die lediglich auf ein einzelnes Merkmal einen Effekt hatten und solche die gleichzeitig mehrere Merkmale in die gewünschte Richtung beeinflussten. Letztere sind für den Einsatz zur markergestützten Selektion im Züchtungsgang besonders interessant. Da positive Allele oftmals schon in den modernen Sorten und aktuellen Zuchtstämmen fixiert waren, besteht die Notwendigkeit sie vor einer Verwendung in markergestützten Züchtungsprogrammen mit allen beteiligten Kreuzungseltern zu testen. Denkbar wäre ebenfalls ihr Einsatz bei weiten Kreuzungen mit exotischem Material um den „Linkage Drag“, also unerwünschte Eigenschaften, die bei einer Kreuzung mitvererbt werden, schneller zu minimieren.

9 Ausblick

Die aus dem Projektverbund erzielten Ergebnisse der LfL lieferten interessante und wichtige Ergebnisse im Hinblick auf die Sortenentwicklung von Gersten in Zeiten des Klimawandels. Da die Beurteilung und Entwicklung neuer Sorten allerdings deutlich mehr Zeit als die hier zur Verfügung stehenden 3 Jahre dauert und das Merkmal Trockenstress zudem sehr komplex ist, sollten die hier gewonnenen Erkenntnisse als Basis dienen, um weitere Anstrengungen in Richtung Evaluierung und Entwicklung stresstoleranter Genotypen und Sorten zu unternehmen. Hierbei können die validierten Marker zur Charakterisierung der Kreuzungseltern und gezielten Selektion eingesetzt werden.

Denkbar wäre beispielsweise die Bestimmung der Brauqualität des unter verschiedensten Umwelten/Behandlungen angebauten BayKlimaFit-Sortiments. Die für die Vermälzung notwendigen größeren Saatgutmengen könnten dabei aus dem Parzellenversuch im Jahr 2018 stammen, da hier sowohl Trockenstandorte als auch ausreichend mit Niederschlag versorgte Standorte dabei waren. Auch die Vermälzung der Kleinparzellen im Rollgewächshaus (bewässert vs. trocken) wäre von den Saatgutmengen her möglich. Der Einfluss von Trockenstress auf die Brauqualität ist zudem ein Thema mit sehr hoher Praxisrelevanz, da die im Vergleich zur Wintergerste spätere Sommerbraugerste oftmals stärker von fehlenden Niederschlägen im Sommer betroffen ist. Verschlechtern sich für die Brauqualität wichtige Merkmale durch den Trockenstress in entscheidendem Maße, so ist die entsprechende Vermarktung als Braugerste nicht mehr gewährleistet, was wiederum zu finanziellen Einbußen führt.

Ein weiterer Ansatzpunkt wäre, die aus der Assoziationsstudie identifizierten Marker-Merkmalsassoziationen genauer zu verfolgen. Im vorliegenden Projekt wurden zunächst nur die Ergebnisse bezüglich der zu validierenden Klimamarker betrachtet. Es waren allerdings auch zahlreiche Marker des SNP-Chips für die unterschiedlichsten Merkmale signifikant. Diese gilt es noch weiter zu betrachten und mit bereits bekannten Genomregionen abzugleichen. Es könnten so neue Genomregionen für trockenstressrelevante Merkmale identifiziert werden oder bereits bekannte bestätigt werden. Solche Marker bilden dann wiederum die Grundlage, um sie für die markergestützte Selektion weiterzuentwickeln.

Die weitere Aufklärung der Funktion der validierten Klimamarker betreffend, ist es denkbar, die Funktion der kodierten Inhaltsstoffe in Beziehung zur Reaktion der Pflanzen auf Trockenstress zu bringen.

Abkürzungsverzeichnis

AES Ährenschieben

AMMI Additive Main effects and multiplicative interaction

ANOVA Analysis of variance

ASV AMMI stability value

BF BarleyFit

DH Doppelhaploide

ExA Externes Versuchsfeld A

ExB Externes Versuchsfeld B

FAU Friedrich-Alexander-Universität

FR Standort Cutrelles in Frankreich (Saatzucht Breun)

GSI Genotype stability index

gTtr gamma-Tocotrienol

GWAS Genomweite Assoziationsstudie

HA Standort in Herzogenaurach (Saatzucht Breun)

HZ Halmzahl

Irl/Ack Standort von Saatzeit Ackermann in Irlbach

KASP Competitive allele-specific PCR

LE Standort in Lenglern (Saatzeit Breun)

LfL Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft

LS means Least-squares means

MR Standort in Morgenrot (Saatzeit Breun)

MW Mittelwert

qPCR Quantitative Polymerasenkettenreaktion

QTL Quantitative Trait Locus

ROS Rollgewächshaus

RP Rohprotein

SNP Single Nucleotide Polymorphism

Sort_2.5/Sort_2.8 Kornsortierung >2,5 mm bzw. >2,8 mm

SPAD Soil Plant Analysis Device

TKG Tausendkorngewicht

TM/TM40 gesamte Trockenmasse nach Trocknung bei 40°C

TUM Technische Universität München

WH Wuchshöhe

Y Ertrag der Parzellenversuche in dt/ha

Y1 Kornertrag in den Doppelreihen vor Aufreinigung

Y2 Kornertrag in den Doppelreihen nach Aufreinigung (Korngröße >2,2 mm)

Literaturverzeichnis

- [1] Jabbari M, Fakheri BA, Aghnoum R, Nezhad NM, Ataei R (2018): GWAS analysis in spring barley (*Hordeum vulgare L.*) for morphological traits exposed to drought. PLoS ONE 13 (9): e0204952. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0204952>
- [2] Wójcik-Jagla M, Fiust A, Koscielniak J, Rapacz M (2018): Association mapping of drought tolerance-related traits in barley to complement a traditional biparental QTL mapping study. Theor Appl Genet 131: 167-181
- [3] Zhang X, Shabala S, Koutoulis A, Shabala L, Zhou M (2017): Meta-analysis of major QTL for abiotic stress tolerance in barley and implications for barley breeding. Planta 245: 283-295
- [4] Mahalingam R, Bregitzer P (2018): Impact on physiology and malting quality of barley exposed to heat, drought and their combination during different growth stages under controlled environment. Physiologia Plantarum: doi:10.1111/ppl.12841
- [5] Mahalingam R (2017): Phenotypic, physiological and malt quality analyses of US barley varieties subjected to short periods of heat and drought stress. J Cereal Sci 76: 199-205
- [6] Wu XJ, Chen X, Zeng FR, Zhang GP (2015): The genotypic difference in the effect of water stress after anthesis on the malt quality parameters in barley. J Cereal Sci 65: 209-214
- [7] Lenth RV (2016): Least-Squares Means: The R Package lsmeans. Journal of Statistical Software, 69: 1-33; doi:10.18637/jss.v069.i01
- [8] Ortuzar-Iragorri MA, Alonso A, Castellón A, Besga G, Estavillo JM, Aizpurua A (2005): N-Tester use in soft winter wheat: Evaluation of nitrogen status and grain yield protection. Agron J 97: 1380-1389
- [9] Monostori I, Árendás T, Hoffman B, Galiba G, Gierczik K, Szira F, Vágújfalvi A (2016): Relationship between SPAD value and grain yield can be affected by cultivar, environment and soil nitrogen content in wheat. Euphytica 211: 103-112
- [10] Debaeke P, Rouet P, Justes E (2006): Relationship between the normalized SPAD index and the nitrogen nutrition index: application to durum wheat. J Plant Nutr 29: 75-92
- [11] Singh V, Singh B, Singh Y, Thind HS, Gupta Rk (2010): Need-based nitrogen management using the chlorophyll meter and leaf colour chart in rice and wheat in South Asia: a review. Nutr Cycl Agroecosyst 88: 361-380

- [12] Mohammadi M, Karimizadeh RA, Naghavi MR (2009): Selection of bread wheat genotypes against heat and drought tolerance based on chlorophyll content and stem reserves. *Journal of Agriculture & Social Science* 5: 119-122
- [13] Neumann K (2011): Genomweite Assoziationsstudie zur Identifizierung von Loci für juvenile und adulte Trockentoleranz in Gerste. Dissertation an der Universität Halle/Saale
- [14] Singh AK, Singh A, Singh AK, Shamim MD, Vikram P, Singh S, Chaturvedi G (2012): Application of potassium iodide as a new agent for screening of drought tolerance upland rice genotypes at flowering stage. *Plant Knowledge Journal* 1: 25-32
- [15] Blum A, Poyarkova H, Golan G, Mayer J. (1983): Chemical desiccation of wheat plants as a simulator of post-anthesis stress: Effects on translocation and kernel growth. *Field Crops Res* 6: 51-58
- [16] Blum A, Mayer J, Golan G (1983): Chemical desiccation of wheat plants as a simulator of post-anthesis stress: II. Relations to drought stress. *Field Crops Res* 6: 149-155
- [17] Farquhar GD, Sharkey TD (1982): Stomatal conductance and photosynthesis. *Annu Rev Plant Physiol.* 33: 317-345
- [18] Sawhney V, Singh DP (2002): Effect of chemical desiccation at the post-anthesis stage on some physiological and biochemical changes in the flag leaf of contrasting wheat genotypes. *Field Crops Res* 77: 1-6
- [19] Crossa J, Gauch HG, Zobel RW (1990): Additive main effects and multiplicative interactions analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Sci* 30: 493-500
- [20] Castillo D, Matus I, del Pozo A, Madariaga R, Mellado M (2012): Adaptability and genotype x environment interaction of spring wheat cultivars in Chile using regression analysis, AMMI, and SREG. *Chilean Journal of Agricultural Res* 72: 167-174
- [21] Mortazavian SMM, Nikkhah HR, Hassani FA, Sharif-al-Hosseini M, Taheri M, Mahlooji M (2014): GGE biplot and AMMI analysis of yield performance of barley genotypes across different environments in Iran. *J Agr Sci Tech* 16: 609-622
- [22] Bose LK, Jambhulkar NN, Pande K, Singh ON (2014): Use of AMMI and other stability statistics in the simultaneous selection of rice genotypes for yield and stability under direct-seeded conditions. *Chilean Journal of Agricultural Res* 74: 3-9
- [23] Chalwe A, Chiona M, Sichilima S, Njovu J, Chama C, Ndhlovu D (2017): Genotype stability index for root yield and tolerance to sweetpotato weevil *Cyrtolabus puncticolis*: a tool for identifying climate smart varieties. *Open Agriculture* 2: 166-174

- [24] Purchase JL, Hatting H, van Deventer SC (2000): Genotype x environment interaction of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) in South Africa: II. Stability analysis of yield performance South African Journal of Plant and Soil 17: 101-107
- [25] Mendiburu F, Simon R (2015): Agricolae – Ten years of an open source statistical tool for experiments in breeding, agriculture and biology.
<https://dx.doi.org/10.7287/peerj.preprints.1404v1>
- [26] Aulchenko YS, Ripke S, Isaacs A, van Duijn CM (2007): GenABEL: an R library for genome-wide association analysis. Bioinformatics 23: 1294-1296
- [27] Wimmer V, Albrecht T, Auinger HJ, Schön CC (2012): Synbreed: a framework for the analysis of genomic prediction data using R. Bioinformatics 28: 2086-2087
- [28] Benjamini Y, Hochberg Y (1995): Controlling the false discovery rate: a practical and powerful approach to multiple testing. Journal of the Royal Statistical Society, Series B, 57: 289-300
- [29] Holm S (1979): A simple sequentially rejective multiple test procedure. Scandinavian Journal of Statistics 6: 65-70

Anhang

Tabelle 4: Übersicht über das BayKlimaFit-Sortiment. Es ist vermerkt, welche Genotypen in den verschiedenen Versuchsjahren angebaut wurden.

Sorte/Genotyp	Herkunft/Verfügbarkeit	Anbau 2016	Anbau 2017	Anbau 2018	Anbau 2018 Rollhaus
12/667/25	Saatzucht Ackermann		x	x	
13/542/6	Saatzucht Ackermann		x	x	
13/554/34	Saatzucht Ackermann		x	x	
13/568/39	Saatzucht Ackermann		x	x	
13/594/74	Saatzucht Ackermann		x	x	x
Abessinische	Äthiopien/Sammlung LfL	x	x	x	
Aischa	Saatzucht Breun	x	x	x	x
Alava	Spanien/Sammlung LfL	x	x	x	
Alexis	Sammlung LfL	x			
Argentinische DH16	Zuchtstamm LfL	x			
Argentinische DH168	Zuchtstamm LfL	x	x	x	x
Argentinische DH22	Zuchtstamm LfL	x	x	x	
Auriga	Sammlung LfL	x	x	x	
B0001	Saatzucht Breun	x	x	x	
B0004	Saatzucht Breun	x	x	x	x
B3162	Saatzucht Breun	x	x	x	
B3163	Saatzucht Breun	x	x	x	
B3194	Saatzucht Breun	x			
B3250	Saatzucht Breun	x	x	x	
B3254	Saatzucht Breun	x	x	x	
B3274	Saatzucht Breun	x			
B3457	Saatzucht Breun	x			
B3482	Saatzucht Breun	x	x	x	
B3484	Saatzucht Breun	x			
B3914	Saatzucht Breun	x	x	x	
B4032	Saatzucht Breun	x	x	x	
B4403	Saatzucht Breun	x	x	x	
Barke	Sammlung LfL	x	x	x	x
Baronesse	Sammlung LfL	x	x	x	
BRS 195	Brasilien/Sammlung LfL	x	x	x	
Caminant	Sammlung LfL	x			
CDC McGwire	Kanada/Sammlung LfL	x	x	x	
Emperor	Kanada/Sammlung LfL	x	x	x	
Endora	Sammlung LfL	x	x	x	
Engledow India	Sammlung LfL	x	x	x	
Eunova	Sammlung LfL	x	x	x	x

Sorte/Genotyp	Herkunft/Verfügbarkeit	Anbau 2016	Anbau 2017	Anbau 2018	Anbau 2018 Rollhaus
Flagship	Australien/Sammlung LfL	x	x	x	
Foster	Sammlung LfL	x	x	x	
Grace		x	x	x	x
IPZ 24727	Zuchtstamm LfL	x	x	x	x
Iron	Sammlung LfL	x	x	x	
Jerusalemmer	Israel/Sammlung LfL	x	x	x	
Lenka	Sammlung LfL	x	x	x	
Lotos	Sammlung LfL	x	x	x	
Marnie	Sammlung LfL	x	x	x	x
Marthe		x	x	x	
Morex	Sammlung LfL	x	x	x	
Palmella Blue	Sammlung LfL	x	x	x	
Propino		x	x	x	
Quench		x	x	x	x
RGT Planet		x	x	x	x
Romilda	Sammlung LfL	x	x	x	x
Scarlett	Sammlung LfL	x	x	x	x
Shakira		x	x	x	
Steptoe	Sammlung LfL	x	x	x	
Streif	Sammlung LfL	x	x	x	
STRG 606/12 DILIGENCE	Saatzucht Streng-Engelen		x	x	
STRG 654/14	Saatzucht Streng-Engelen		x	x	
STRG 689/12 A	Saatzucht Streng-Engelen		x	x	
STRG 690/16	Saatzucht Streng-Engelen		x	x	
STRG 695/16	Saatzucht Streng-Engelen		x	x	
STRG 706/16	Saatzucht Streng-Engelen		x	x	x
Sydney		x	x	x	
Tesla		x			
Umbrella	Sammlung LfL	x	x	x	x
Union	Sammlung LfL	x			
Ven	Norwegen/Sammlung LfL	x	x	x	
Ventina		x	x	x	

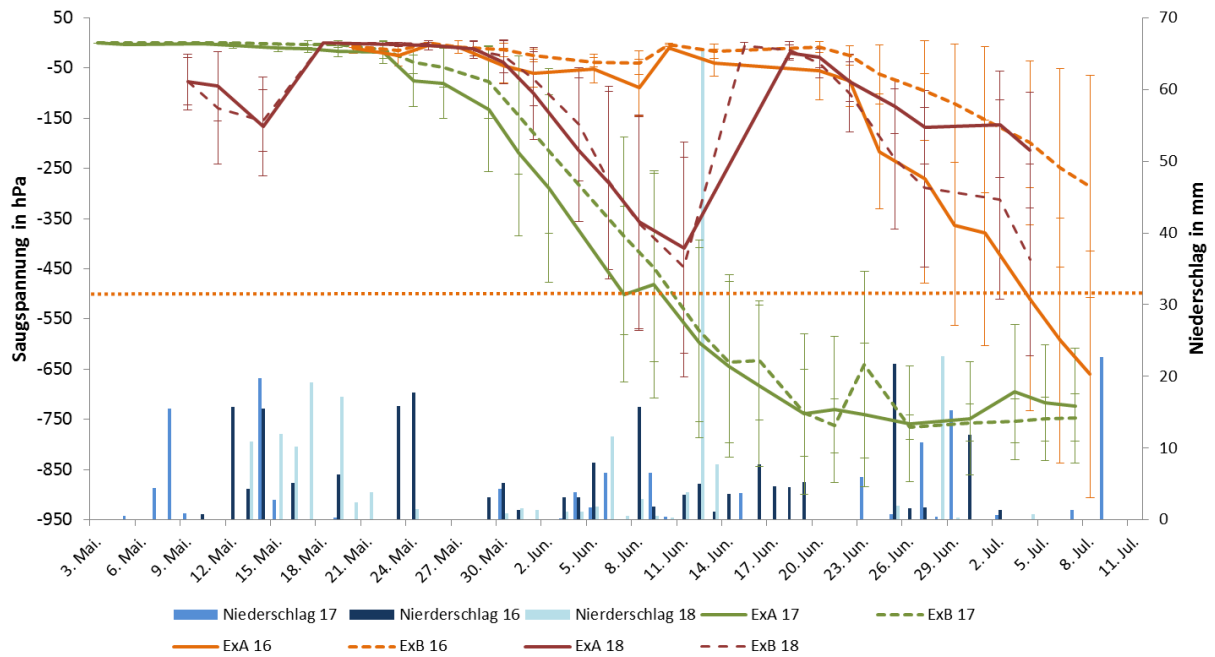


Abbildung 18: Saugspannungen in hPa in 45 cm Tiefe auf den externen Versuchsfeldern in den Jahren 2016 (orange Linien), 2017 (grüne Linien) und 2018 (rote Linien). Ein Punkt ist jeweils der Mittelwert aus den Messwerten von 8 Tensiometern; Standardfehler sind durch vertikale Striche gekennzeichnet. Die Bezeichnungen ExA und ExB stehen jeweils für die beiden Felder der Jahre 2016, 2017 und 2018. Blaue Balken unterschiedlicher Farbintensität: Niederschläge in den Jahren 2016 bis 2018. Orange gestrichelte horizontale Linie: Wert, ab dem Pflanzen unter starkem Trockenstress leiden.

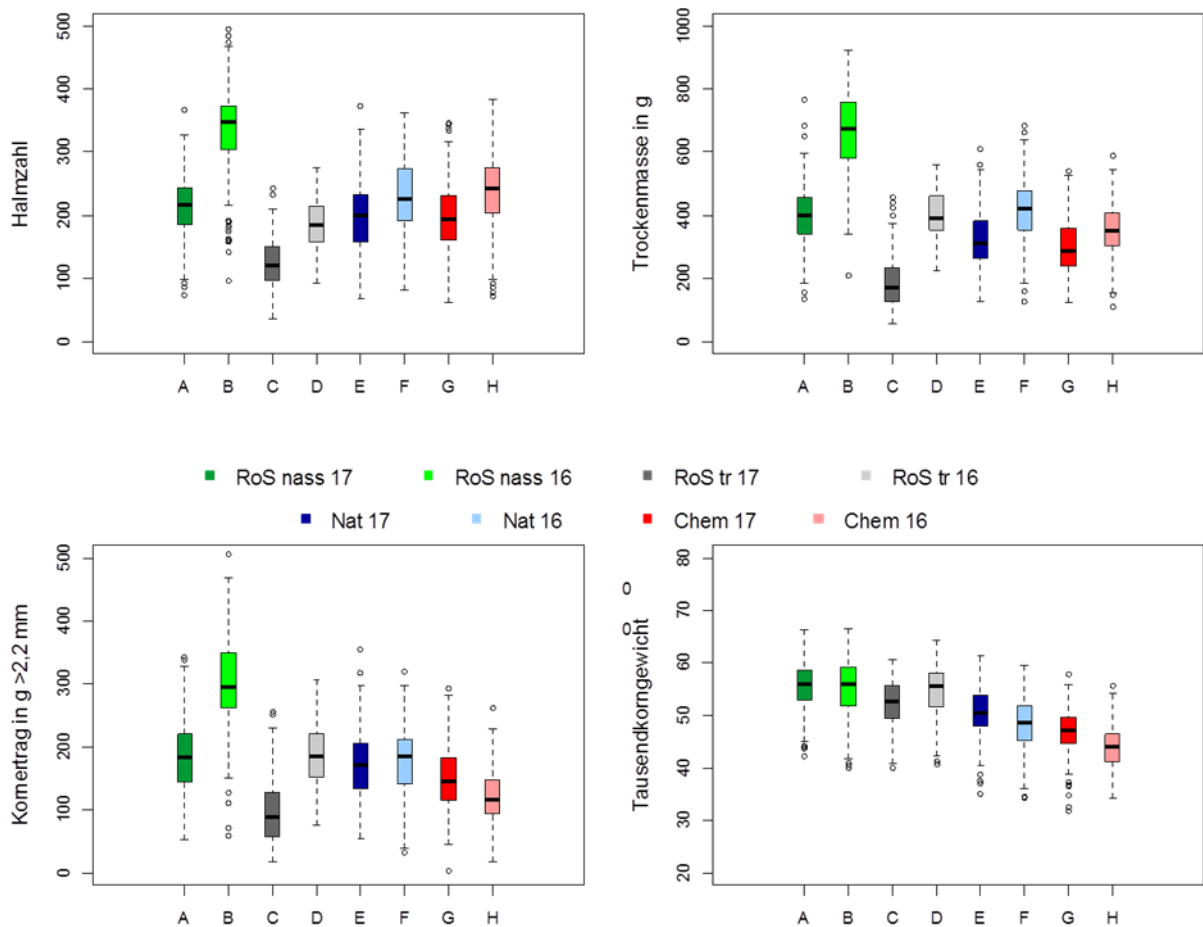


Abbildung 19: Boxplot-Verteilungen ausgewählter Merkmale im BayKlimaFit-Sortiment in den Versuchsjahren 2016 und 2017 aufgeteilt nach bewässerter und trockener Behandlung im Rollgewächshaus sowie nach natürlicher und chemischer Behandlung mit Kaliumiodid in den externen Versuchsfeldern. Die Buchstaben stehen für die verschiedenen Umwelten/Behandlungen: A=Rollhaus nass 2017, B=Rollhaus nass 2016, C=Rollhaus trocken 2017, D=Rollhaus trocken 2016, E=natürlich 2017, F=natürlich 2016, G=chemisch 2017, H=chemisch 2016.

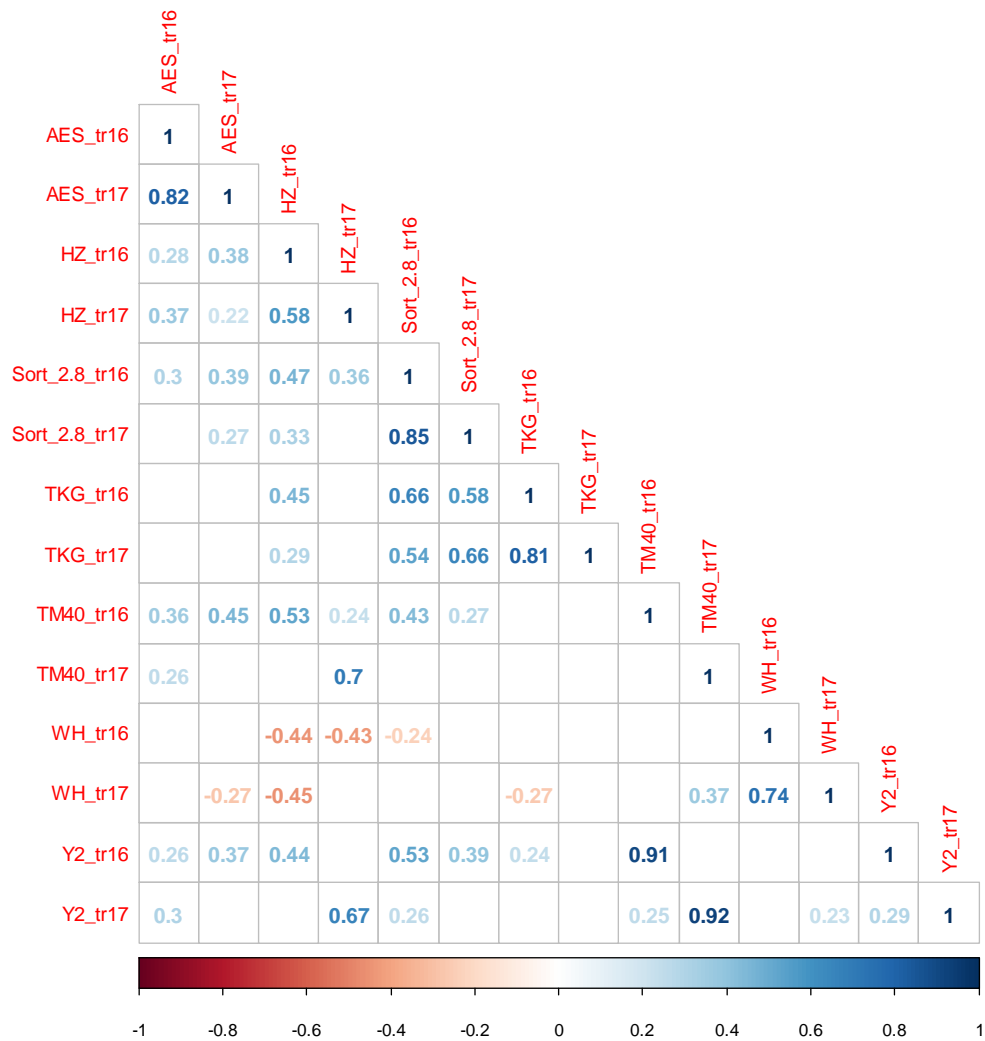


Abbildung 20: Korrelationsmatrix für eine Auswahl an Merkmalen, die 2016 und 2017 im Rollgewächshaus erfasst wurden. Der Korrelationskoeffizient (blaue bzw. rote Schrift) ist jeweils nur für signifikante ($p < 0,05$) Korrelationen dargestellt. Abkürzungen der Merkmale: AES=Ährenschieben, HZ=Halmzahl, Sort_2.8=Kornsartierung >2,8 mm, TKG= Tausendkorn-gewicht, TM40=gesamte Trockenmasse in g, WH= Wuchshöhe, Y2=Korn-gewicht nach Aufreinigung; nass16/ nass17: Rollgewächshaus bewässerte Variante in den Jahren 2016 bzw. 2017.

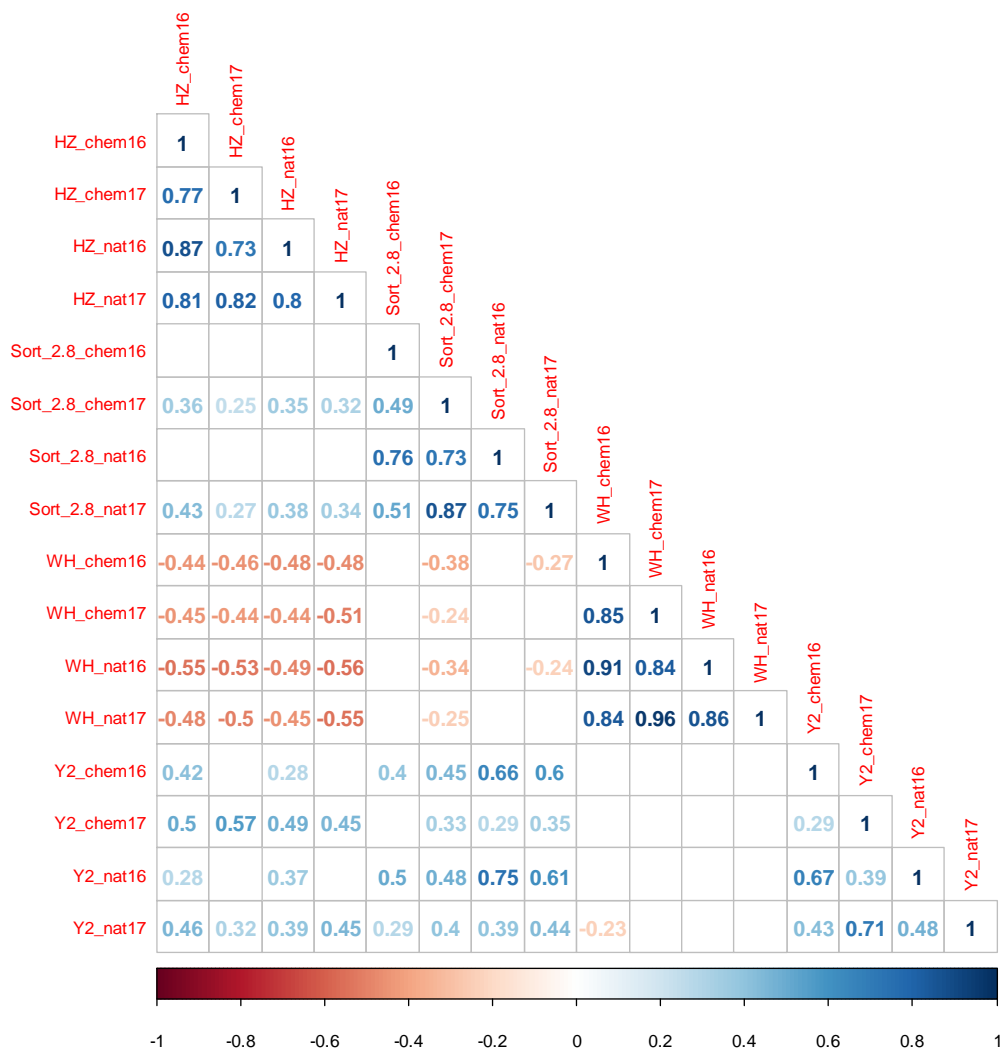


Abbildung 21: Korrelationsmatrix für eine Auswahl an Merkmalen, die 2016 und 2017 auf den externen Versuchsflächen erfasst wurden. Der Korrelationskoeffizient (blaue bzw. rote Schrift) ist jeweils nur für signifikante ($p < 0,05$) Korrelationen dargestellt. Abkürzungen der Merkmale: AES= Ährenschiefen, HZ=Halmzahl, Sort_2.8=Kornsortierung >2,8 mm, WH= Wuchshöhe, Y2=Korngewicht nach Aufreinigung; chem16/ chem17: chemischer Trockenstress in den Jahren 2016 bzw. 2017, nat16/nat17: natürliche Aufwuchsbedingungen in den Jahren 2016 bzw. 2017.

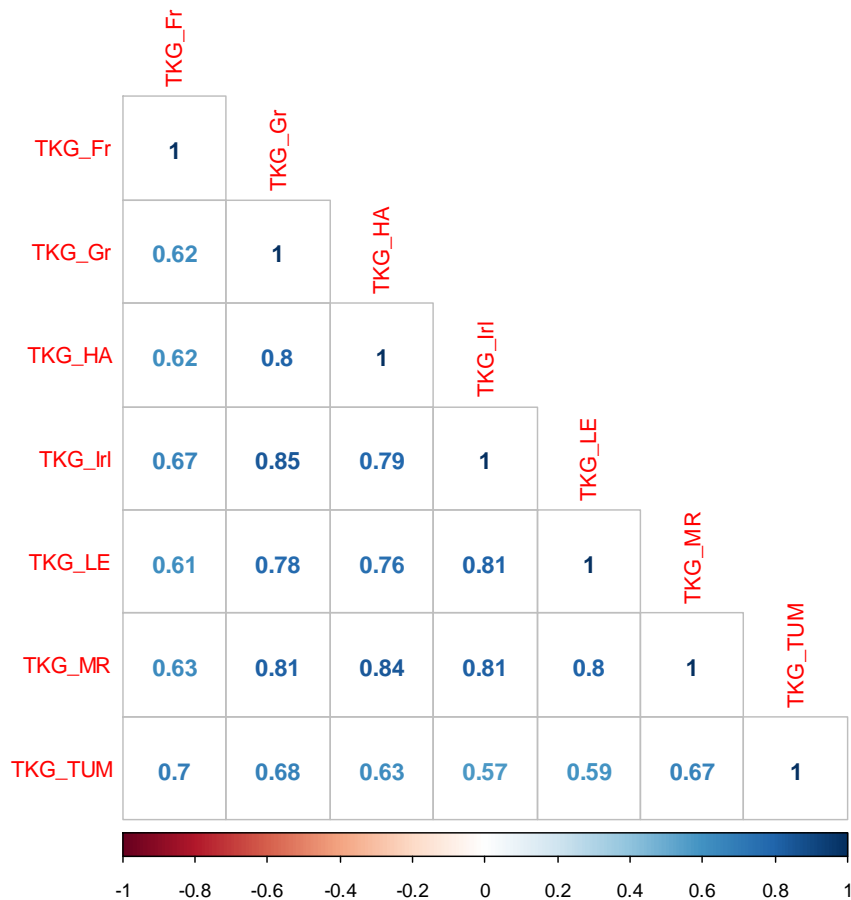


Abbildung 22: Korrelationsmatrix für das Merkmal Tausendkorngewicht der mehrortigen Parzellenversuche 2018. Der Korrelationskoeffizient (blaue Schrift) ist jeweils nur für signifikante ($p < 0,05$) Korrelationen dargestellt. Abkürzungen: TKG=Tausendkorngewicht, Fr=Cutrelles in Frankreich, Gr=Grub, HA=Herzogenaurach, Irl=Irlbach, LE=Lenglern, MR=Morgenrot, TUM=Standort der TUM in Freising.

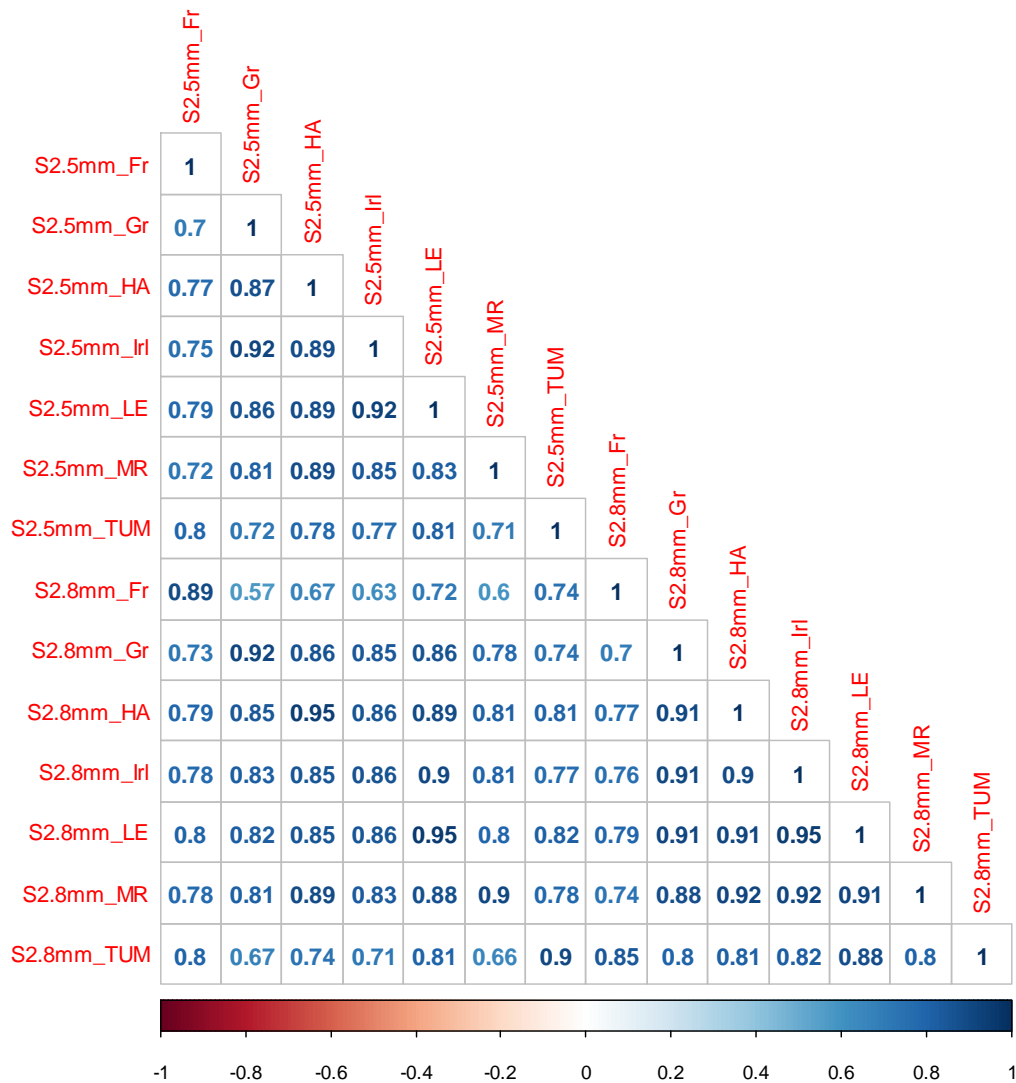


Abbildung 23: Korrelationsmatrix für die Merkmale Kornsortierung >2,5 mm und Kornsortierung >2,8 mm der mehrortigen Parzellenversuche 2018. Der Korrelationskoeffizient (blaue Schrift) ist jeweils nur für signifikante ($p < 0,05$) Korrelationen dargestellt. Abkürzungen: S2.5mm= Kornsortierung >2,5 mm, S2.8mm= Kornsortierung >2,8 mm, Fr=Cutrelles in Frankreich, Gr=Grub, HA=Herzogenaurach, Irl=Irlbach, LE=Lenglern, MR=Morgenrot, TUM=Standort der TUM in Freising.

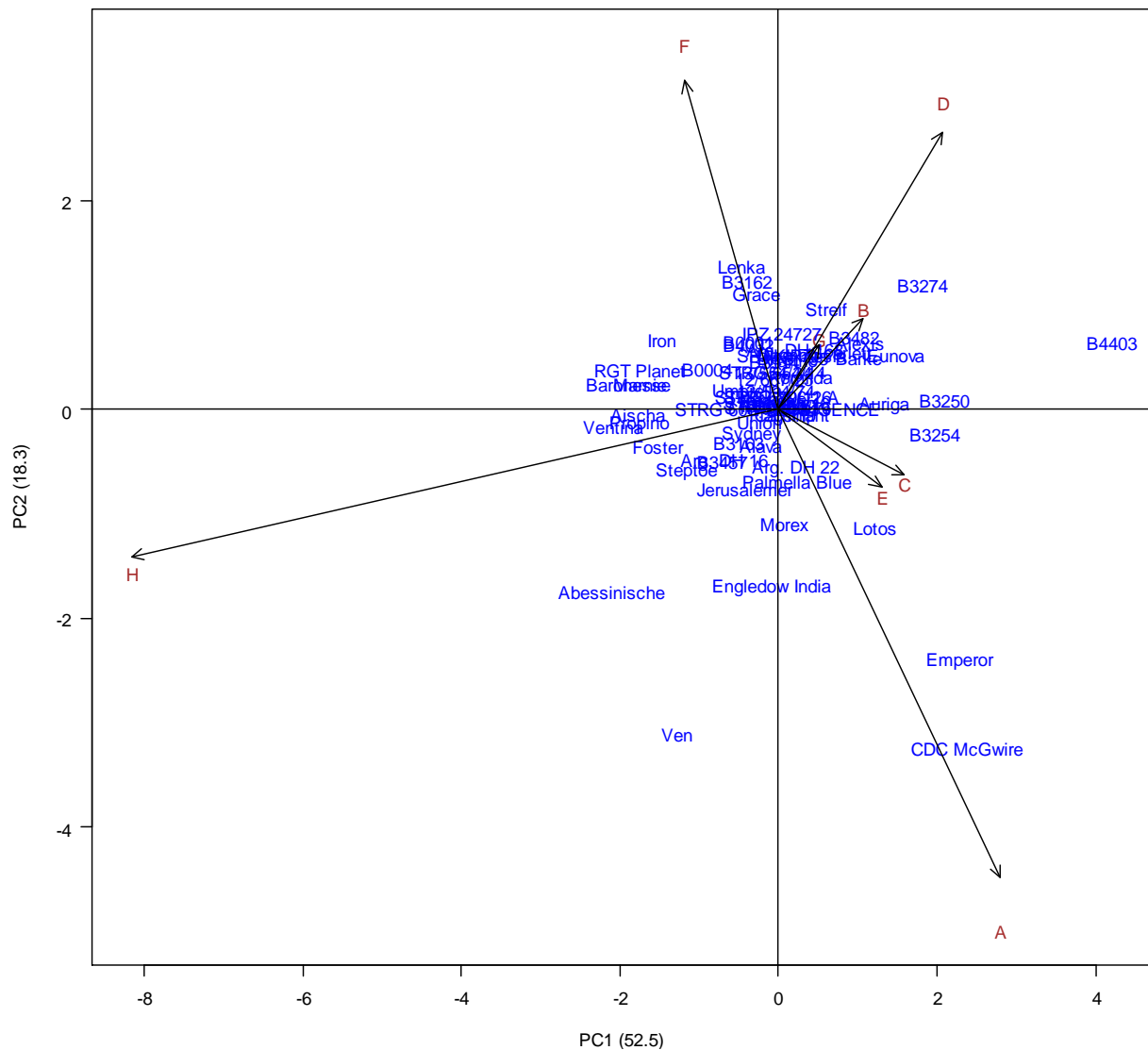


Abbildung 25: Biplot aller Behandlungen und Genotypen des BayKlimaFit-Sortiments für das Merkmal Kornsortierung $>2,5$ mm. Verwendet wurden die Daten aus den Feldversuchen 2016 und 2017. Die Buchstaben stehen für die verschiedenen Umwelten/Behandlungen: A=Rollhaus bewässert 2017, B=Rollhaus bewässert 2016, C=Rollhaus trocken 2017, D=Rollhaus trocken 2016, E=natürlich 2017, F=natürlich 2016, G=chemischer Trockenstress 2017, H=chemischer Trockenstress 2016.

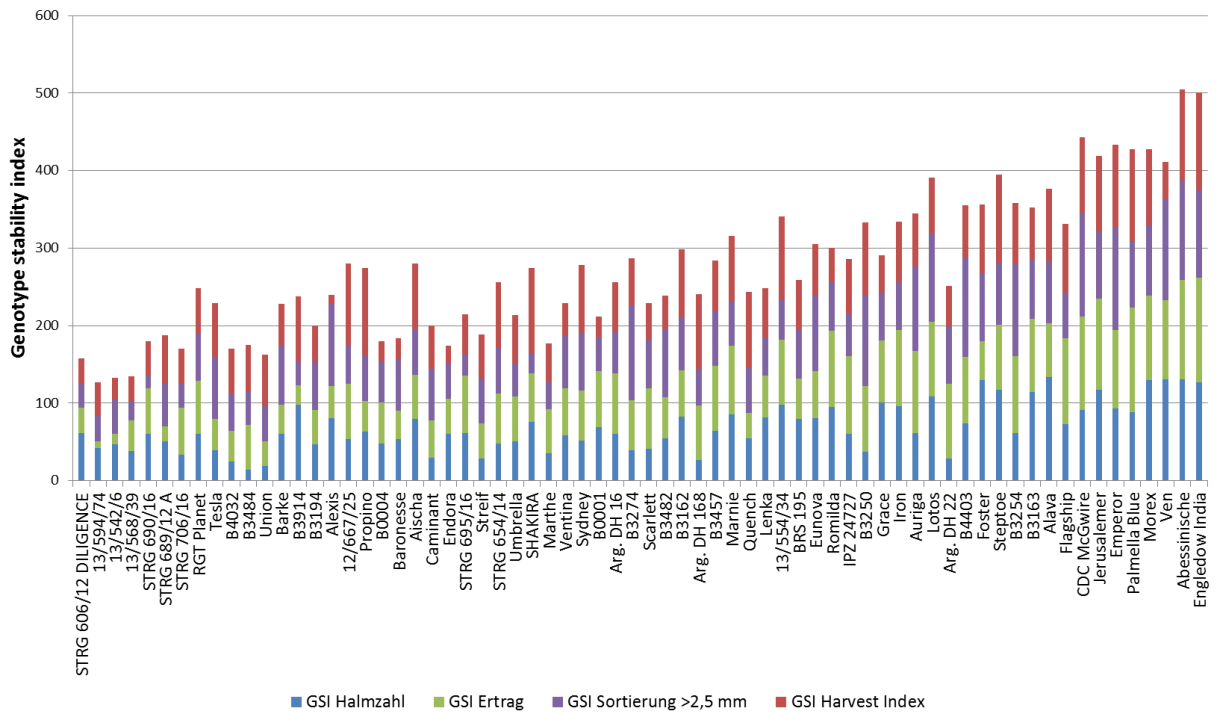


Abbildung 26: Genotype stability index für die Merkmale Halmzahl (blau), Ertrag=Korngewicht pro Doppelreihe (grün), Kornsortierung >2,5 mm (lila) und den Harvest Index (rot). Zugrunde liegen die Daten aus den Feldversuchen 2016 und 2017 im Rollgewächshaus (nass/trocken) und den externen Versuchsfeldern (chemisch/natürlich). Je kleiner der GSI desto besser die Einstufung der Sorte für das jeweilige Merkmal.

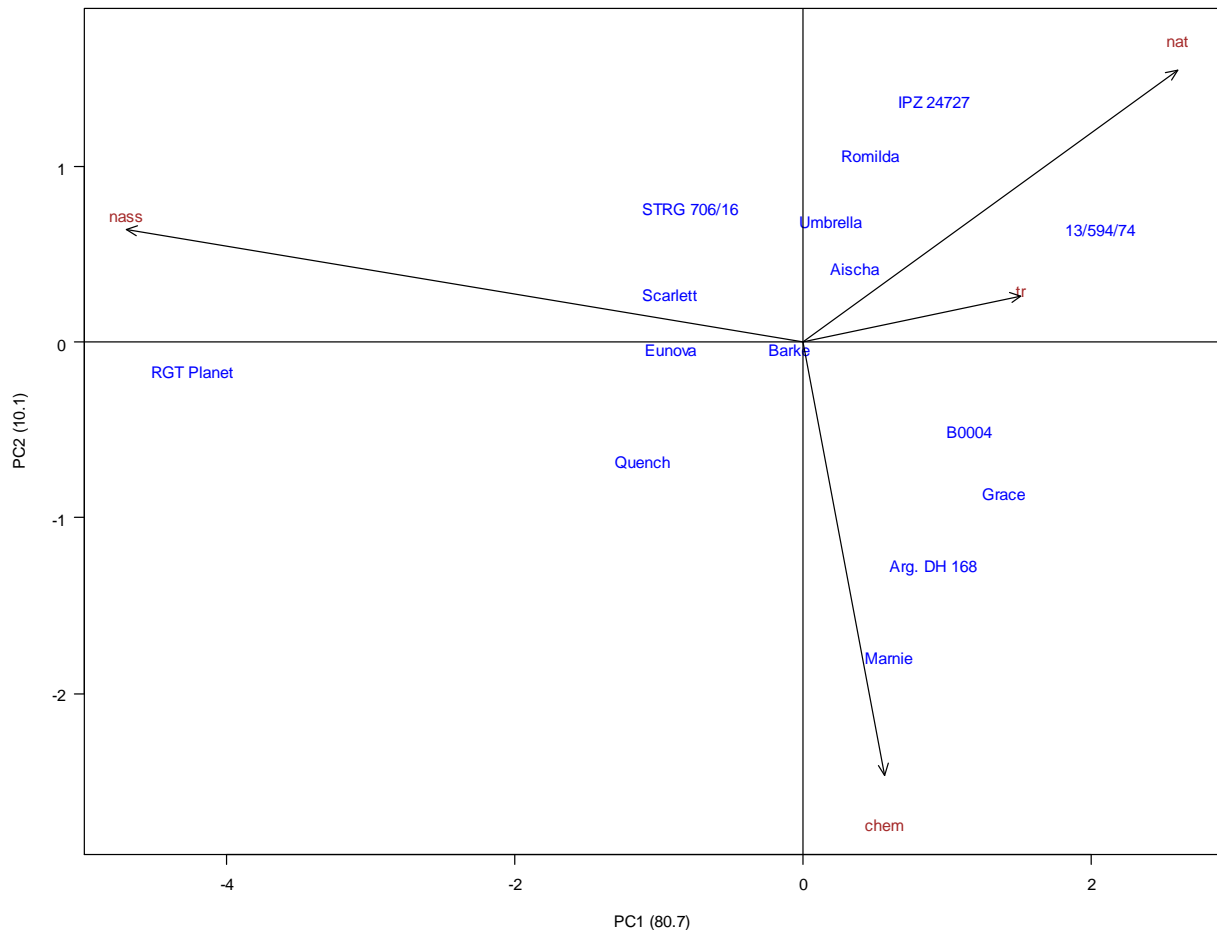


Abbildung 27: Biplot aller Behandlungen und Genotypen des eingeschränkten 15 Sorten umfassenden BayKlimaFit-Sortiments für den Ertrag. Verwendet wurden die Daten aus den Kleinparzellen 2018. Die Abkürzungen stehen für die verschiedenen Umwelten/Behandlungen: nass=Rollhaus bewässert, tr=Rollhaus trocken, nat=natürliche Behandlung, chem=chemischer Trockenstress.