

## Genotypische Unterschiede in der Verlagerung von Rohprotein bei Winterweizen

### Genotypic differences in the translocation of protein in winter wheat

Clemens Flamm<sup>1\*</sup>, Sabrina Scheriau<sup>1</sup>, Elisabeth Zechner<sup>2</sup>, Lorenz Hartl<sup>3</sup> und Maren Livaja<sup>4</sup>

#### Abstract

Thirty cultivars selected by Austrian, German and Hungarian breeders were tested in 12 Austrian trials (2012-2013). Genotypic differences were observed for crude protein content and yield of green matter at flowering, grains and straw. Austrian high quality wheats showed a low protein content in the aboveground biomass at flowering. Especially high quality wheat 'Energio' exhibited outstanding low values with respect to protein yield at flowering. High protein content was detected in the grain of high quality cultivars. The protein yield was medium to high. German high quality cultivars showed high biomassprotein content at flowering, but only a medium grain protein content. The Hungarian cultivars were in between. 'Ubicus' of the medium quality group showed the highest protein yield at flowering as well as in the grains. In the straw Austrian wheats had the lowest protein content independent of the quality group. The German cultivars showed the highest protein values.

#### Keywords

Green matter, protein content, straw, *Triticum aestivum*

#### Einleitung

Von Oktober 2012 bis Dezember 2013 führten die Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit (AGES), die Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) und die Technische Universität München (TUM) gemeinsam mit österreichischen und deutschen Züchtern das CORNET-Projekt *Efficient Wheat* durch. Unter anderem wurde dabei die N-Effizienz von Winterweizen unter Trockenstressbedingungen untersucht. Neben dem Korngut wurden auch die Biomasse zur Blüte und das Stroh auf den Proteingehalt analysiert. Im folgenden Beitrag werden die Ergebnisse der österreichischen Versuche dargestellt.

#### Material und Methoden

In den Jahren 2011/12 und 2012/13 wurden Winterweizenversuche an den Standorten Niederweiden (NWe, Bezirk Gänserndorf), Tattendorf (Tat, Bez. Baden) und St. Andrä

(StA, Bez. Neusiedl) sowie nur in der Saison 2012/13 in Wien (WSP) durchgeführt. In NWe, Tat und WSP wurden die Sorten mit zwei Wasserversorgungsvarianten getestet. An den Standorten NWe und Tat erfolgte dies neben der Variante „natürlicher Niederschlag“ (I) mit zwei bis drei Berechnungsgaben von zusätzlich je 25-30 l·m<sup>-2</sup> (II). Am Standort WSP (*Abbildung 1*) wurden neben der Variante I die Niederschläge durch ein Rollglashaus von April bis Juni größtenteils abgehalten und somit künstlich Trockenstress erzeugt (II).

30 Winterweizensorten deutscher (DE), österreichischer (AT) und ungarischer (HU) Züchter (= Herkunft) wurden getestet. Sie zeigten eine unterschiedliche Backqualität (= Qualität) und wurden nach AGES (2013) bzw. OBERFORSTER et al. (1994) in die drei Gruppen Qualitätsweizen (QW), Mahlweizen (MW) und Futterweizen (FW) gegliedert.

Der Anbau erfolgte zwischen 3. und 25. Oktober nach Winterraps, Sommergerste, Sonnenblume, Kartoffel, Körnermais bzw. Erbse in einer Gitteranlage mit drei Wiederholungen. Zur Blüte wurde ein Teil der Parzellen beerntet; die Erntefläche betrug 0,1 m<sup>2</sup> im Rollglashaus bzw. 1,9 bis 2,0 m<sup>2</sup> in den Großparzellenversuchen. Beim Rest der Parzelle wurde zur Totreife die Korn- und Strohernte durchgeführt (1,0 m<sup>2</sup> im Rollglashaus bzw. 8,1 bis 13,6 m<sup>2</sup> in den Feldversuchen). Die Versuche wurden mit 57-128 kg N·ha<sup>-1</sup> gedüngt, aufgeteilt auf zwei bis drei Gaben.

Der Rohproteingehalt wurde nach ICC-Standard Nr. 167 von der Biomasse bei der Blüte und dem Stroh (N×6,25) sowie vom Korn (N×5,7) untersucht (= Material). Der Proteinertrag resultiert aus Biomasse- bzw. Kornertrag (TS) und Proteingehalt.

Mit zwei linearen gemischten Modellen wurde der Einfluss des Materials auf den Proteingehalt untersucht. Als fixe Effekte wurden die Genotypen (Modell A) bzw. die Qualitätsgruppe, die Herkunft sowie deren Interaktion (Modell B) berücksichtigt. Als zufälliger Effekt fand eine Variable ID in beiden Modellen Berücksichtigung die aus den drei Messungen pro Sorte (Grünpflanze, Stroh und Korn) generiert wurden. Dadurch konnte auf Abhängigkeiten eingegangen werden, die sich aus den Messwiederholungen

<sup>1</sup> Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH (AGES), Spargelfeldstraße 191, 1220 WIEN, Österreich

<sup>2</sup> Saatzucht LFS Edelhof, Edelhof 1, 3910 ZWETTL, Österreich

<sup>3</sup> Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL), Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Am Gereuth 8, 85354 FREISING, Deutschland

<sup>4</sup> Technische Universität München (TUM), Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung, Liesel-Beckmann-Straße 2, 85354 FREISING, Deutschland

\* Ansprechpartner: Clemens FLAMM, clemens.flamm@ages.at





Abbildung 1: Versuch am Standort Wien 2013 (links: trockengestresst infolge Abhaltung des Niederschlages durch ein Rollglashaus, rechts: natürlicher Niederschlag)

Figure 1: Trial in Vienna 2013 (wheat under drought stress caused by a rain out shelter (left) and natural precipitation (right), respectively)

ergaben. Im Modell B wurde zusätzlich zur ID auch der Standort als zufälliger Effekt berücksichtigt, um ortsspezifische Schwankungen herauszurechnen. Die Variation dieser zufälligen Effekte wurde bei der Berechnung der Prädiktionsintervalle einbezogen. In beiden Modellen wurde das Hauptaugenmerk auf die Signifikanz der fixen Effekte gelegt. Die Identifizierung von signifikanten Einflussfaktoren erfolgte über eine schrittweise forward-selection mittels eines  $\chi^2$ -Tests. Dabei wurden, ausgehend vom Intercept-only Modell (in dem keine erklärenden Variablen berücksichtigt werden), schrittweise erklärende Variablen hinzugefügt und mit dem vorherigen Modell verglichen. Ist die Änderung im Erklärungsgrad des Modells signifikant zum Niveau  $\alpha=0,05$  bei Hinzunahme der jeweils erklärenden Variable, so wird

diese ins Modell aufgenommen. Nach der Varianzanalyse wurden Post-Hoc-Tests (Tukey's HSD Test) durchgeführt. Die Modellierung erfolgte mit der Statistiksoftware R (R DEVELOPMENT CORE TEAM 2012).

## Ergebnisse und Diskussion

### Rohproteingehalt

Die Analyse der Ergebnisse zeigte große genotypische Unterschiede (Abbildung 2). So wiesen die Qualitätsweizen 'Bitop', 'Energio', 'Element' und 'Capo' bei der Blüte die geringsten Proteingehalte auf. Sie unterschieden sich signifikant ( $\alpha=0,05$ ) von 'Format' und 'Robigus'. DIEKMANN

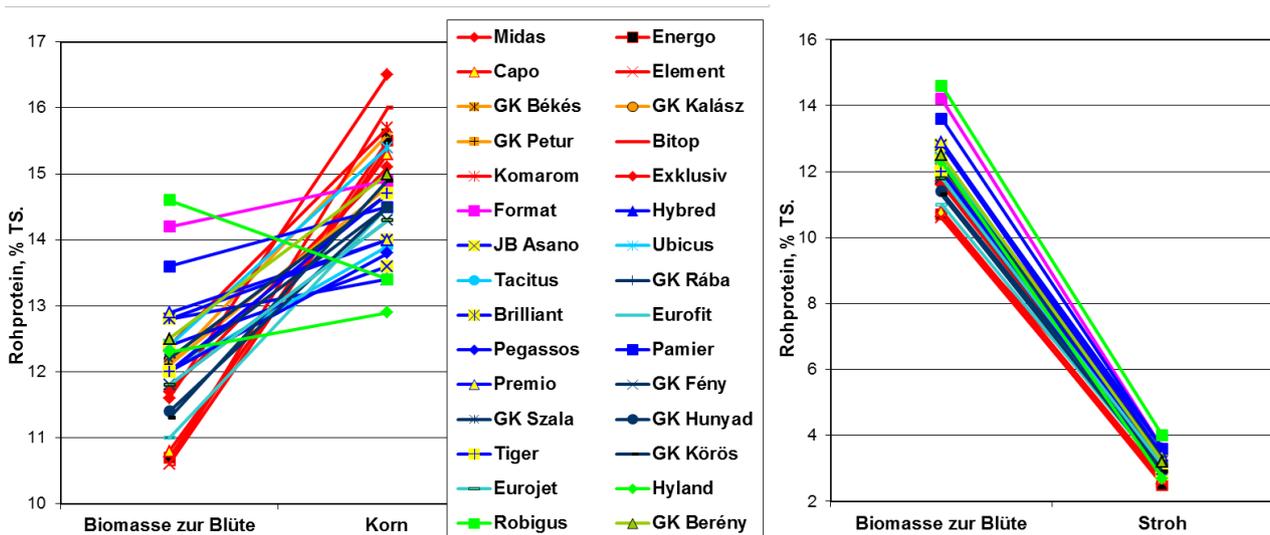


Abbildung 2: Verlagerung des Proteingehaltes von der Biomasse zur Blüte (BBCH 65) ins Korn (links) und Stroh (rechts) bei 30 Winterweizensorten (Mittel aus 12 Versuchen)

Figure 2: Translocation of protein content from the biomass at flowering (BBCH 65) into grains (left) and straw (right) of 30 winter wheat cultivars (mean of 12 trials)

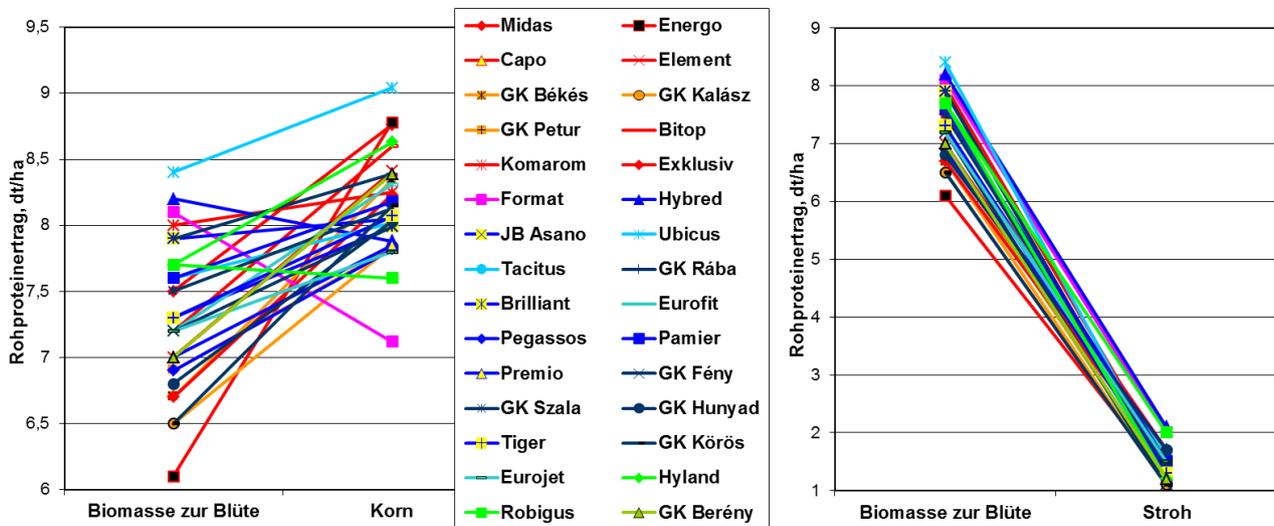


Abbildung 3: Verlagerung des Proteinertes von der Biomasse zur Blüte (BBCH 65) in Korn (links) und Stroh (rechts) bei 30 Winterweizensorten (Mittel aus 12 Versuchen)

Figure 3: Translocation of the protein yield from the biomass at flowering (BBCH 65) into grains (left) and straw (right) of 30 winter wheat cultivars (mean of 12 trials)

(2002) fand ebenfalls große N-Konzentrationsunterschiede in der oberirdischen Biomasse von zwei Winterweizensorten. Er führte dies auf differenziertes Aneignungsvermögen zurück. Im Korn fanden sich hingegen bei diesen Sorten gemeinsam mit 'Exklusiv', 'Komarom' und 'GK Békés' die höchsten Werte. 'Exklusiv' unterschied sich darin signifikant von 'Hybrid' und 'Hyland'. Der Futterweizen 'Robigus' verhielt sich abweichend zu allen anderen Sorten. Der vergleichsweise hohe Proteingehalt bei der Blüte fand sich nur teilweise im Korn wieder. Im Stroh konnte im Vergleich zur Biomasse bei der Blüte nur mehr wenig Protein festgestellt werden. Dabei verhielten sich die Sorten alle relativ ähnlich. Die Variation zwischen den Sorten wurde zur Reife hin geringer, sodass signifikante Sortenunterschiede nicht beobachtet wurden.

### Rohproteinert

Im Proteinert zeigte sich teilweise ein anderes Bild (Abbildung 3). Die Qualitätsweizen 'Energó', 'GK Kalász', 'GK Békés' und 'Exklusiv' wiesen bei der Blüte die geringsten Proteinertes auf. Diese Sorten waren jedoch größtenteils im Korn gemeinsam mit 'Midas', 'Bitop', 'Capo', 'Element' und 'Komarom' am N-effizientesten. 'Ubicus' erzielte als Maltweizen sowohl in der Biomasse zur Blüte als auch im Korn den höchsten Proteinertes. Die hochqualitative Sorte 'Format' hatte bei der Blüte einen sehr hohen Proteinertes, im Korn war sie jedoch die Sorte mit der geringsten N-Effizienz. Dies bedeutet, dass 'Format' bei der Blüte mehr Protein aufgenommen hat, als er eigentlich benötigt. COX et al. (1986) fanden in Weizenlinien ebenfalls einen Überschuss an Protein bei der Blüte. GREGORY et al. (1981) begründeten variierende N-Verlagerung mit unterschiedlichem Photosyntheseverhalten.

Auch der Futterweizen 'Robigus' steigerte den Proteinertes von der Blüte zum Korn nicht. Mit dem Stroh wurden etwa 1 bis 2 dt·ha<sup>-1</sup> Protein abgeführt. Der Proteinertes veränderte sich von Blüte zur Strohernte in einem ähnlichen Verhält-

nis wie der Proteingehalt. Die Sortenunterschiede waren statistisch nicht absicherbar. Laut DIEKMANN (2002) basieren genotypische Unterschiede im Korn-N-Ertrag auf einer differenzierten N-Aufnahme und Mobilisation aus der vegetativen Biomasse. Die Variation in der N-Einlagerung war bei ihm im Korn ebenfalls viel höher als im Stroh.

### Einfluss von Genotyp und Material

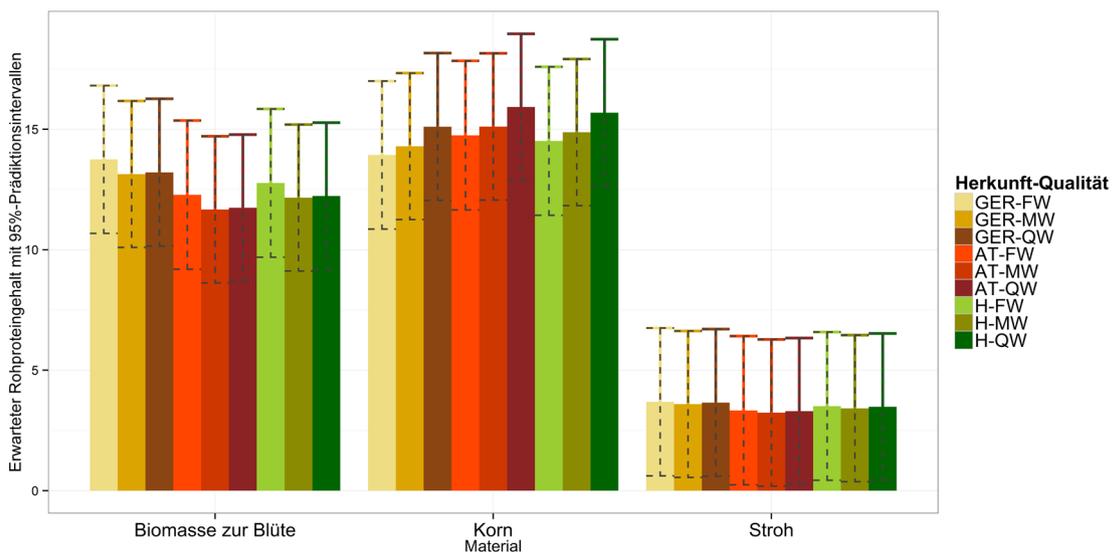
Material, Sorte sowie die Interaktion von Material und Sorte konnten in Modell A als signifikante Einflussfaktoren auf den Proteingehalt identifiziert werden. Für die Referenzsorte 'Bitop' ist der erwartete Proteingehalt in der Biomasse zur Blüte 10,6%. Der erwartete Gehalt im Korn ist um 5,4% höher und im Stroh um 7,2% geringer als in der Biomasse zur Blüte. Der im Modell erwartete Proteingehalt verhält sich ähnlich wie im Mittelwertvergleich: So hat 'Robigus' den höchsten erwarteten Wert in der Biomasse zur Blüte, gefolgt von 'Format', 'Pamier' und 'Premio'. Die geringsten Werte weist das Modell bei 'Bitop', 'Element', 'Energó' und 'Capo' aus. Im Korn finden sich dagegen die niedrigsten Werte bei 'Hyland', 'Hybrid', 'Robigus' und 'JB Asano' (12,9-13,6%). Die höchsten Werte sind bei 'Exklusiv', 'Bitop', 'Energó', 'GK Békés', 'Komarom', 'Capo' und 'Element' zu erwarten (15,4-16,5%). Im Stroh ist der geringste Proteingehalt für die Sorte 'Energó' (2,5%), gefolgt von 'Element', 'Hyland' und 'Capo', zu erwarten. Der höchste erwartete Proteingehalt ergibt sich für Sorte 'Robigus' (4,0%) gefolgt von 'Pamier', 'Hybrid' und 'Format'. Die erwarteten Proteingehalte von Sorte und Material sind in Tabelle 1 dargestellt.

Aus den Varianzkomponenten der zufälligen Effekte kann geschlossen werden, welcher Teil der Gesamtvarianz auf den jeweiligen Effekt bzw. die Restvarianz entfällt. Unter Gesamtvarianz ist jene Varianz zu verstehen, die nicht durch die berücksichtigten fixen Effekte erklärt werden kann. Der hier berücksichtigte zufällige Effekt ID erklärt 52,9% dieser Gesamtvarianz.

**Tabelle 1: Ergebnisse der Modellierung des Proteingehaltes in Abhängigkeit von Material und Genotyp sowie deren Interaktion (Modell A)**

**Table 1: Results of the modelling of the protein content depending on the material and the genotype as well as their interaction (model A)**

Sorte	Herkunft	Qualität	Erwarteter Proteingehalt (% TS)		
			Biomasse BBCH65	Korn	Stroh
Bitop (Referenz)	AT	QW	10,56	16,00	3,32
Brilliant	DE	MW	12,81	14,10	3,19
Capo	AT	QW	10,76	15,46	2,74
Element	AT	QW	10,64	15,42	2,60
Energo	AT	QW	10,68	15,64	2,52
Eurofit	AT	MW	11,04	14,55	2,89
Eurojet	AT	MW	11,81	14,45	3,08
Exklusiv	AT	QW	11,61	16,52	3,13
Format	DE	QW	14,18	15,01	3,56
GK Békés	HU	QW	12,13	15,62	3,15
GK Berény	HU	FW	12,46	15,04	3,25
GK Fény	HU	MW	11,84	14,29	3,00
GK Hunyad	HU	MW	11,43	14,59	3,13
GK Kalász	HU	QW	12,19	14,69	3,36
GK Körös	HU	MW	11,30	14,87	2,91
GK Petur	HU	QW	12,05	14,81	3,11
GK Rába	HU	MW	12,03	14,40	3,13
GK Szala	HU	MW	12,16	14,72	3,31
Hybrid	DE	MW	12,81	13,38	3,58
Hyland	DE	FW	12,33	12,93	2,73
JB Asano	DE	MW	12,38	13,62	3,03
Komarom	AT	QW	12,39	15,61	3,36
Midas	AT	QW	11,66	15,19	3,08
Pamier	DE	MW	13,64	14,53	3,65
Pegassos	DE	MW	12,00	13,83	3,25
Premio	DE	MW	12,94	13,94	3,42
Robigus	DE	FW	14,59	13,40	4,01
Tacitus	AT	MW	12,03	13,98	2,98
Tiger	DE	MW	12,03	14,83	2,78
Ubicus	AT	MW	12,43	15,40	3,09
Zufälliger Effekt			Varianzkomponente		Anteil an Gesamtvarianz
ID			1,639		52,90%
Rest			1,458		47,10%



**Abbildung 4: Erwarteter Proteingehalt basierend auf den Modellergebnissen (Modell B) nach Qualität, Herkunft und Material.** Für die Berechnungen wurde angenommen, dass die zufälligen Effekte den Wert Null annehmen.

**Figure 4: Expected protein content based on modelling results (model B) of quality and origin of the genotypes and material.** For the calculations it was assumed, that the random effects accept the value null.

### *Einfluss von Qualität und Herkunft*

Der erwartete Proteingehalt in der Biomasse zur Blüte beträgt 13,8% für Genotypen der Qualitätsgruppe Futterweizen und Herkunft Deutschland. Für Sorten der Qualitätsgruppe Mahlweizen verringert sich der erwartete Proteingehalt in der Biomasse zur Blüte um 0,6%, für Qualitätsweizen um 0,5%. Im Korn erhöht sich der erwartete Wert bei Qualitätsweizen um 1,7% und bei Mahlweizen um 1,0%. Österreichische Weizen weisen durchschnittlich um 2,3% und ungarische um 1,6% mehr Protein im Korn auf als deutsche.

Im Stroh findet sich bei ungarischen Sorten um 0,8% und bei österreichischen um 1,1% mehr Protein als bei jenen mit deutscher Herkunft. Die Qualitätsweizen und Mahlweizen liegen im Stroh nur wenig (jeweils 0,5%) über den Futterweizen.

Alle betrachteten erklärenden Variablen konnten als signifikante Einflussfaktoren auf den Rohproteingehalt identifiziert werden. Die erwarteten Proteinwerte für die einzelnen Gruppen von Genotypen sind in *Abbildung 4* dargestellt. Die 95%-Prädiktionsintervalle geben die Genauigkeit des geschätzten Proteingehaltes an. Hinsichtlich der Random Effects ist zu sehen, dass 36,3% der Gesamtvarianz durch ortsspezifische Schwankungen erklärt werden können.

### Danksagung

Die Ergebnisse wurden im Rahmen vom CORNET-Projekt (COLlective REsearch NETworking) EFFICIENT WHEAT erzielt. Die Finanzierung erfolgte in Österreich durch die

FFG (Österreichische Forschungsförderungsgesellschaft) und Saatgut Österreich. In Deutschland wurde das Projekt aus Mitteln der AiF (Arbeitsgemeinschaft industrieller Forschungsvereinigungen) und des BMWi (Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie) gefördert. Die Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP) beteiligte sich ebenfalls.

### Literatur

- AGES (Hrsg.), 2013: Österreichische Beschreibende Sortenliste 2013 - Landwirtschaftliche Pflanzenarten. Schriftenreihe 21/2013. Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH, Wien.
- COX M, QUALSET CO, RAINSDW, 1986: Genetic variation for nitrogen assimilation and translocation in wheat. III. Nitrogen translocation in relation to grain yield and protein. *Crop Sci* 26, 737-740.
- DIEKMANN F, 2002: Untersuchungen zu Sortenunterschieden in der Aufnahme und Verwertung von Stickstoff bei Winterweizen (*Triticum aestivum* L., cv. Batis und cv. Toronto). Dissertation, Technische Universität München, Freising-Weihenstephan.
- GREGORY PH, MARSHALL B, BISCOE P, 1981: Nutrient relations of winter wheat: 3. Nitrogen uptake, photosynthesis of flag leaves and translocation of nitrogen to grain. *J Agric Sci* 96, 539-547.
- OBERFORSTER M, SCHMIDT L, WERTEKER M, 1994: Bewertungsschema '94 der technologischen Qualität von Weizensorten (Weichweizen). Jahrbuch 1993, 257-280. Bundesanstalt für Pflanzenbau, Wien.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2012: *R*: A language and environment of statistical computing. *R* Foundation for Statistical Computing, Vienna (<http://www.R-project.org/>).

---

**Anmerkung:** Die Online-Version des Tagungsbandes enthält alle Abbildungen in Farbe und kann über die Homepage der Jahrestagung (<http://www.raumberg-gumpenstein.at/> - Downloads - Fachveranstaltungen/Tagungen - Saatzüchertagung - Saatzüchertagung 2013) oder den korrespondierenden Autor bezogen werden.