

**Analyse der Wurzelarchitektur  
von Gerste (*Hordeum vulgare*)  
unter verschiedenen  
Umweltbedingungen**

**Dissertation**

zur

Erlangung des Doktorgrades (Dr. rer. nat.)

der

Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät

der

Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

vorgelegt von

Tamara Schaprian

aus

Traunstein

Bonn, November 2014

**Angefertigt mit Genehmigung der  
Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät der  
Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn**

**1. Gutachterin: Prof. Dr. Dorothea Bartels**

**2. Gutachter: Prof. Dr. Lukas Schreiber**

Tag der mündlichen Prüfung: 31.03.2015

Erscheinungsjahr: 2015

## Zusammenfassung

Innerhalb der letzten Jahre zeigte der Aufruf zu einer "second green revolution" die Notwendigkeit zur Entwicklung leistungsfähiger Kulturpflanzen mit robustem Verhalten auf wechselnde Umweltbedingungen und limitierte Nährstoffangebote. Die Pflanzenwurzel spielt eine zentrale Rolle bei der Versorgung der Pflanze mit Nährstoffen und Wasser, und die Wurzelarchitektur hat demnach Einfluss auf die Entwicklung und Produktivität der Pflanze. Die Wurzelarchitektur wurde aufgrund methodischer Schwierigkeiten wenig erforscht und daher als mögliches Kriterium zur verbesserten Selektion in der Pflanzenzüchtung wenig berücksichtigt.

In der vorliegenden Arbeit wurde als Teilprojekt des Verbundvorhabens „Phenomics, Transcriptomics und Genomics - ein integrierter Ansatz zur Effizienzsteigerung in der Selektion trockenstresstoleranter Gerste“ die Wurzelarchitektur von 6 deutschen Sommerbraugersten (*Hordeum vulgare*, L. cv. *Wisa*, *LfL24727*, *Barke*, *Grace*, *Braemar*, *Tatum*) zerstörungsfrei im Labor untersucht. Zur Erfassung der Wurzelarchitektur wurden die Gerstensamen oberflächensterilisiert und in einem transparenten Wachstumsmedium in einem axenischen System angezogen. Die Gerstenpflanzen wurden unter verschiedenen Umweltbedingungen, d. h. unter osmotischem Stress, Phosphatmangel und Nitratmangel sowie unter Kontrollbedingungen angezogen. Anschließend erfolgte auf einer speziell angefertigten, rotierenden Bildaufnahme-Plattform die digitale Bildaufnahme des Wurzelsystems der juvenilen Pflanzen nach 16 Tagen Wachstum. Dabei entstanden pro Pflanze bis zu 36 Aufnahmen des Wurzelsystems in einer vollen 360° Umdrehung. Die Digitalbilder des Wurzelsystems wurden zur Berechnung von diversen Parametern, mit welchen die Wurzelarchitektur beschrieben werden kann, verwendet. Dies erfolgte mit dem Einsatz einer dafür entwickelten Bildverarbeitungssoftware. Die Software GiA Roots wurde in Kooperation verschiedener Arbeitsgruppen von Prof. Dr. Philip Benfey, Duke University, Durham NC, USA entwickelt und ermöglicht die Berechnung von 19 verschiedenen Wurzelparametern aus Bilderserien. Pro Gerstensorte und Behandlung wurden von mindestens 10 Individuen die Wurzelarchitektur-Parameter mit GiA Roots 2D (Iyer-Pascuzzi *et al.*, 2010; Galkovskyi *et al.*, 2012) berechnet und anschließend statistisch ausgewertet.

Die Ziele dieser Arbeit waren, neben der Etablierung der Anzuchtmethoden der Gerste im axenischen System und der Etablierung einer Hochdurchsatz Bildaufnahme- und Bildverarbeitungs pipeline im Labor vor Ort, die zerstörungsfreie Untersuchung der verwendeten Gerstensorten auf phänotypische Unterschiede, um die Robustheit des Wurzelsystems bzgl. der verschiedenen Umweltbedingungen zu charakterisieren.

Die Analysen ergaben, dass die Wurzelarchitektur der 6 Sommergersten statistisch signifikante Unterschiede auf einem 5% Niveau bei vielen der gemessenen Wurzelparameter aufweist. Bei Wachstum unter Kontrollbedingungen wurden zwei Wurzel-Phänotypen festgestellt, die Sorten *Grace* und *Barke* besitzen ein kleineres Wurzelsystem im Vergleich zu den Sorten *Wisa*, *LfL24727*, *Braemar* und *Tatum*. Auch zeigten sich unterschiedlich stark ausgeprägte Reaktionen der Sorten bzgl. der Stressversuche. Die Sorten *Grace* und *Braemar* zeigten eine, wie in der Literatur unter osmotischem Stress beschriebene, angepasste Veränderung ihrer Wurzelarchitektur. Die Sorten *LfL24727*, *Grace*, *Braemar* und *Tatum* zeigten außerdem ein an Phosphatmangel adaptiertes Wurzelsystem. Unter Nitratmangel wurden unterschiedlich starke, signifikante Veränderungen der Wurzelarchitektur bei jeder der getesteten Sorten beobachtet. Da die Sorten *Grace* und *Braemar* auf alle Stressversuche ein adaptiertes Verhalten des Wurzelsystems zeigten, wurden sie als robuste Sorten eingestuft.

Die jeweiligen Reaktionen des juvenilen Wurzelsystems können genutzt werden, um auf bestimmte Eigenschaften der Sorten Rückschlüsse zu ziehen. Dies bietet den Pflanzenzüchtern die Möglichkeit, kombiniert mit ihren Erfahrungen über die Eigenschaften der Sorten, die hier beschriebene Methode zur Analyse der Wurzelarchitektur juveniler Gerste als zusätzliches Instrument zur Beurteilung von Sorten einzusetzen.

## Abstract

Within the last years the call to a "second green revolution" showed the need for the development of efficient crops with robust behavior at varying environmental conditions and limited nutrient constraints. The plants' root system plays a central role in plant nutrition and, therefore, the root architecture has influence on the development and productiveness of a plant. However, because of the methodical difficulties little attention was investigated to explore the root architecture and, hence, it was long ignored as a possible selection criterion for improved plant breeding.

In the present work, the root architecture of 6 German spring barley varieties (*Hordeum vulgare*, L. cv. *Wisa*, *LfL24727*, *Barke*, *Grace*, *Braemar* and *Tatum*) was examined using a non-destructive approach. This was a sub project of the research project „Phenomics, Transcriptomics und Genomics - ein integrierter Ansatz zur Effizienzsteigerung in der Selektion trockenstresstoleranter Gerste“. To study the root architecture, the barley seeds were surface sterilized and grown in a transparent gellan gum under sterile conditions. Plants were grown under differential environmental conditions (osmotic stress, phosphate and nitrogen deficiency and control conditions). To obtain images of the 16-days-old roots, plants were imaged on a semi-automated rotating imaging platform. Up to 36 images per plant were captured every 10° through a full 360° rotation. Out of these images 19 root architecture parameters were calculated using GiA Roots software (Iyer-Pascuzzi *et al.*, 2010). In cooperation with different working groups, GiA Root was developed by Prof. Dr. Philip Benfey, Duke University, Durham NC, USA. It was developed as a high-throughput image analyzing pipeline for image series and allows 19 different root architecture parameters to be considered. In this work more than 10 individuals of each barley variety and each treatment were used for image analysis followed by statistical analysis.

The objectives of this work were to establish the plant culture methods and the imaging-pipeline and the analysis of the barley plants for phenotypic characteristics to evaluate the robustness of the roots under different conditions.

Statistical analysis revealed that many significant differences exist at 5 per cent between the cultivars' root parameter. Two different root phenotypes were identified grown on control medium. The varieties *Barke* and *Grace* showed a comparably small root system in contrast to the cultivars *LfL24727*, *Grace*, *Braemar* and *Tatum*. The root system responded differently to the stress treatments. The cultivars *Grace* and *Braemar* showed an adaptive reaction of the root system to osmotic stress. The cultivars *LfL24727*, *Grace*, *Braemar* and *Tatum* changed their root architecture and showed a smaller and more branched root system at the ground surface. Under nitrate deficiency all the cultivars showed distinct responses of the root system. The cultivars *Grace* and *Braemar* exhibited the most adaptive reaction and are therefore considered to be robust cultivars.

The respective reactions of the juvenile root system can be used to draw conclusions on certain qualities of the cultivars. This offers the plant breeders the possibility to use this imaging system as an additional instrument for breeding selection.

# Inhaltsverzeichnis

<b>Zusammenfassung</b> .....	<b>3</b>
<b>Abstract</b> .....	<b>5</b>
<b>Inhaltsverzeichnis</b> .....	<b>7</b>
<b>1. Einleitung</b> .....	<b>11</b>
1.1 Züchtungsforschung.....	11
1.2 Klimawandel.....	13
1.3 Sommergerste .....	15
1.4 Wasser- und Nährstoffmangel .....	17
1.5 Wurzelsystem und Wurzelarchitektur .....	19
1.6 Methoden zur Untersuchung der Wurzelarchitektur .....	22
1.7 Zielsetzung der Arbeit .....	25
<b>2. Material und Methoden</b> .....	<b>27</b>
2.1 Material.....	27
2.1.2 Pflanzennährmedien .....	27
2.1.2.1 Nährmedium zur Keimung .....	27
2.1.2.2 Vitaminlösung.....	27
2.1.2.3 MS (Murashige und Skoog) -Medium.....	27
2.1.2.4 Herstellung von modifizierten MS-Medien.....	28
2.1.2.5 Sterilisationsbedingungen .....	30
2.1.3 Zusätzliche Chemikalien .....	30
2.1.4 Geräte .....	30
2.1.5 Software.....	31
2.1.6 Pflanzenmaterial .....	31
2.2 Methoden .....	33
2.2.1 <i>In vitro</i> Anzucht von Gerste .....	34
2.2.1.1 Vorversuche an 3 Gerstensorten.....	34
2.2.1.1.1 Oberflächensterilisation der Samen und Vorkeimungsbedingungen .....	35

2.2.1.1.2 Bestimmung der optimalen PEG-Konzentration .....	35
2.2.1.1.3 Testserie zur Bestimmung der Wurzelarchitektur von 3 Gerstensorten .....	36
2.2.1.2 <i>In vitro</i> Anzucht von 6 Gerstensorten unter revidierten Bedingungen .....	37
2.2.1.2.1 Oberflächensterilisation und Vorkeimungsbedingungen.....	37
2.2.1.2.2 Unterschiedliche Umweltbedingungen im axenischen System.....	38
2.2.2 Experimentelles Design.....	39
2.2.3 Bildaufnahme-Plattform und Wurzelbilder .....	40
2.2.4 Analyse der Wurzelarchitektur mit der Bildverarbeitungssoftware GiA Roots.....	42
2.2.5 Statistische Auswertung .....	49
2.2.6 Analyse des Frischgewichts .....	51
2.2.7 Auswahl der repräsentativen Wurzelbilder .....	51

### **3. Ergebnisse ..... 53**

3.1 <i>In vitro</i> Anzucht von Gerste in einem axenischen System .....	53
3.1.1 Vorversuche zur Oberflächensterilisation und Vorkeimung des Saatgutes.....	53
3.1.2 Testreihe zum Wachstum im axenischen System und Vorversuche zur Bestimmung der PEG-Konzentration.....	56
3.1.3 Experimente an 6 Gerstensorten unter revidierten Bedingungen.....	59
3.2 Repräsentative Wurzelbilder.....	62
3.3 Statistische Analysen der Wurzelarchitektur .....	66
3.3.1 Unterschiedliche Reaktion der Wurzelarchitektur innerhalb der Sorte.....	67
3.3.1.1 Die Wurzelarchitektur der Sorte <i>Wisa</i> zeigt signifikante Unterschiede bei Nitratmangel .....	67
3.3.1.2 Signifikante Unterschiede der Wurzelarchitektur von Sorte <i>LfL24727</i> bei Phosphat- und Nitratmangel .....	68
3.3.1.3 Nachweis signifikanter Unterschiede der Wurzelparameter der Sorte <i>Barke</i> bei Nitratmangel .....	70
3.3.1.4 Die Sorte <i>Grace</i> zeigt deutliche Veränderungen der Wurzelarchitektur bei allen Behandlungen.....	72
3.3.1.5 Die Sorte <i>Braemar</i> reagiert auf alle Behandlungen mit signifikanten Unterschieden der Wurzelarchitektur .....	74

3.3.1.6 Nachweis signifikanter Unterschiede der Wurzelarchitektur der Sorte <i>Tatum</i> bei Phosphat- und Nitratmangel.....	76
3.3.1.7 Rückschlüsse aus der Untersuchung der Wurzelarchitektur innerhalb der einzelnen Sorten .....	78
3.3.2 Unterschiede des Wurzelsystems zwischen den Gerstensorten .....	81
3.3.2.1 Vergleich der Wurzelarchitektur der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter Kontrollbedingungen .....	82
3.3.2.2 Vergleich der Wurzelarchitektur der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter PEG-Zusatz.....	87
3.3.2.3 Vergleich der Wurzelarchitektur der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter Phosphatmangel.....	91
3.3.2.4 Vergleich der Wurzelarchitektur der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter Nitratmangel .....	96
3.3.2.5 Rückschlüsse aus der Untersuchung der Wurzelarchitektur zwischen den 6 Gerstensorten.....	101
3.4 Analysen des Frischgewichts von Wurzel und Spross .....	104
3.5 Korrelation des FGW mit dem errechneten Volumen des Wurzelsystem....	111

#### **4. Diskussion ..... 114**

4.1 <i>In vitro</i> Anzucht im axenischen System .....	115
4.2 Etablierung der Methode zur Analyse der Wurzelarchitektur .....	118
4.3 Analyse der einzelnen Sorten .....	119
4.3.1 Wurzelsystemarchitektur unter osmotischem Stress (PEG).....	120
4.3.2 Die Reaktion des Wurzelsystems auf Phosphatmangel.....	123
4.3.3 Änderungen der Wurzelarchitektur unter Nitratmangel.....	126
4.4 Vergleich zwischen den Gerstensorten.....	129
4.5 Auswertungen des Frischgewichts.....	131
4.6 Zusammenfassung und Ausblick .....	132

#### **5. Anhang ..... 134**

5.1 Gerstensortiment.....	134
5.2 Maßzahlen der deskriptiven Statistik.....	136
5.4 Ergebnisse der univariaten Varianzanalysen.....	155

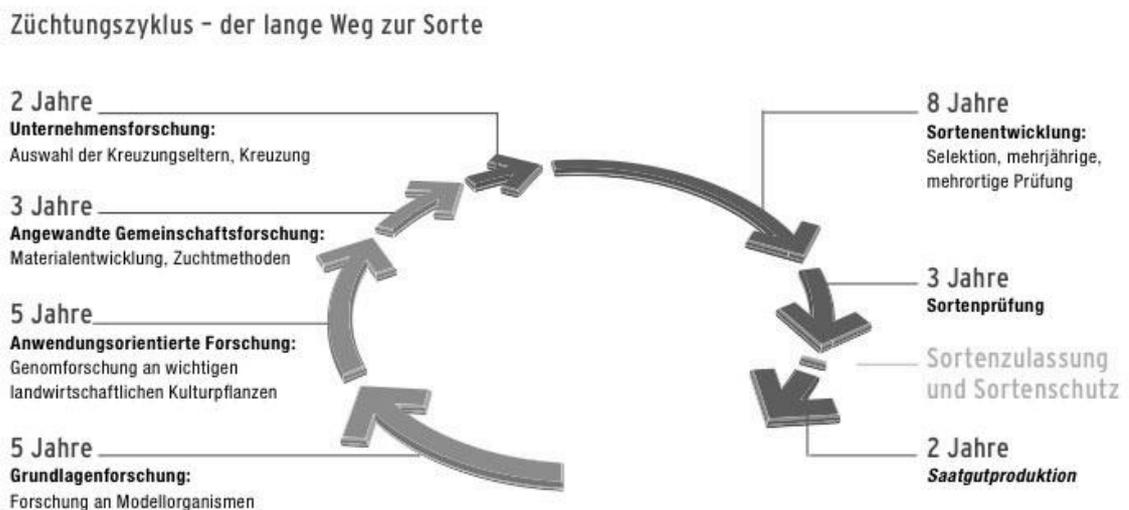
5.5 Signifikante Ergebnisse der Tukey-HSD-Tests aus der Analyse zwischen den Gerstensorten .....	157
5.6 Frischgewicht und Wurzelvolumen .....	164
<b>6. Literaturverzeichnis.....</b>	<b>172</b>
<b>7. Abkürzungsverzeichnis.....</b>	<b>183</b>
<b>8. Tabellenverzeichnis.....</b>	<b>185</b>
<b>9. Abbildungsverzeichnis.....</b>	<b>186</b>
<b>10. Formelverzeichnis .....</b>	<b>188</b>
<b>11. Danksagung .....</b>	<b>189</b>
<b>Ehrenwörtliche Erklärung .....</b>	<b>190</b>

# 1. Einleitung

## 1.1 Züchtungsforschung

Bereits seit 7000 Jahren wird Getreide in Mitteleuropa angebaut und die Menschen sortierten bei jeder Ernte die Pflanzen mit den besten Körnern aus (Auslese). Die Eigenschaften des Saatgutes liefern die Grundvoraussetzungen, um gute Erträge zu erzielen und eine überzeugende Qualität der Ernte zu erlangen.

Die Getreidezüchtung ist in Deutschland vorrangig über private Züchter geregelt, die sich hauptsächlich aus landwirtschaftlichen Betrieben entwickelt haben. Seit etwa 100 Jahren verbessern diese gezielt Kulturpflanzen, um neue, leistungsstarke Sorten zu entwickeln. Durchschnittlich dauert es ca. 10 bis 15 Jahre bis zur Zulassung einer neuentwickelten Sorte (Abbildung 1.1). Für die Zulassung einer neuen Sorte beim Bundessortenamt ([www.bundessortenamt.de](http://www.bundessortenamt.de), Hannover, Deutschland) muss diese Sorte bestimmte Kriterien erfüllen.



**Abbildung 1.1** Züchtungszyklus: Beschreibung der Arbeitsprozesse (ungefähre Zeitangaben) bis zur möglichen Sortenzulassung beim Bundessortenamt. (Graphik übernommen aus <http://www.die-pflanzenzuechter.de/uploads/pics/zuechtung.jpg>)

Das einfachste Verfahren zur Züchtung einer neuen Gerstensorte ist die Pflanzenauslese, wobei die Auslese jahrelang wiederholt werden muss. Dies wird „Züchtung durch Formen- und Linientrennung“ genannt und eine „Linie“ ist die Nachkommenschaft einer homozygoten Pflanze. Durch Auslese kann die Leistungsfähigkeit der Sorte aber nicht gesteigert werden. Dies ist erst durch Kreuzung möglich, da die Eigenschaften verschiedener Sorten miteinander vereinigt werden. Einige hervorragende Braugerstensorten wurden durch einfache Kreuzung erzeugt, so z. B. die Sorte *Wisa*, die den Anbau von 1955-1967 dominierte. Der Fortschritt in der Genomforschung ermöglichte neue Methoden für die Selektion geeigneter Eigenschaften der Gerste. Bei der Präzisionszüchtung (SMART Breeding, „Selection with Markers and Advanced Reproductive Technologies“) werden mithilfe von Genmarkern Leistungsmerkmale detektiert und danach die jeweiligen Elternpaare zur Kreuzung ausgewählt, dabei werden keine transgenen Pflanzen gezüchtet. Die Methode ist schnell und im Hochdurchsatz anzuwenden und wird parallel zur Betrachtung der phänotypischen Eigenschaften eingesetzt (Narziß und Back, 2012, S.19 ff).

Zur Züchtung von neuen Sorten für die Zukunft müssen einige Gegebenheiten, wie z. B. mögliche Klimaveränderungen, Veränderung des Konsumverhaltens oder die Entwicklung der Wirtschaftslage erkannt werden. Aufgrund der Prognosen wird von den Züchtern, häufig in Kooperation mit Wissenschaftlern, geklärt, welche Eigenschaften eine neue Sorte besitzen soll. Dafür sind hochleistungsfähige, robuste und anpassungsfähige Sorten gefragt, die den Anforderungen je nach Nutzungsart, möglichst gut entsprechen. Zunehmend sind dabei Eigenschaften wie Ertragsstabilität und -höhe, Widerstand gegen Witterungsextreme und Resistenz gegen Schädlinge von hoher Bedeutung.

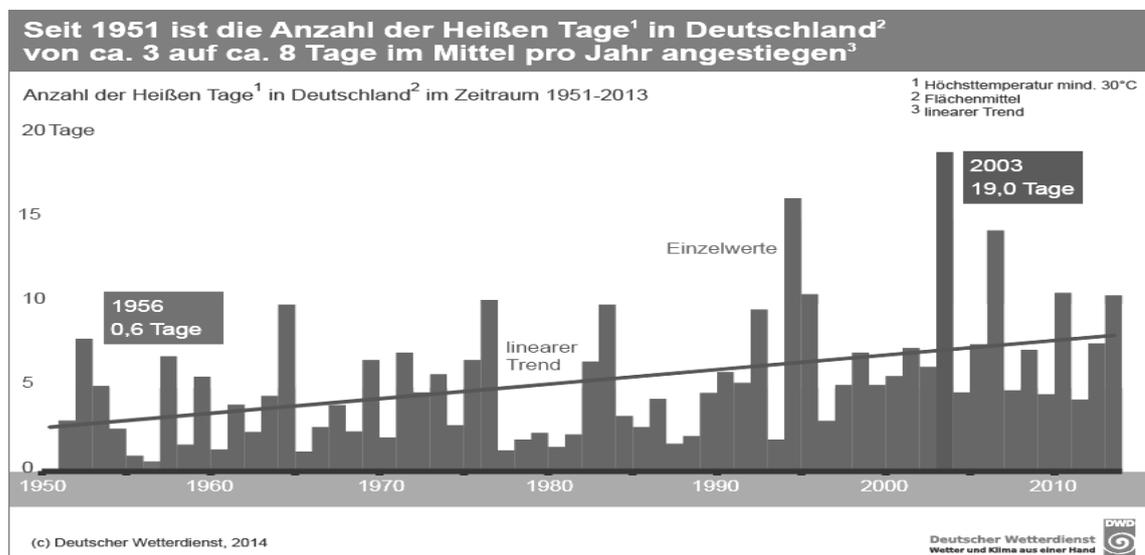
Wie bedeutend die Arbeit der Züchter ist, zeigt ein Beispiel aus der Gerstenforschung. Die Gerste drohte noch vor 40 Jahren von einem Virus ausgerottet zu werden, doch konnten Gerstenzüchter und Wissenschaftler aus Deutschland virusresistente Sorten entwickeln und dadurch den Anbau weiterhin ermöglichen (Ordon *et al.*, 2004; Stein *et al.*, 2005). Erklärtes Züchtungsziel laut BDP (Bundesverband Deutscher Pflanzenzüchter e. V., Bonn) ist die Züchtung

gesunder, leistungsfähiger Pflanzen, die auch unter veränderten Umweltbedingungen stabile Erträge erbringen können. Weitere Ziele sind die Verbesserung der Toleranz gegenüber abiotischen Stressfaktoren (Trockenheit, Hitze, Frost, Bodenversalzung, Nährstoffmangel, pH-Wert), die Steigerung der Resistenz gegen Schadorganismen sowie ein verbessertes Nährstoffaneignungsvermögen, das zur Reduzierung von Düngemiteleinsatz führt.

## 1.2 Klimawandel

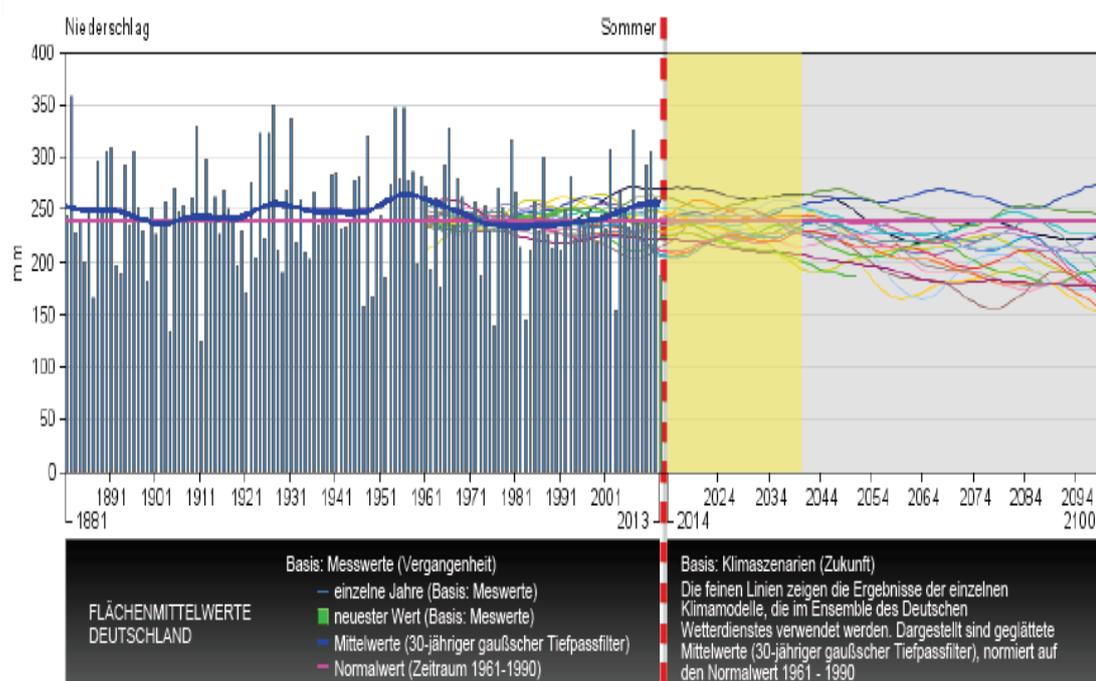
In den letzten Jahren zeigte sich eine leichte Klimaänderung in Deutschland und laut Prognosen muss in den nächsten Jahrzehnten mit einer Häufung von extremen Witterungsbedingungen, wie z. B. Starkregen und Hochwasser, gerechnet werden. Die Agrarproduktion ist diesen Wetterereignissen unmittelbar ausgesetzt (Deutscher Wetterdienst - DWD, 2014).

Die Anzahl der heißen Tage (Temperatur über 30° C) in Deutschland ist seit 1951 von 3 auf 8 Tage im Jahresmittel angestiegen (Abbildung 1.2) und inzwischen prognostizieren Klimamodelle einen weiteren Anstieg der Durchschnittstemperatur.



**Abbildung 1.2** Anzahl der heißen Tage (Höchsttemperatur über 30 °C) in Deutschland. Die Anzahl der heißen Tage ist seit 1951 von ca. 3 auf ca. 8 Tage im Mittel pro Jahr angestiegen (Deutscher Wetterdienst - DWD, 2014).

Während die Niederschlagssumme im Sommer in Deutschland jedoch gleichbleibend war im Mittel seit 1881, wird anhand verschiedener Klimamodelle ein Trend zur Abnahme der durchschnittlichen Niederschlagssumme in der Zukunft berechnet (Abbildung 1.3). Wobei die Prognosen kritisch betrachtet werden müssen, da die verschiedenen Klimamodelle teilweise nicht alle wichtigen Parameter berücksichtigen (Palmer, 2014).



**Abbildung 1.3** Niederschlagssumme im Sommer in Deutschland von 1881 bis 2013, Trendberechnungen verschiedener Klimamodelle bis 2100 (Deutscher Wetterdienst - DWD, 2014).

Mittel- und Nordeuropas Agrarwirtschaft könnte von diesen Umständen profitieren, da höhere Durchschnittstemperaturen die Agrarproduktion erhöhen könnten. Jedoch ist eine Anpassung der Kulturpflanzen an veränderte Klimabedingungen dafür Voraussetzung. Diese Aufgabe gestaltet sich schwierig, denn auch die klimatischen Extremwerte und nicht nur der saisonale Mittelwert entscheiden über die Erntemenge und –qualität. In den letzten 12 Jahren wurde in Deutschland allerdings noch kein Ertragsfortschritt bei Sommergerste festgestellt (Appel, 2011). Vor dem Hintergrund des Klimawandels wird die Entwicklung neuer, angepasster Kultursorten für die Zukunft von großer Bedeutung sein.

### 1.3 Sommergerste

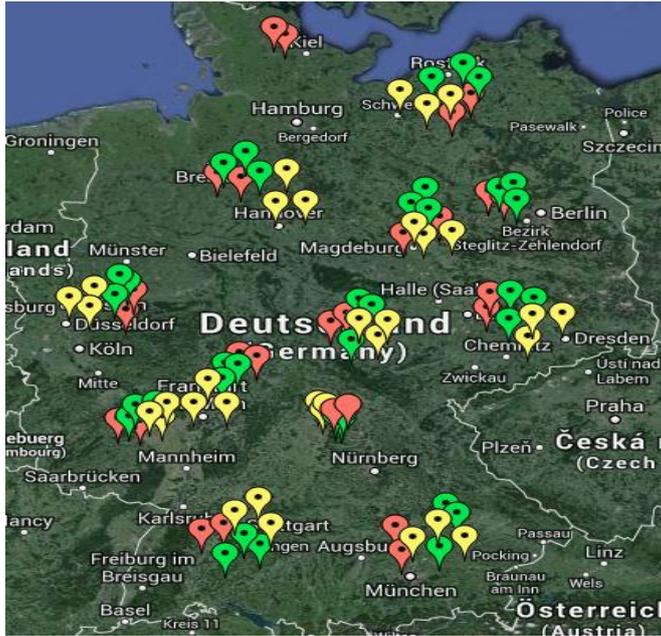
Die Kulturgerste (*Hordeum vulgare L.*) zählt mit zu den ältesten Kulturpflanzen der Welt. Innerhalb dieser Art werden mehrere Untergruppen unterschieden, von denen in Deutschland die mehrzeiligen Gersten (spp. *vulgare*) und die zweizeiligen Gersten (spp. *distochon*) angebaut werden. Sie werden der Familie der Süßgräser (Poaceae) zugeordnet (Sauermost und Freudig, 1999). *Hordeum vulgare* ist einjährig und kommt als Winter- oder Sommerform vor. Gerste ist tatsächlich das Getreide mit der weitesten geographischen Verbreitung. Sie wächst in Trockengebieten Vorderasiens, in Tibet in Höhen von über 4.000 Metern, in den Subtropen, in Europa und an der Polargrenze. Gerste verfügt über ein hohes genetisches Anpassungspotenzial, das für die Züchtung von stresstoleranten Sorten genutzt werden kann (von Bothmer *et al.*, 1995, S.53 ff).

Die Wintergerste wird überwiegend als Futtergerste (Tierfutter) verwendet. Die Sommergerste hingegen wird vorwiegend als Braugerste und seltener als Futter- bzw. Nahrungsmittel (z. B. Grütze, Graupen oder Mehl) verwendet.

Deutschland zählte im Jahr 2012, nach Russland und Frankreich, als drittgrößter Gerstenproduzent weltweit (FAOSTAT, 2014).

Die wichtigsten Anbauggebiete für Braugerste in Deutschland liegen in Niedersachsen, Rheinland-Pfalz, Nordrheinwestfalen, Bayern, Baden-Württemberg, Thüringen und Sachsen, aufgrund der besonders geeigneten Kulturverhältnisse für den Anbau zweizeiliger Sommergerste (Abbildung 1.4).

Auch für diese Gegenden waren früher bestimmte Sorten (Landrassen) typisch, die Gemische von biologisch recht verschiedenen Formen darstellten. Sie wiesen Unterschiede in Pflanzen- und Ährenwuchs und teilweise sogar in der Reife auf. Im Laufe der Jahrzehnte wurden diese Sorten durch Neuzüchtungen ersetzt, die heute für den Braugerstenanbau und den Markt bestimmend sind (Narziß und Back, 2012, S.7). Neben der Sorte ist demnach auch die Herkunft der Pflanze von Bedeutung, da die Eigenschaften einer Sorte ebenso durch Umwelteigenschaften wie Bodenbeschaffenheit, Nährstoffangebot oder Klima- und Witterungsverhältnisse beeinflusst werden (Hünting, 2007). Außerdem spielt die Witterung bei der Abreife und Ernte eine Rolle für die Keimungsfähigkeit und Qualität des Saatgutes.



**Abbildung 1.4**  
**Vegetationsreport:**  
 Sommergerste einschließlich  
 Braugerste 2012 (gelbe Marker),  
 2013 (grüne Marker) und 2014  
 (rote Marker). Grafik  
 übernommen aus  
[www.proplanta.de/web/  
 image/Bilder/  
 Saatenstandsbericht-Gerste  
 \\_Bild\\_idb1395992266\\_  
 1024.gif](http://www.proplanta.de/web/image/Bilder/Saatenstandsbericht-Gerste_Bild_idb1395992266_1024.gif)

Die hohe Blattbildungsrate, die schnelle Kornbildung und der relativ geringe Wasserbedarf ermöglichen es der Sommergerste, in kurzen Vegetationszeiten (100 – 112 Tage) und bei geringer Wasserverfügbarkeit gute Erträge zu realisieren. Eine geringe Wasserabgabe über die Blattflächen, verglichen mit anderen Getreidearten, erklärt den verringerten Wasserbedarf (Narziß und Back, 2012, S.11).

Die Braugerste bevorzugt aufgrund ihres schwachen Wurzelsystems lockere, kalk- und humushaltige, garefähige Lehm Böden mit mäßiger Feuchtigkeit. Abhängig von den Klimateigenschaften, kann aber auch die Bodenbeschaffenheit variieren. Ein Ersatz für Niederschläge kann daher auch ein schwerer Lehmboden mit guter Wasserhaltefähigkeit sein (Narziß und Back, 2012, S.12).

Laut Berliner-Programm der Braugerstengemeinschaft e.V. dominierten die Sorten *Quench*, *Marthe* und *Grace* den Sommergerstenanbau 2011, weitere empfohlene Gerstensorten waren *Sunshine* und *Propino*, bzw. *Braemar* als auslaufende Sorte (Braugerstengemeinschaft e.V., 2010; Verarbeitungsempfehlung).

## 1.4 Wasser- und Nährstoffmangel

Die Aufrechterhaltung des Turgordrucks, die Photosynthese und die Nährstoffaufnahme werden durch Wassermangel und den daraus entstehenden Trockenstress empfindlich gestört (Hilbricht und Bartels, 2003). Wasser- und Nährstoffmangel sind die Hauptfaktoren für limitiertes Pflanzenwachstum, Entwicklungshemmung oder das Absterben der Pflanze (Lynch, 1995), da die in den Zellen wichtigen metabolischen Reaktionen nicht mehr regelrecht stattfinden können.

Während der Evolution der Pflanzen wurden unterschiedliche Mechanismen von Resistenz gegen Trockenstress ausgebildet. Dabei werden 3 Formen unterschieden: Flucht, Vermeidung und Toleranz (Levitt, 1980). Die Fluchtstrategie wird als eine hohe Anpassungsfähigkeit der Pflanze in Bezug auf eine zeitlich angepasste kurze Vegetationsdauer beschrieben. Die Vermeidung und die Toleranz gehören zu den genetischen Strategien. Als Vermeidungsmechanismus versteht man z. B. ein verstärktes Wurzelwachstum und die dadurch verbesserte Wasseraufnahme, oder eine verringerte Transpiration über die Blätter. Unter Toleranz versteht man eine adaptive Reaktion auf eine Trockenstresssituation. Durch eine Veränderung des Stoffwechsels und der Genexpression kann der Turgordruck der Zellen bis zu einem gewissen Grad aufrecht erhalten werden (Bartels und Sunkar, 2005). Trockenstress tolerante Pflanzen können ihre Zellen durch die Synthese von Schutzproteinen vor den veränderten osmotischen Bedingungen schützen. Eine Kombination der verschiedenen Mechanismen zur Bewältigung von Trockenstress ist möglich, da Trockenstresstoleranz ein sehr komplexes Merkmal ist.

Die Einteilung der Pflanzennährstoffe erfolgt u. a. in Makro- und Mikronährstoffe (Spurenelemente), wobei Stickstoff und Phosphor zu den wichtigsten Makroelementen zählen. Stickstoff und Phosphor sind Baustoffe, sie sind wesentliche Faktoren für den Aufbau von Proteinen, Nukleinsäuren und Koenzymen. Nährstoffe aus der Bodenlösung, die direkt verfügbar für die Pflanzenwurzeln sind, können aktiv durch Diffusion oder passiv mit dem Wasserstrom (Massenfluss) an die Wurzeloberfläche gelangen. Der zur Diffusion benötigte Konzentrationsgradient

wird durch die aktive Nährstoffaufnahme der Wurzel geschaffen. Indem die Wurzel Nährstoffe aufnimmt, sorgt sie für eine Verarmung der Konzentration des Nährstoffes in der Wurzelumgebung. Somit können Nährstoffe aus entfernteren Regionen in Richtung der Verarmungszone diffundieren. Der Massenfluss ist für Nitrat der Haupttransportmechanismus, da es normalerweise in ausreichender hoher Konzentration im Boden enthalten ist. Trifft das aber nicht zu, tritt auch der Mechanismus der Diffusion in Kraft (Mengel, 1979, S.205 ff). Nitrat ( $\text{NO}_3^-$ ) kann von der Wurzel aufgenommen werden, wird im Boden nicht gebunden und kann daher schnell zur Wurzel gelangen. Ammonium ( $\text{NH}_4^+$ ) ist fest im Boden gebunden und kann daher erst nach Umwandlung in Nitrat zur Wurzel transportiert und aufgenommen werden (Yuan und Chen, 2012). Bei einem gemischten Angebot von beiden Formen, Nitrat und Ammonium, wird Ammonium (falls es direkt zur Wurzel gelangt) bevorzugt von der Wurzel aufgenommen (Gazzarrini *et al.*, 1999). Phosphat wird als Orthophosphat von der Wurzel aufgenommen. Es liegt in geringerer Konzentration im Boden vor und wird daher bevorzugt über Diffusion von der Wurzel aufgenommen. Dabei spielen die Diffusionsgegebenheiten des Bodens eine maßgebende Rolle.

Für beide Arten des Nährstofftransportes ist die Bodenfeuchte von großer Bedeutung und kann in Trockenperioden zu einer Nährstoffmangelerscheinung aufgrund eingeschränkter Nährstoffmobilität führen (Mengel, 1979, S.205 ff).

Die Nährstoffe zur Versorgung der Gerste müssen ausreichend und in leicht aufzunehmender Form vorliegen, da die Gerste ein zartes Wurzelsystem besitzt, das nicht allzu tief in den Boden eindringt. Da Gerste auch eine relativ kurze Vegetationszeit hat, müssen die Nährstoffe frühzeitig vorhanden sein.

## 1.5 Wurzelsystem und Wurzelarchitektur

Das Wachstum von Spross und Wurzel sind eng miteinander verbunden, ihre jeweilige Funktionalität verbindet sie zu einem ganzheitlichem System (Gregory, 2006, S. 5-7).

Daher wird das Pflanzenwachstum von unterschiedlichen Prozessen geregelt. Der Spross versorgt die Pflanze mit den aus der Photosynthese gebildeten Assimilaten. Zu den primären Funktionen des Wurzelsystems gehören die Versorgung der Pflanze mit Wasser und Nährstoffen aus dem Boden sowie die Verankerung der Pflanze im Untergrund. Als sekundäre Funktionen des Wurzelsystems werden u. a. die Nutzung als Speicherorgan für Reservestoffe und die Synthese von Wachstumsregulatoren beschrieben (Osmont *et al.*, 2007). Diese Prozesse interagieren, indem die Kohlendioxid Assimilation essentiell für das Wurzelwachstum ist und die Nährstoffaufnahme der Wurzel das Wachstum des Sprosses sichert.

Die Wurzelarchitektur hat demnach besonders auf die primären Wurzelfunktionen Einfluss und ist somit ein wichtiger Faktor für die Entwicklung, das Wachstum und die Produktivität einer Pflanze (De Smet *et al.*, 2012).

Doch, was versteht man unter dem Begriff Wurzelarchitektur?

Die Bezeichnung "Wurzelarchitektur" wird in verschiedenem Kontext verwendet, um die Gestalt eines Wurzelsystems zu beschreiben.

Grundsätzlich versteht man darunter die räumliche, dreidimensionale Ausbreitung im Boden und die damit quantitativ messbaren dazugehörigen Parameter (z. B. Umfang oder Volumen des Wurzelsystems, Tiefe bzw. Breite des Wurzelsystem u.v.m.). Die Beschreibung der Wurzelarchitektur ist daher sehr komplex. Für gewöhnlich werden feine Details der Struktur, wie z. B. Wurzelhaare, nicht als Komponente der Wurzelarchitektur mit einbezogen.

Im weiteren Sinne stehen folgende Begriffe in Verbindung mit der Bezeichnung Wurzelarchitektur (Lynch, 1995):

- Wurzelmorphologie
- Wurzeltopologie
- Wurzelverteilung

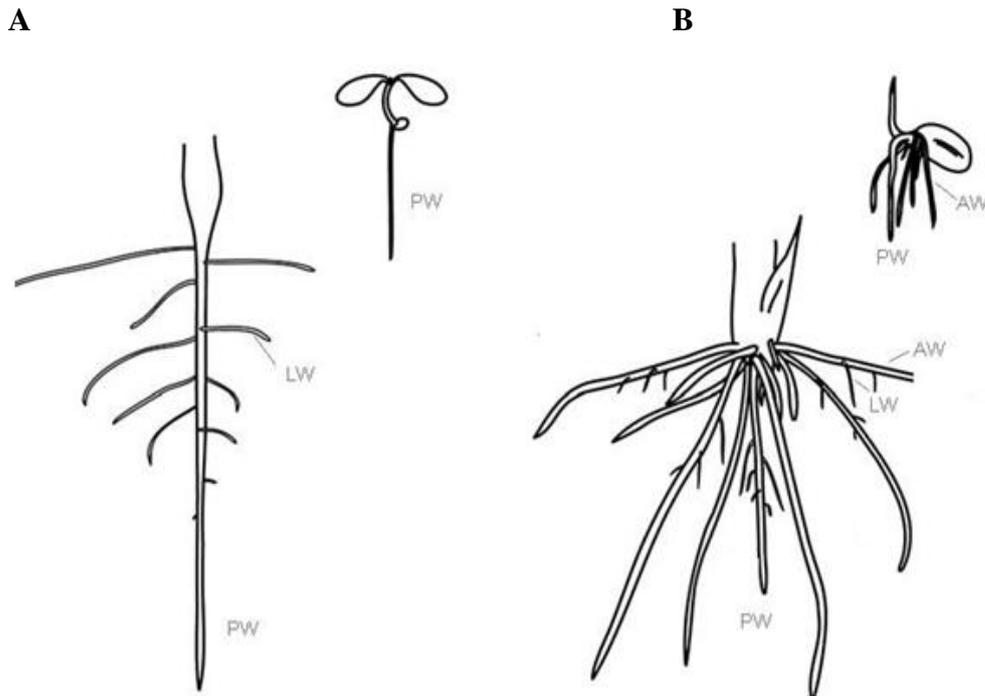
Die Wurzelmorphologie beschreibt die charakteristischen Oberflächenmerkmale der einzelnen Wurzel, z. B. die Beschaffenheit der Wurzelspitze, die Wurzelhaarausbildung oder die Bildung von Tochterwurzeln. Unter Wurzeltopologie versteht man die Erläuterung der Verzweigungsstruktur der Wurzeln untereinander. Die Topologie einer Wurzel ist stabil und kann auch an geernteten Wurzeln überprüft werden. Die Bezeichnung Wurzelverteilung bezieht sich auf den Positionsverlauf der Wurzelnetzwerkkomponenten innerhalb eines vorgegebenen Raums. Typischerweise werden hierbei z. B. Messungen der Wurzelmasse in Abhängigkeit von verschiedenen Faktoren wie Bodentiefe oder Nähe zur Nachbarpflanze berechnet (Lynch, 1995).

In der Literatur ist die Einteilung der Wurzelarchitektur von Angiospermen in zwei Hauptgruppen akzeptiert. Die erste Gruppe besteht aus der Wurzelarchitektur der Dikotyledonen mit einem allorizhem Wurzelsystem (Abb. 1.5 A), das im wesentlichen aus einer Hauptwurzel und ihren Nebenwurzeln besteht. Die zweite Gruppe bildet das homorhize Wurzelsystem (Abb. 1.5 B) der Monokotyledonen, welches durch die Entwicklung vieler gleichwertiger Wurzeln gekennzeichnet ist (Osmot *et al.*, 2007).

Generell werden Wurzeln in drei Typen unterteilt, in

- die primären Wurzeln und in
- die sekundären Wurzeln, welche als Lateral- und Adventivwurzeln

auftreten (Fitter, 1987; Nabors, 2007).



**Abbildung 1.5** (A) Schematische Darstellung der allorhizen Wurzelarchitektur einer Dicotyledonen (veranschaulicht an einem 5- und 12-tägigem Keimling von *Arabidopsis*). (B) Schematische Darstellung einer typischen homorhizen Wurzelarchitektur einer Monokotyledonen (veranschaulicht an einem 7- und 14-tägigem Keimling von Reis). Keine Darstellung von Wurzelhaaren. PW: Primärwurzel, LW: Lateralwurzel, AW: Adventivwurzel (Darstellung aus Osmont *et al.*, 2007).

Die unterschiedliche Verwendung der Bezeichnungen im Bereich der Wurzelforschung führt immer wieder zu Problemen beim Vergleich von Studien. Aufgrund der Notwendigkeit zur Verbesserung der Kommunikation und zur Vereinheitlichung der Terminologie (Troll, 1949; Fitter, 1987; Gregory, 2006; De Smet *et al.*, 2012) innerhalb des Fachgebietes zur Erforschung der Wurzel nahm die Internationale Gemeinschaft für Wurzelforschung (International Society for Root Research, ISRR, [www.rootresearch.org](http://www.rootresearch.org)) auf ihrem 5. Symposium im Juni 1996 dies zum Anlass, eine Arbeitsgruppe zur Etablierung eines Standards zur Nomenklatur in der Wurzelforschung zu bilden. In Zobel und Waisel (2010) wird dies genau erörtert, wobei z. B. die Systematik zur Einteilung der Wurzelmorphologie diskutiert wird. Die Entwicklung der Wurzelarchitektur ist genetisch gesteuert und vorbestimmt, trotzdem reagiert das Wurzelsystem einer Pflanze auch auf die gegebenen Umweltbedingungen (Hodge *et al.*, 2009). Die Wurzelarchitektur kann zwischen

Pflanzenarten sehr stark variieren, doch auch innerhalb einer Art bzw. Sorte gibt es oft Schwankungen (Lynch, 1995; Gregory, 2006, S.21 ff).

## **1.6 Methoden zur Untersuchung der Wurzelarchitektur**

Bis zur Mitte des 19. Jahrhunderts wurde das Wurzelsystem von Pflanzen als die versteckte Hälfte (engl. "the hidden half") bezeichnet (Waisel *et al.*, 2002).

Untersuchungen der Wurzelarchitektur wurden bis dahin auf traditionelle Weise vorgenommen (Crider, 1955; Troughton, 1956; Foth, 1962), d.h. vorrangig mithilfe destruktiver Verfahren, wobei das ausgewaschene Wurzelsystem manuell vermessen wurde. Das Auswaschen der Wurzel ist sehr zeitaufwändig und häufig wird die Wurzel dabei zerstört bzw. gehen feine Wurzelfragmente dabei verloren, was häufig zu einer Verfälschung der Messergebnisse führt (Pierret *et al.*, 2003). In Böhm (1979) und in Schuurman und Goedewaagen (1971) werden die bis dahin gängigen Methoden und Techniken zur Anzucht und Untersuchung des Wurzelsystems ausgiebig geschildert. Methodische Schwierigkeiten stellten jedoch eine große Herausforderung dar (Schuurman und Goedewaagen, 1971; Livesley *et al.*, 1999).

Die erste Anwendung einer nicht-destruktiven Methode führte Bates (1937) durch. Er entwickelte eine Beobachtungsröhre aus Glas, die neben der Pflanze in den Boden eingegraben wurde. Mithilfe von Spiegeln und einer Lichtquelle konnte das Wurzelwachstum in der Erde entlang der Oberfläche der Glasröhre (engl. minirhizotron) beobachtet werden. Die Untersuchung von Wurzelmaterial, welches in transparenten Wurzelkästen (engl. rhizotrons) angezogen wird, ermöglichte zusätzlich die *in situ* Untersuchung des Wurzelsystems (Böhm, 1979). Manuelle Messungen, z. B. von Wurzellänge, Wurzeldichte und Wurzeldurchmesser an der transparenten Oberfläche der Wurzelkästen findet man in diversen Studien (Taylor *et al.*, 1970; Shaver und Billings, 1975). Eines der größten Wurzelbeobachtungslabore, als begehrter Wurzelkasten entwickelt, wurde 1969 in Auburn, Alabama (Taylor, 1969) zur Untersuchung der Wurzeln von einjährigen Pflanzen in Betrieb genommen. Laut Pan *et al.* (1998) beliefen sich die Kosten schon damals auf über 100 000 US Dollar.

In den 1980'ern wurden ferngesteuerte Kameras bzw. Videokameras zur Aufnahme des Wurzelwachstums und der -dynamik in Wurzelkästen verwendet (Upchurch und Ritchie, 1984; Box und Johnson, 1986). Trotz der hohen Anschaffungskosten von ca. 21 000 US Dollar betonten Upchurch und Ritchie (1984) die Vorteile des Systems. Erste Bildverarbeitungsprogramme zur computergestützten Auswertung des gewonnenen Bildmaterials fanden ihren Einsatz (Smucker *et al.*, 1987).

Auch heute ist die methodische Problematik noch aktuell, die Erforschung des Wurzelsystems *in situ* ist nach wie vor eine schwierige Aufgabe. Jedoch gab es innerhalb der letzten 25 Jahre eine rasante Entwicklung neuer Verfahren und Methoden zur Untersuchung des Wurzelsystems von Pflanzen. Dies liegt einerseits an der Entwicklung neuer bildgebender Verfahren und präziser Bildverarbeitungstechniken, sowie an den schnell fortschreitenden Möglichkeiten in der elektronischen Datenverarbeitung.

Mitte der 90er Jahre gab die Einführung der Flachbettscanner-Technik einen neuen Impuls in der Wurzelforschung. Außerdem ermöglichte die Entwicklung leistungsfähiger Bildverarbeitungssoftware, z. B. ImageJ (open source, <http://rsb.info.nih.gov/ij/>), Delta-T Scan (Delta-T Devices Ltd.), ROOTEDGE (Kaspar und Ewing, 1997) oder WinRIZHO (Regent Instrument Inc.), eine Vereinfachung bei der Berechnung von Wurzelparameter. Anfänglich beschränkte sich die Auswertung auf wenige Wurzelparameter, z. B. den Wurzeldurchmesser oder die gesamte Wurzellänge (Kirchhof, 1992; Smit *et al.*, 1994; Tanaka *et al.*, 1995). So wurde z. B. in Pan *et al.* (1998) das Wurzelwachstum von Kartoffeln in erdgefüllten Glaswurzelkästen mithilfe eines tragbaren Farbscanners untersucht. Die Ergebnisse wurden mit manuellen Messungen aus älteren Studien verglichen, wobei gute Übereinstimmungen gefunden wurden. Zusätzlich wurde belegt, dass durch den Einsatz eines Farbscanners die Wurzelkomponenten besser vom Hintergrund abgegrenzt werden.

Weiterhin folgten Studien, in welchen die verschiedenen Methoden und Ergebnisse verglichen wurden (Jackson *et al.*, 1996; Bouma *et al.*, 2000; Himmelbauer *et al.*, 2004). Bouma *et al.* (2000) forderte folglich ein standardisiertes Protokoll, um die Fehlerquote bei Verwendung digitalisierter Wurzelbilder zu vermindern. Die Grundeinstellungen des Scanners (z. B. die Auflösung) und die verwendeten

Methoden innerhalb des Bildverarbeitungsprogrammes (z. B. Schwellwertbildung) führten u. a. zu unpräzisen Ergebnissen. Obwohl die Entwicklung der Technik weit fortgeschritten war, ergab eine von Bouma *et al.* (2000) durchgeführte Überprüfung von 64 Publikationen über Studien zur Wurzellänge aus den Jahren 1991 bis 1997, dass in 64 % der Studien die Messungen noch manuell erfolgten.

Innerhalb der letzten 15 Jahre etablierten sich auch in der Pflanzenwurzelforschung die ursprünglich für die Humanmedizin entwickelten nicht-destruktiven, bildgebenden Verfahren zur 3D- und 2D-Analyse. CT (Computer-Tomographie), MRT (Magnetresonanz-Tomographie) und Laserscanner wurden zunehmend zur *in situ* Bildgewinnung von Wurzeln in Erde eingesetzt, wobei der 3D-Laserscanner auch bei Wurzelwachstum in transparenten Medien verwendet wurde (Fang *et al.*, 2009). Studien zur Auswertung des Wurzelsystems mit MRT (Schulz *et al.*, 2012; Jahnke *et al.*, 2009) und CT (Flavel *et al.*, 2012; Perret *et al.*, 2007) zeigten gute Ergebnisse. Doch auch diese Methoden finden nur limitiert Einsatz aufgrund der relativ hohen Kosten. Weitere Erläuterungen des Anwendungsspektrums und der Vor- und Nachteile dieser Methoden werden ausgiebig in Smit *et al.* (2000) beschrieben.

Ein weiterer neuer Ansatz war die Entwicklung von spezifischer Bildverarbeitungs-Software um Digitalbilder von Wurzeln in transparentem Medium zu analysieren. Dabei wird zwischen Anwendungen zur kinematischen (z. B. KineRoot, RootTrace) oder morphometrischen (z. B. RootReader, GiA Roots) Auswertung der Daten unterschieden. Eine speziell für Pflanzenphänotypisierungs-Software entwickelte Datendank (Lobet *et al.*, 2013) erleichtert die Suche nach der anwendungsspezifischen Softwarelösung. Im Moment bietet GiA Roots 2D (Galkovsky *et al.*, 2012), als einzige nicht kommerzielle Software eine Hochdurchsatz-Methode für 2D-Bilderserien mit der umfangreichen Messung von 19 verschiedenen Wurzelparametern.

RootReader2D (<http://www.plantmineralnutrition.net/rootreader.htm>) bietet ähnliche, aber nicht so umfangreiche Parameterberechnungen und ist nicht speziell für die Hochdurchsatz-Bearbeitung von Bilderserien ausgerichtet. Für beide Anwendungen werden im Moment 3D-Versionen entwickelt, diese sind bisher aber noch nicht für die Öffentlichkeit zugänglich.

## 1.7 Zielsetzung der Arbeit

Das Projekt, aus dem diese Arbeit resultiert, war ein Teilprojekt des Verbundvorhabens "Phenomics, Transcriptomics und Genomics – ein integrierter Ansatz zur Effizienzsteigerung in der Selektion trockenstresstoleranter Gerste", gefördert von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE), dem Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL), der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP) und sechs deutschen Züchtungsunternehmen.

Aufgrund von fehlenden Untersuchungsmethoden gab es bisher kaum systematische Untersuchungen der Wurzelarchitektur von Gerste. Obwohl ein robustes, leistungs- und anpassungsfähiges Wurzelsystem einen wesentlichen Beitrag zur Stabilität hoher Ernteerträge verspricht, wurde die Wurzel in Bezug auf Züchtung weitestgehend vernachlässigt.

Die in dieser Arbeit verwendete nicht-invasive, innovative Methode zur Beschreibung der Wurzelarchitektur mit 19 verschiedenen Wurzelparametern wurde in Kooperation mehrerer Arbeitsgruppen an der Duke Universität, Durham, USA (Galkovskyi *et al.*, 2012) entwickelt. Nach Überprüfung der Anwendbarkeit der Methodik auf Gerstenwurzeln wurde das System hier vor Ort etabliert und erstmalig zur 2D-Analyse der Wurzelarchitektur juveniler Gerste verwendet.

In dieser Arbeit wurde ein ausgewähltes Gerstenset, bestehend aus 6 deutschen Sommergersten (*Hordeum vulgare*, L. cv. *Wisa*, *LfL24727*, *Barke*, *Grace*, *Braemar*, *Tatum*) verwendet. Die Ausbildung des Wurzelsystems kann zwischen den Sorten sehr unterschiedlich sein. Um dies zu überprüfen wurde das Gerstenset unter Kontrollbedingungen angezogen und die Wurzelparameter berechnet und verglichen. Ungünstige Umweltbedingungen erhöhen den abiotischen Stress auf Pflanzen. So bedingt eine zu geringe Wasserversorgung auch die verminderte Nährstoffversorgung der Pflanze, was sich negativ auf die Entwicklung der Pflanze auswirkt. Um die Reaktion der verschiedenen Gerstensorten auf osmotischen Stress und Nitrat- bzw. Phosphatmangel zu überprüfen, wurde die Wurzelarchitektur unter diesen Stressbedingungen untersucht.

Die Ergebnisse aus diesen Analysen sollen den Züchtern Informationen über die phänotypischen Eigenschaften der Wurzeln der einzelnen Sorten geben. Aus den Eigenschaften der jeweiligen Sorten kann man erste Rückschlüsse ziehen, die es erlauben, die Robustheit der Sorten im juvenilen Stadium zu klassifizieren und somit Erkenntnisse bzgl. der Trockenstresstoleranz zu erhalten.

Weiterhin sollen die Daten verwendet werden, um im Anschluss an diese Arbeit eine 3D-Analyse der Wurzelarchitektur mit GiA Roots 3D (verfügbar im Rahmen des Projektes als Test-Version seit Anfang 2014) durchzuführen.

## **2. Material und Methoden**

### **2.1 Material**

#### **2.1.1 Chemikalien und Nährmedien**

Die in dieser Arbeit verwendeten Chemikalien in p. a. (pro analysi) Qualität, Pflanzennährmedien und deren Komponenten wurden von folgenden Unternehmen bezogen:

- Carl Roth GmbH & Co. KG, Karlsruhe, Deutschland
- Duchefa Biochemie, Harlem, Niederlande
- Life Technologies, Darmstadt, Deutschland
- Sigma-Aldrich Chemie GmbH, Steinheim, Deutschland

#### **2.1.2 Pflanzennährmedien**

##### **2.1.2.1 Nährmedium zur Keimung**

Zur Herstellung von Nährmedium werden 5 g/l Pepton, 3 g/l Fleischextrakt und 8 g/l Select-Agar mit dH<sub>2</sub>O (demineralisiertes Wasser) auf 1 Liter aufgefüllt (Götz *et al.*, 2007).

##### **2.1.2.2 Vitaminlösung**

Die Vitaminlösung wird als Zusatz für die folgenden Pflanzennährmedien bereitet. Um 100 ml Vitaminlösung herzustellen, verwendet man 2 mg/ml Glycin, 0,5 mg/ml Niacin, 0,5 mg/ml Pyridoxin-HCl und 0,1 mg/ml Thiamin-HCl. Die Substanzen werden in dH<sub>2</sub>O gelöst und auf 100 ml mit dH<sub>2</sub>O aufgefüllt, anschließend wird die Lösung steril filtriert (Filtropur S 0.2, Sarstedt, Nümbrecht, Deutschland) und bei 4° Celsius gelagert.

##### **2.1.2.3 MS (Murashige und Skoog) -Medium**

Das von der Firma Duchefa Biochemie bezogene MS-Medium (Murashige und Skoog, 1962) wurde 1:1 als Pflanzennährmedium in den Vorversuchen verwendet. Für das Ansetzen von einem Liter MS-Medium werden 4,6 g/l MS-Salz und 1 ml/l

Vitaminlösung in dH<sub>2</sub>O gelöst und aufgefüllt. Der pH-Wert wird überprüft und, falls nötig, mit 0,1 M NaOH auf einen Wert von 5,8 eingestellt. Anschließend wird das Nährmedium mit 8 g/l Select-Agar (Vorversuche Keimung) bzw. mit 1,5 g/l Gelzan (Anzucht im axenischen System) geliert und autoklaviert.

#### 2.1.2.4 Herstellung von modifizierten MS-Medien

Zur Herstellung von modifizierten MS-Nährmedien mit Nährstoffmangel (geringe Phosphat- bzw. Nitratkonzentration) für die Kontrolle und für die PEG (Polyethylenglycol 8000) -Behandlung wurden folgende Mikro- und Makroelement-Stammlösungen hergestellt:

**Tabelle 2.1** Zusammensetzung der Mikroelement-Stammlösung

Reagenz	Zusammensetzung	Endkonzentration
	[mg/l]	[µM]
<b>CoCl<sub>2</sub> x6H<sub>2</sub>O</b>	2,5	11
<b>CuSO<sub>4</sub>x5H<sub>2</sub>O</b>	2,5	10
<b>FeNaEDTA</b>	3670	10000
<b>H<sub>3</sub>BO<sub>3</sub></b>	620	10027
<b>KI</b>	83	500
<b>MnSO<sub>4</sub>xH<sub>2</sub>O</b>	1690	10000
<b>Na<sub>2</sub>MoO<sub>4</sub>x4H<sub>2</sub>O</b>	25	103
<b>ZnSO<sub>4</sub>x7H<sub>2</sub>O</b>	860	2991

Die einzelnen Komponenten werden separat in dH<sub>2</sub>O gelöst, anschließend gemischt und auf 1 l mit dH<sub>2</sub>O aufgefüllt.

**Tabelle 2.2** Zusammensetzung der Makroelement-Stammlösungen

Reagenz	Zusammensetzung		
	Stammlösung 1 Kontrolle und PEG [mg/l; mM]	Stammlösung 2 Phosphatmangel [mg/l; mM]	Stammlösung 3 Nitratmangel [mg/l; mM]
CaCl <sub>2</sub>	33,20; 299	33,20; 299	33,20; 299
KH <sub>2</sub> PO <sub>4</sub>	17,00; 125	2,72; 20	17,00; 125
KNO <sub>3</sub>	190,00; 1879	190,00; 1879	-
KCl	-	-	140,10; 1879
MgSO <sub>4</sub>	18,05; 150	18,05; 150	18,05; 150
NH <sub>4</sub> NO <sub>3</sub>	165,00; 2061	165,00; 2061	0,80; 10

Die einzelnen Komponenten der entsprechenden Makroelement-Stammlösungen werden separat in dH<sub>2</sub>O gelöst, anschließend gemischt und auf 1 l mit dH<sub>2</sub>O aufgefüllt. Stammlösung 1 wurde für die Kontrolle und die PEG-Behandlung verwendet, Stammlösung 2 indizierte Phosphatmangel und Stammlösung 3 indizierte Nitratmangel.

Zur Herstellung von 1 l modifiziertem MS-Medium werden jeweils 10 ml Mikroelement-Stammlösung und 10 ml der entsprechenden Makroelement-Stammlösung mit 1 ml Vitaminlösung gemischt und in 800 ml dH<sub>2</sub>O gelöst.

Für die PEG-Behandlung wird zusätzlich 50 g/l PEG zugefügt.

Falls nötig, erfolgt eine Einstellung des pH-Wertes auf 5,8 mit 0,1 M NaOH bzw. 0,1 M HCl, anschließend wird 0.15 % (w/v) Gelzan zugefügt und das Volumen auf 1 l mit dH<sub>2</sub>O aufgefüllt und autoklaviert.

### **2.1.2.5 Sterilisationsbedingungen**

Alle verwendeten Nährmedien wurden unter folgenden Sterilisationsbedingungen autoklaviert:

- 20 min (für Volumen < 1 Liter) bzw. 40 min (für Volumen > 1 Liter)
- 121 °C
- 2 atm

### **2.1.3 Zusätzliche Chemikalien**

Untenstehende Chemikalien wurden in dieser Arbeit verwendet:

- Ethanol (70%, (v/v))
- Polyethylenglycol 8000 (PEG)
- Tween 20
- Gelzan (Sigma-Aldrich Chemie GmbH, Steinheim, Deutschland)
- NaOH (0,1 M)
- HCl (0,1 M)
- 35 % H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>
- NaOCl (10-12 % aktives Chlor)

### **2.1.4 Geräte**

- Aluminium-Profil mit fixiertem Acryl-Wassertank (hergestellt in der Feinmechanik-Werkstatt des Physikalischen Instituts der Universität Bonn, Kontakt: [christen@physik.uni-bonn.de](mailto:christen@physik.uni-bonn.de))
- ungraduierte Glaszylinder aus Borosilicat (<http://www.thgeyer.de>)
- Digitalkamera (Canon EOS 550D)
- elektronischer Drehtisch (PhotoCapture 360)
- Laptop (ACER Aspire 5942G)
- LED Licht-Panel mit 1488 LEDs und einem Lichtstrom von 4000 lm (<http://www.led-lights24.de>)
- Waage (BP 61 S, Sartorius, Göttingen, Deutschland)
- pH-Meter (inoLab, WTW GmbH, Weilheim, Deutschland)

- Sterilbank (Laminar-Flow ASWW 3072, Bleyemehl Reinraumtechnik GmbH, Inden, Deutschland)

### 2.1.5 Software

- GiARoots beta Version  
(<http://www.rootnet.biology.gatech.edu/giaroots/download/signup.php>)
- ImageJ (<http://rsbweb.nih.gov/ij/download.html>)
- Instat+ for Windows 3.36 ([http://www.reading.ac.uk/ssc/n/n\\_instat.htm](http://www.reading.ac.uk/ssc/n/n_instat.htm))
- IrfanView, Version 4.30 (<http://www.irfanview.com>)
- Microsoft Office 2007
- PackshotSpin SLR Volume 2.4 (Packshot Creator)
- R 2.14.1 (<http://www.r-project.org/>)
- Tinn - R, Version 2.3.7.1 (<http://www.sciviews.org/Tinn-R>)

### 2.1.6 Pflanzenmaterial

In dieser Arbeit wurde eine Auswahl von 6 Sommergerstensorten (*Hordeum vulgare*, *L.cv. Wisa*, *LfL24727*, *Barke*, *Grace*, *Braemar*, *Tatum*) verwendet (Tabelle 2.3). Die Auswahl erfolgte aus einem von den am Projekt „Phenomics, Transcriptomics und Genomics - ein integrierter Ansatz zur Effizienzsteigerung in der Selektion trockenstressrelevanter Gerste“ teilnehmenden Züchtern bereitgestellten Sortiment von 24 Sommergersten. Das Auswahlkriterium der Sorten war der relative Kornertragsverlust. Dieser wurde von den Projektpartnern (INRES, Universität Bonn, Alexandra Bothe; unveröffentlichtes Material) im Sommer 2011 aus den Kornerträgen der Gerste aus Trockenstressversuchen im Topf berechnet (Anhang 5.1, Tabelle 5.1). Dabei wurden für diese Arbeit jeweils Gerstensorten mit ausgeprägtem Ertragsverlust und mit gesteigertem Kornertrag aus den Trockenstressversuchen im Vergleich mit den Kontrollen ausgewählt. Im Anhang befindet sich zusätzlich die vollständige Liste der Gerstensorten und Züchter

(Anhang 5.1, Tabelle 5.2). Die ungebeizten Samen stammen aus der Ernte 2011 und wurden bei 4° C in einem Kühlraum gelagert.

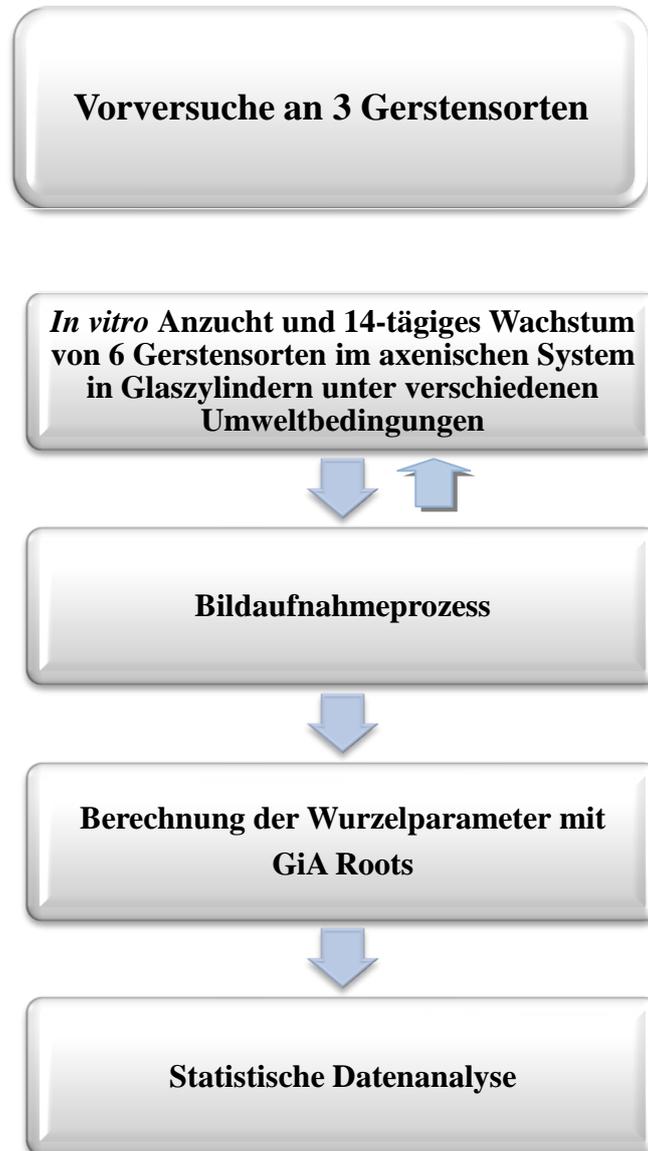
Bei den in dieser Arbeit verwendeten Gerstensorten handelt es sich ausschließlich um deutsche Sommergerste, die als Braugerste weiterverarbeitet wird.

**Tabelle 2.3** Liste der verwendeten Sommergerstensorten mit Züchter

Nr. der Sorte	Gerstensorte	Züchter
1	Wisa	BREU Saatzucht Josef Breun, Herzogenaurach, Deutschland
2	LfL24727	LFLB Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Freising, Deutschland
3	Barke	BREU
4	Grace	ACKE Ackermann Saatzucht GmbH & Co. KG, Irlbach, Deutschland
5	Braemar	SYNG Syngenta Agro, Bad Salzuflen, Deutschland
6	Tatum	NORD Nordsaat Saatzuchtgesellschaft mbH, Langenstein, Deutschland

## 2.2 Methoden

In der vorliegenden Arbeit erfolgte die Vorgehensweise wie in Abbildung 2.1 dargestellt.



**Abbildung 2.1** Kurzdarstellung der Vorgehensweise

In den Vorversuchen wurden Keimungsversuche unter verschiedenen Bedingungen durchgeführt. Das Ziel war die Optimierung der Voraussetzungen für die *in vitro* Pflanzenkultur von Gerstenkeimlingen in einem axenischen System in

Glaszylindern. Zusätzlich erfolgten Experimente mit unterschiedlichen PEG-Konzentrationen im Nährmedium.

Hierbei sollte die minimal mögliche Konzentration von PEG ermittelt werden, wobei

a) die Gerstenwurzel noch Stressreaktionen zeigt, und

b) das Nährmedium transparent genug zur Gewinnung qualitativ hochwertiger Bildaufnahmen ist, da PEG die Eigenschaft hat, Flüssigkeiten einzutrüben.

Eine erste Testserie fand an 3 Gerstensorten (*Hordeum vulgare*, L. cv. *Barke*, *Grace*, *Braemar*) statt.

Nach der Optimierung der in den Vorversuchen ermittelten Voraussetzungen wurde das aus 6 Sorten bestehende Gerstenset (Tabelle 2.3), wie im Methodenkreislauf (Abbildung 2.1) beschrieben, zur Analyse der Wurzelarchitektur verwendet.

### **2.2.1 *In vitro* Anzucht von Gerste**

Für die Anzucht von Gerstenkeimlingen in einem axenischen System wurden die oberflächensterilisierten Samen auf Agarplatten vorgekeimt. Nach 2 Tagen Vorkeimung erfolgt die Umsetzung der sterilen Keimlinge in die Glaszylinder zum 14-tägigen Wachstum. Alle dafür notwendigen Arbeitsschritte fanden unter einer Sterilbank statt.

#### **2.2.1.1 Vorversuche an 3 Gerstensorten**

Das Saatgut der Gerste kann während der Entwicklung, Ernte und Lagerung mit verschiedenen Mikroorganismen infiziert werden. Die Besiedelung der Oberfläche der Samen, aber auch ein Eindringen in und unter die Aleuronschicht ist möglich (Ramakrishna *et al.*, 1991). Die Beseitigung dieser Kontaminationen stellt eine große Herausforderung dar.

In Shen (2013) wurden verschiedene Versuche zur Oberflächensterilisation von Gerstensamen mit anschließender Vorkeimung durchgeführt. Mithilfe des Vergleiches von Überlebens-, Keimungs- und Kontaminationsraten wurde die erfolgreichste Methode bestimmt. Das Protokoll dieser Methode wurde für die Vorversuche übernommen.

#### **2.2.1.1.1 Oberflächensterilisation der Samen und Vorkeimungsbedingungen**

Zur Lockerung der Deckspelze werden jeweils 2 bis 3 Samen in sterilem, demineralisiertem Wasser (SDW) für 5 Minuten (min) aufgeweicht. Danach wird die Deckspelze vorsichtig mit einem Skalpell entfernt, wobei der Embryo nicht verletzt werden darf. Die entspelzten Samen werden in einem 50 ml Falconröhrchen aufbewahrt. Für 20-30 entspelzte Samen wird das Falconröhrchen mit 35-40 ml 35% H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> befüllt und für 10 min auf einer Rotationsplattform behutsam geschwenkt. Nach Abgießen des H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> werden die Samen 5-mal mit SDW gespült. Anschließend werden je 5-6 Samen auf MS-Agarplatten, mit dem Embryo nach oben gerichtet, gelegt und mit Parafilm verschlossen.

Die Agarplatten werden nun für 2 bis 3 Tage im Dunkeln bei 22°C +/- 2°C zur Vorkeimung gelagert.

Zur Ermittlung der Überlebens-, Keimungs- und Kontaminationsraten wurden 4 Wiederholungen mit jeweils 20 Samen pro Sorte angesetzt und nach 2 bzw. 3 Tagen ausgewertet.

Zur Überprüfung der Keimfähigkeit des Saatgutes der 3 Gerstensorten wurde zusätzlich ein Keimungstest an unbehandelten Samen auf wassergetränktem Filterpapier unter oben beschriebenen Vorkeimungsbedingungen durchgeführt.

#### **2.2.1.1.2 Bestimmung der optimalen PEG-Konzentration**

Um die Reaktion der Gerstenwurzeln auf Trockenstress zu untersuchen, wurde PEG als Osmotikum eingesetzt (Biswas *et al.*, 2002; Ueda *et al.*, 2004). PEG wirkt als hochmolekulares Osmotikum, das nahezu nicht in die Zellen der Wurzeln eindringen kann. PEG induziert Trockenstress im Nährmedium, indem es das Wasserpotenzial des Mediums herabsetzt und so ein an Wasser limitiertes Milieu schafft.

Die morphologische Reaktion der Wurzel und das Maß der Eintrübung des Nährmediums wurden visuell an 5 verschiedenen PEG-Konzentrationen (2,5%, 5%, 7,5%, 10% und 20% (w/v)) im MS-Medium überprüft.

Hierzu wurden die sterilen, vorgekeimten Samen (Kapitel 2.2.1.1.1) in Glaszylinder umgesetzt, die unter sterilen Bedingungen mit jeweils 500 ml MS-Medium als

Kontrolle, bzw. 500 ml MS-Medium mit unterschiedlicher PEG-Konzentration gefüllt und mit Alufolie verschlossen wurden. Die Lagerung der Glaszylinder erfolgte für 10 Tage in einer kontrollierten Klimakammer mit einem Tag/Nacht Zyklus von 16/8 h, 22 °C Tages- bzw. 20 °C Nachttemperatur und einer durchschnittlichen Lichtintensität von  $160 \mu\text{E m}^{-2} \text{s}^{-1}$ .

#### **2.2.1.1.3 Testserie zur Bestimmung der Wurzelarchitektur von 3 Gerstensorten**

Um das Wurzelwachstum und die Wachstumsbedingungen im axenischen System zu beobachten erfolgte eine erste Testserie an 3 Gerstensorten.

Je ein steriler (Abschnitt 2.2.1.1.1) Keimling wurde in den Mittelpunkt der 2 l Glaszylinder unter sterilen Bedingungen umgesetzt und die Zylinder mit Folie verschlossen. Das Umpflanzen muss sehr behutsam erledigt werden, da die feinen Wurzeln sonst verletzt werden könnten. Nach 2 Tagen Vorkeimung ist dafür der geeignetste Zeitpunkt. Die Koleoptile hat etwa eine Länge von 1 cm erreicht und die primären Wurzeln sind zwischen 0,5 cm und 1,5 cm lang. Falls die Wurzeln länger sind, besteht die Gefahr der Verletzung der Wurzel. Bedingt durch die Oberflächenspannung des Mediums können die Wurzeln dann schneller knicken und verletzt werden.

Pro Sorte wurden 4 Individuen im MS-Kontrollmedium und ein Individuum im PEG-Medium (5% PEG (w/v)) angezogen, die Versuche wurden 5-mal wiederholt.

Die Lagerung der Glaszylinder erfolgte jeweils für 14 Tage in einer kontrollierten Klimakammer mit einem Tag/Nacht Zyklus von 16/8 h, 22 °C Tages- bzw. 20 °C Nachttemperatur und einer durchschnittlichen Lichtintensität von  $160 \mu\text{E m}^{-2} \text{s}^{-1}$ .

Anschließend wurden die Wurzeln visuell überprüft und auf der Bildaufnahme-Plattform fotografiert.

### **2.2.1.2 *In vitro* Anzucht von 6 Gerstensorten unter revidierten Bedingungen**

Die aus den Vorversuchen (Abschnitt 2.2.1.1) gewonnenen Erkenntnisse wurden eingesetzt, um die Bedingungen für das Wachstum der Gerste im axenischen System zu verbessern.

#### **2.2.1.2.1 Oberflächensterilisation und Vorkeimungsbedingungen**

Das Protokoll zur Oberflächensterilisation (Ramakrishna *et al.*, 1991; Götz *et al.*, 2007; Kutter *et al.*, 2006; Harwood *et al.*, 2009; Li *et al.*, 2011) der Gerstensamen wurde leicht verändert übernommen.

Die Samen (60-70 Stück) werden in einem 50 ml Falconröhrchen mit 40 ml 1 % (v/v) Tween20 Lösung für 2 min sanft geschüttelt und anschließend 2-mal mit SDW gespült. Danach folgt eine 5-minütige Einwirkzeit in 40 ml 70% Ethanol auf einer Rotationsplattform. Die Rotationsgeschwindigkeit wird so gewählt, dass sich die Samen bewegen, aber nicht ständig an die Wand des Falconröhrchen stoßen, um Verletzungen zu vermeiden. Nach 3-maligem Spülen mit SDW wird das Röhrchen mit 40 ml NaOCl (10-12% aktives Chlor) aufgefüllt und für 10-13 min auf der Rotationsplattform bewegt. Die Dauer der Einwirkzeit ist abhängig vom Grad der Kontamination des Saatgutes. Anschließend werden die Samen 5-mal mit SDW gespült und verbleiben für 3 h in 40 ml SDW zum Einweichen auf der Rotationsplattform. Dies dient der Lockerung der Spelze und der Verbesserung der Zugänglichkeit der Kornoberfläche, um darunter liegende Infektionen im nächsten Sterilisationsschritt erreichen zu können. Abschließend werden die Samen noch einmal in 40 ml NaOCl für 10 min bewegt und danach 3-mal mit SDW gespült und zum Antrocknen in ein neues Falconröhrchen überführt.

Je 5-6 Samen werden auf Nährmedium-Platten (Abschnitt 2.1.2.1), mit dem Embryo nach oben gerichtet, gelegt und mit Parafilm verschlossen. Die Petrischalen werden in Alufolie gehüllt und für 2 bis 3 Tage im Dunkeln bei 22°C +/- 2°C zur Vorkeimung gelagert. Alle Arbeitsschritte fanden unter einer Sterilbank statt.

Das verwendete Nährmedium wird primär für bakteriologische Analysen von Wasser und Lebensmitteln eingesetzt, bei denen Hygiene eine große Rolle spielt. Es unterstützt das Wachstum einer großen Palette an Mikroorganismen mit geringem

Nährstoffanspruch. Das Nährmedium wurde aufgrund dieser Eigenschaften für die Keimungsversuche ausgewählt. Kontamination an den Samen können relativ schnell, d.h. meist nach 2 Tagen, entdeckt werden. Dies trägt sehr zur Minimierung der Übertragungsrate von infizierten Keimlingen in das axenische System bei.

Zur Ermittlung der Überlebens-, Keimungs- und Kontaminationsraten des Sterilisations- und Keimungsprozesses wurden 4 Wiederholungen mit jeweils 20 Samen an den Sorten *Barke*, *Grace* und *Braemar* angesetzt und nach 2 bzw. 3 Tagen ausgewertet.

#### **2.2.1.2.2 Unterschiedliche Umweltbedingungen im axenischen System**

Für die Versuche wurden die 6 Gerstensorten 4 verschiedenen Behandlungen (Kontrolle, PEG, Phosphatmangel und Nitratmangel) ausgesetzt. Die Herstellung der Nährmedien für die *in vitro* Anzucht erfolgte wie in Abschnitt 2.1.2.4 beschrieben. Die Glaszylinder waren mit 500 ml Nährmedium jeweils für Kontrolle, PEG und Phosphatmangel und mit 750 ml für Nitratmangel befüllt.

Um bei der Pflanze Nährstoffmangel zu induzieren, wurde die Phosphatkonzentration von 1,25 mM (Kontrolle) auf 0,2 mM (Phosphatmangel) und die Stickstoffkonzentration ( $\text{NH}_4\text{NO}_3$ ) von 60 mM (Kontrolle) auf 0,2 mM (Nitratmangel) herabgesetzt (Ingram *et al.*, 2012). Die Bestimmung der PEG-Konzentration basiert auf den Ergebnissen der Vorversuche (Abschnitt 2.2.1.1.2).

Die vorbehandelten Keimlinge (Abschnitt 2.2.1.2.1) wurden nun, wie im Abschnitt 2.2.1.1.3 beschrieben, in das axenische System überführt und für 14 Tage in einer kontrollierten Klimakammer mit einem Tag/Nacht-Zyklus von 16/8 h, 22 °C Tages- bzw. 20 °C Nachttemperatur und einer durchschnittlichen Lichtintensität von 160  $\mu\text{E m}^{-2} \text{s}^{-1}$  gelagert. Bei der Auswahl der Keimlinge wurden nur diejenigen ohne erkennbare mikrobielle Infektion auf den Nährmedium-Platten berücksichtigt. Aus diesen wurden dann die Keimlinge verwendet, die sich in einem ähnlichen Entwicklungsstadium befanden.

### 2.2.2 Experimentelles Design

Für die Experimente wurde ein randomisiertes Blockdesign mit einer 4x6 faktoriellen Anordnung verwendet. Die Faktoren waren Behandlung (Kontrolle, PEG, Phosphatmangel, Nitratmangel) und Gerstensorte (*Wisa*, *LfL24727*, *Barke*, *Grace*, *Braemar*, *Tatum*). Die Gesamtanzahl der Individuen pro Sorte lag zwischen N= 42-49, verteilt auf die 4 verschiedenen Behandlungen (Tabelle 2.4).

**Tabelle 2.4** Anzahl der Individuen pro Sorte und Behandlung

	<b>Kontrolle</b>	<b>PEG</b>	<b>Phosphatmangel [n]</b>	<b>Nitratmangel</b>	<b>N</b>
	<b>[n]</b>	<b>[n]</b>		<b>[n]</b>	
Wisa	13	13	12	11	49
LfL24727	11	11	11	12	44
Barke	11	11	13	12	47
Grace	12	12	11	11	46
Braemar	11	11	11	11	44
Tatum	11	11	10	10	42

Anzahl [n] der untersuchten Pflanzen pro Sorte und Behandlung, N=Gesamtanzahl der untersuchten Individuen pro Gerstensorte.

### **2.2.3 Bildaufnahme-Plattform und Wurzelbilder**

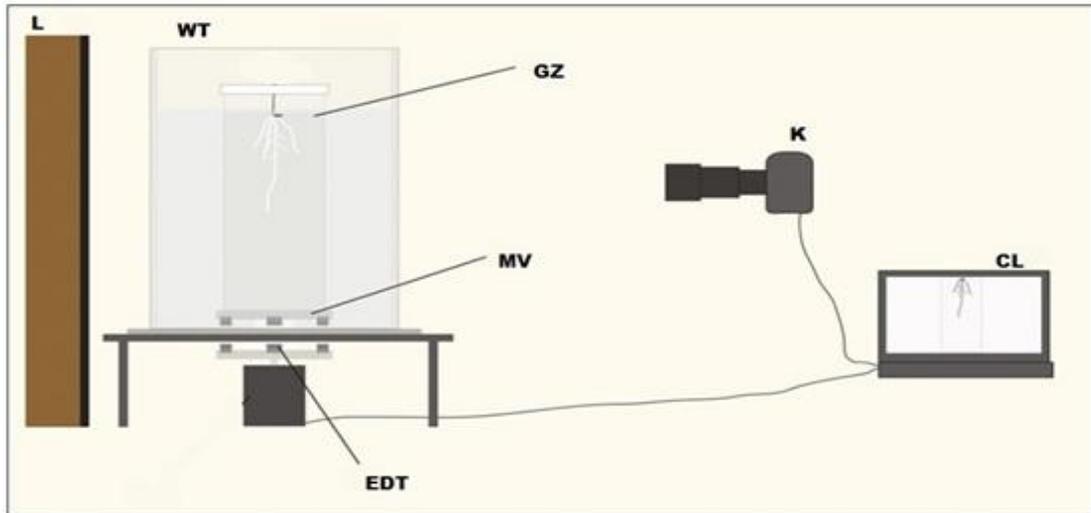
Die Bildaufnahme-Plattform (Abbildung 2.1) besteht aus einem speziell dafür angefertigtem Aluminiumprofil, auf dem die einzelnen Komponenten (LED Licht-Panel, Wassertank und Kamera) fixiert werden können.

Der Glaszylinder mit der Gerstenpflanze steht im Zentrum der magnetischen Verbindungsform, die eine passgenaue Vertiefung besitzt, um die Stabilisierung des Glaszylinders während der Rotation zu gewährleisten. Die magnetische Verbindungsform und der Glaszylinder befinden sich innerhalb eines rechteckigen, mit Wasser gefüllten Acryltanks. Dadurch wird einer optischen Verzerrung des Wurzelsystems durch die gebogene, lichtbrechende Oberfläche des Glaszylinders entgegengewirkt. Die magnetische Verbindungsform ist durch den Acryltank an die magnetische Drehscheibe des elektronischen Drehtisches (PhotoCapture 360) gekoppelt und kann um 360° rotieren.

Die Digitalkamera ist in einem Abstand von 45 cm zur vorderen Kante des Wassertanks, auf den Mittelpunkt des Glaszylinders ausgerichtet, fixiert.

Der Drehtisch und die Kamera sind mit dem Laptop verbunden. Die zum Drehtisch dazugehörige Bildaufnahme- und Bildbearbeitungssoftware Packshot Creator unterstützt die Steuerung des Drehtisches und den automatisierten Bildaufnahmeprozess.

Gegenüber der Kamera, hinter dem Wassertank, befindet sich das LED Licht-Panel, mit dem eine gleichmäßige Hintergrundbeleuchtung sichergestellt wird. Die Technik der Gegenlichtfotografie verstärkt den Kontrast zwischen dem kontrastarmen, zarten Wurzelsystem und dem Hintergrund. Die gesamte Apparatur befindet sich in einer Blackbox (Dunkelkammer) zur Vermeidung von Lichtreflexionen.



**Abbildung 2.2** Bildaufnahme-Plattform: L (LED Licht-Panel), WT (Acryl-Wassertank), GZ (Glaszylinder mit Nährmedium und Gerstenpflanze), MV (magnetische Verbindungsform), EDT (elektronischer Drehtisch), K (Kamera), CL (Computer/Laptop zur automatisierten Kamera- und Drehtischsteuerung). Die Abbildung wurde aus Clark *et al.*, 2011 übernommen.

Von jeder Wurzel aus dem Gerstenset wurden bis zu 36 Fotos (Winkelabstand  $10^\circ$ ) in einer vollen Rotation auf der Bildaufnahmeplattform aufgenommen. Die Aufnahmedauer pro Pflanze betrug durchschnittlich 5-8 min. Für die Bildaufnahmen wurden jeweils identische Einstellungen (Belichtung, Kameraeinstellungen- und fokus, Distanz zwischen Kamera und Glaszylinder) verwendet.

Die Bildaufnahme der Wurzeln erfolgte nach 16 Tagen Wachstum (2 Tage Vorkeimung und 14 Tage Wachstum im axenischen System) wie in der oben beschriebenen Methode (Iyer-Pascuzzi *et al.*, 2010; Clark *et al.*, 2011) dargelegt, mithilfe der Software Packshot Creator.

## **2.2.4 Analyse der Wurzelarchitektur mit der Bildverarbeitungssoftware GiA Roots**

Die Analyse der Wurzelarchitektur wurde mit der Bildverarbeitungssoftware GiA Roots (Iyer-Pascuzzi *et al.*, 2010) realisiert. GiA Roots 2-D wurde in Kooperation verschiedener Arbeitsgruppen (Weitz group at Georgia Tech, Atlanta, USA, <http://ecothery.biology.gatech.edu/>; Harer group at Duke University, Durham, USA, <http://cms.math.duke.edu/harer/?q=home>; Benfey laboratory at Duke University, Durham, USA, <http://sites.duke.edu/benfey/>) entwickelt. Bis heute ist GiA Roots noch in der Weiterentwicklungsphase, eine stand-alone (unabhängige) 3D-Version stand ab Januar 2014 zur Verfügung, wurde für diese Arbeit aber noch nicht benutzt. In dieser Arbeit erfolgte die erste Anwendung von GiA Roots an Gerstenwurzeln unter Verwendung der beta-Version 3.0.0. Diese Version wurde von den Entwicklern zur Verfügung gestellt, unter der Bedingung, die Software auf Funktionalität und Anwenderfreundlichkeit zu testen. Ein Feedback in Form von Testberichten erfolgte im Juli und Dezember 2011 sowie im Juli 2012.

GiA Roots ist als halbautomatisierte Software für die Hochdurchsatz-Analyse von Pflanzenwurzelbildern konzipiert. Es werden eine graphische Benutzeroberfläche (GUI) und ein Kommandozeilen-Terminal (CLI) bereitgestellt. Der Anwender kann mithilfe von verschiedenen Tools die Wurzelbilder skalieren, zuschneiden und vom Hintergrund trennen. Anschließend werden in einer automatisierten Pipeline 19 Wurzelparameter (Tabelle 2.5) und ein Parameter zur Qualitätsüberprüfung berechnet.

Weiterhin räumt GiA Roots dem Anwender die Möglichkeit ein, die Software durch benutzererstellte Plug-ins mit weiteren Parametern oder anwenderspezifischen Methoden zu erweitern (Galkovsky *et al.*, 2012).

**Tabelle 2.5** Liste der Wurzelparameter entsprechend von GiA Roots und ihre Beschreibung

Parameter ID	Wurzelparameter	original root trait parameter (GiA Roots)	Parameterbeschreibung
1	Mittlerer Einzelwurzelradius [cm]	Average.Root.Width.Diameter. [cm]	Mittelwert der Wurzelbreiten, berechnet für jeden Pixel der medialen Achse des Gesamtwurzelsystems. Parameter entspricht dem Wurzelradius
2	„Buschigkeit“ des Netzwerkes [n/n]	Network.Bushiness [n/n]	Quotient aus dem Maximum der Einzelwurzelanzahl und dem Median der Einzelwurzelanzahl
3	Netzwerktiefe [cm]	Network.Depth [cm]	Vertikale Ausdehnung (vertikale Distanz) vom obersten Netzwerkpixel zum untersten Netzwerkpixel
4	Ellipsenachsenverhältnis [cm/cm]	Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]	Quotient aus der kleinen Ellipsenachse und der großen Ellipsenachse
5	Netzwerkverteilung [n/n]	Network.Length.Distribution [n/n]	Quotient aus der Gesamtwurzellänge des oberen Wurzelabschnitts (oberes 1/3 der Wurzeltiefe) und der Gesamtwurzellänge des unteren Wurzelabschnitts (untere 2/3 der Wurzeltiefe)
6	Große Ellipsenachse [cm]	Major.Ellipse.Axis [cm]	Länge der großen Ellipsenachse. Optimale Ellipse, die das Wurzelnetzwerk umspannt
7	Maximum der Einzelwurzelanzahl [n]	Maximum.Number.of.Roots [n]	Wert des 84. Perzentil der sortierten Anzahl von Wurzeln, die eine horizontale Ebene schneiden, die entlang einer vertikalen Achse vom obersten zum untersten Netzwerkpixel verläuft
8	Netzwerkbreite [cm]	Network.Width [cm]	Horizontale Distanz zwischen den außenliegenden Pixeln

**Tabelle 2.5** Fortsetzung

Parameter ID	Wurzelparameter	original root trait parameter (GiA Roots)	Parameterbeschreibung
9	Median der Einzelwurzelanzahl [n]	Median.Number.of.Roots [n]	Wert des 50. Perzentil (siehe Parameter 7)
10	Kleine Ellipsenachse [cm]	Minor.Ellipse.Axis [cm]	Länge der kleinen Ellipsenachse. Optimale Ellipse, die das Wurzelnetzwerk umfasst
11	Netzwerkfläche [cm <sup>2</sup> ]	Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	Gesamter Pixelbereich des Netzwerkes einer 2-D Aufnahme im Binärbild
12	konvexe Netzwerkhülle [cm <sup>2</sup> ]	Network.Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]	Fläche, die den Bereich des Netzwerkes komplett in der 2D- Aufnahme bedeckt
13	Umfang des Wurzelnetzwerkes [cm]	Network.Perimeter [cm]	Anzahl der Netzwerkpixel, die mit einem Hintergrundpixel verbunden sind (8er-Nachbarschaft)
14	Netzwerk-Dichte [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]	Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]	Quotient aus Netzwerkfläche und konvexer Netzwerkhülle
15	spezifische Wurzellänge [cm/cm <sup>3</sup> ]	Specific.Root.Length [cm/cm <sup>3</sup> ]	Quotient aus Netzwerklänge und Netzwerkvolumen
16	Netzwerkoberfläche [cm <sup>2</sup> ]	Network.Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	Summe der Einzel-Netzwerkflächen, die für jeden Pixel der medialen Achse berechnet wurden, indem ein Zylinder (Radius wird aus dem Bild berechnet) um die mediale Achse gelegt wurde.
17	Netzwerkegesamtlänge [cm]	Network.Length [cm]	Anzahl der Pixel im skelettierten 2D-Bild

**Tabelle 2.5** Fortsetzung

Parameter ID	Wurzelparameter	original root trait parameter (GiA Roots)	Parameterbeschreibung
18	Netzwerkvolumen [cm <sup>3</sup> ]	Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]	Summe der Einzelvolumen (siehe Parameter 16)
19	Netzwerk-Seitenverhältnis [cm/cm]	Network.Width.to.Depth.Ratio [cm/cm]	Quotient aus Netzwerkbreite und Netzwerktiefe

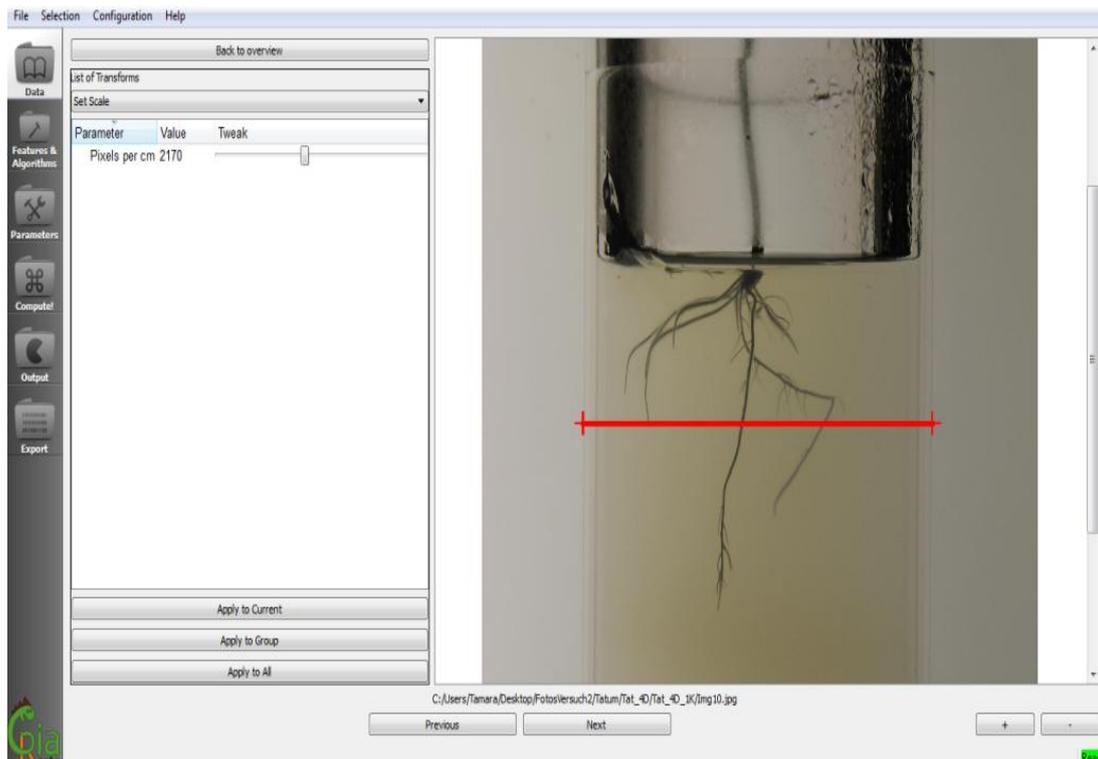
Liste der von GiA Roots berechneten Parameter und ihre Beschreibung (übersetzt aus Galkovskyi *et al.*, 2012). Die erste Spalte zeigt die Identifikationsnummer der Parameter, die zweite Spalte enthält die deutsche Übersetzung, in der dritten Spalte sind die originalen GiA Roots-Parameter aufgelistet und in der letzten Spalte folgt die Kurzbeschreibung der Parameter. Die Wurzelarchitektur-Parameter können in 4 charakteristische Gruppen eingeteilt werden (Topp *et al.*, 2013): Netzwerkgröße = rot hinterlegte Felder, Netzwerkverteilung = weiß hinterlegte Felder, Netzwerkausdehnung = blau hinterlegte Felder und Netzwerkgestalt = grün hinterlegte Felder.

GiA Roots stellt die Verarbeitung von Einzelbildern sowie von Bilderserien zur Verfügung. Für das Gerstenset wurden jeweils bis zu 36 Aufnahmen pro Pflanze zur Analyse der Wurzelarchitektur verwendet. Aufnahmen mit Bildstörungen oder anderen Artefakten wurden aussortiert.

Nach dem Laden der Bilddateien erfolgt als erster Schritt die Skalierung (Abbildung 2.3). Um die Pixelanzahl des Bildes (hier in horizontaler Richtung) in die tatsächliche Größe in cm umzurechnen, wird der Durchmesser der Glaszylinder als Bezugswert verwendet.

Anschließend werden die Bilder mit dem Bildbeschneidungs-Tool (Abbildung 2.4) auf einen rechteckigen Ausschnitt um das Wurzelsystem reduziert. Im darauffolgenden Binärisierungsprozess (Abbildung 2.5) werden die Wurzelbilder durch ein Schwellwertverfahren in Schwarz-Weiß Bilder konvertiert. GiA Roots bietet dafür 3 verschiedene Methoden an, in der Arbeit wurde das "double adaptive thresholding" Verfahren angewendet. Im nächsten Schritt wird automatisch ein Skelettierungsprozess initiiert, um das Wurzelsystem auf ein Gerüst zu reduzieren.

Zur anschließenden Berechnung der verschiedenen Wurzelparameter werden nun das Binärbild und das skelettierte Bild eingesetzt. Weitergehende Informationen über GiA Roots können dem Benutzer-Handbuch ([http://www.rootnet.biology.gatech.edu/giaroots/download/recent/gia\\_roots\\_manual.pdf](http://www.rootnet.biology.gatech.edu/giaroots/download/recent/gia_roots_manual.pdf)) entnommen werden.



**Abbildung 2.3** Screenshot GiA Roots: das Skalierungs-Tool

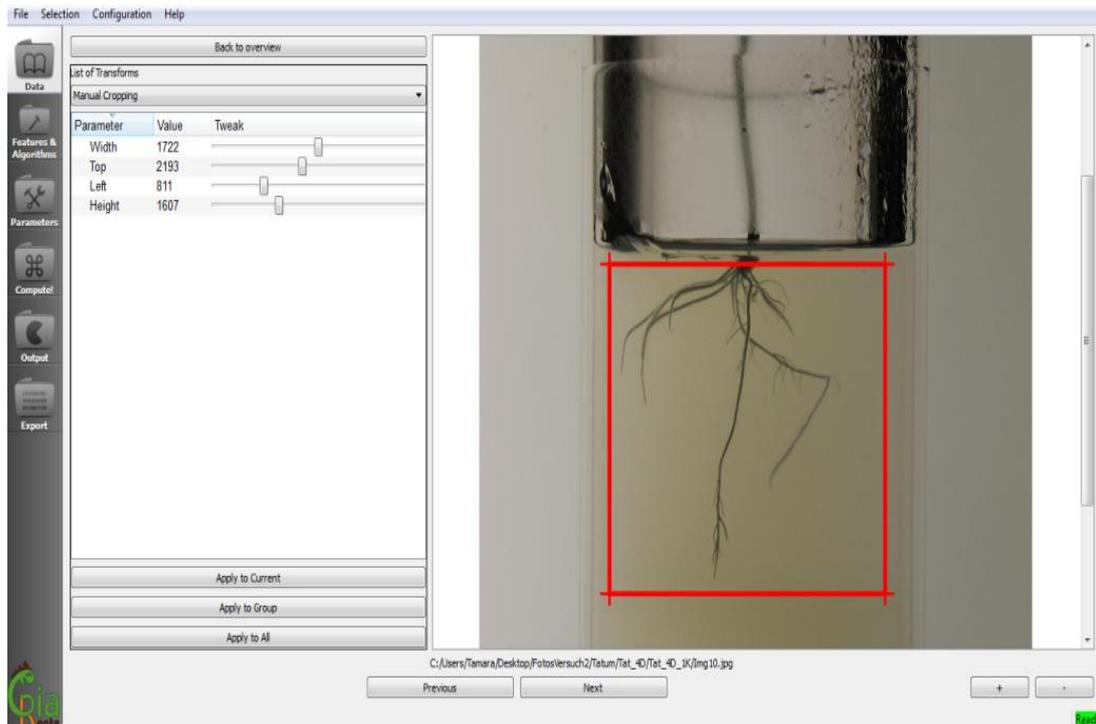


Abbildung 2.4 Screenshot GiA Roots: die Bildbeschneidungsfunktion

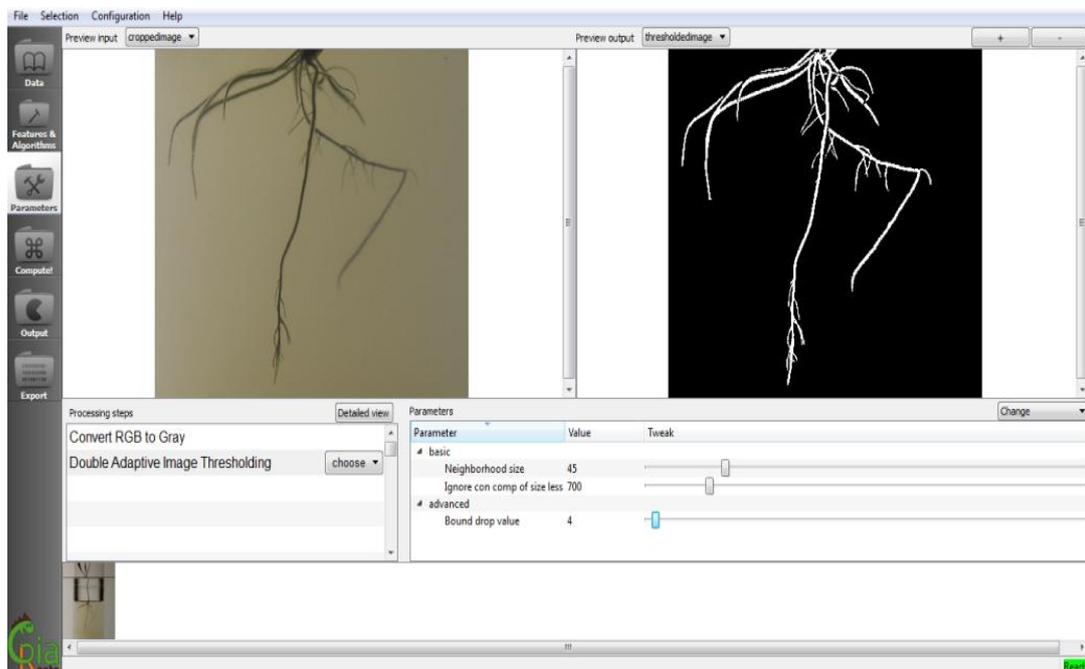


Abbildung 2.5 Screenshot GiA Roots: Binärisierungsprozedur durch Schwellwertbildung (hier verwendet: double adaptive thresholding)

Die Validierung der Software GiA Roots erfolgte durch die Entwickler, indem die Messgenauigkeit der Wurzelparameter anhand eines vorher manuell vermessenen Drahtmodells überprüft wurde. Dabei ergaben sich Messungenauigkeiten von 0,67% bis 6,5%, welche innerhalb des erwarteten Genauigkeitsbereich der Pipeline lagen (Iyer-Pascuzzi *et al.*, 2010).

Die Ausgabe der Ergebnisse erfolgt als kommaseparierte Datei (\*.csv), wobei die 19 berechneten Parameter der einzelnen Wurzelbilder aus der Bildserie pro Pflanze enthalten sind. Folgend werden in der vorliegenden Arbeit die englischen Bezeichnungen der GiA Roots Wurzelparameter verwendet.

### 2.2.5 Statistische Auswertung

Zur statistischen Auswertung wurden die von GiA Roots produzierten Ausgabedateien verwendet. Die Berechnungen erfolgten mit der Statistiksoftware R, Version 2.14.1, Graphiken (z. B. Box-Plots und Scatterplots) wurden mithilfe von R 2.14.1 oder Instat+ erstellt.

In komplexen biologischen Systemen erhobene Daten weisen in der Regel ein relativ hohes Maß an Variabilität auf. Um Lage- und Streuungsstruktur dieser Daten zu veranschaulichen, erfolgte zunächst eine Explorative Daten Analyse (EDA). Graphische Instrumente der EDA wie Box Plots, Histogramme und Q-Q-Plots wurden erstellt.

Die mithilfe von GiA Roots berechneten Daten, bestehend aus 19 Wurzelparametern pro Einzelbild aus jeder Bilderserie (bis zu 36 Bilder), wurden für die weiteren Analysen wie folgt reduziert. Für jeden der 19 Wurzelparameter wurde das arithmetische Mittel des jeweiligen Parameters aus den gemessenen Werten der Einzelbilder berechnet. Daraus resultierend entsteht pro Pflanze ein Datensatz mit den Mittelwerten der 19 Wurzelparameter. Im Anschluss wurden für die Datensätze die deskriptiven Maßzahlen (arithmetisches Mittel, Median, Standardabweichung, Minimum, Maximum und Spannweite) berechnet. Weiterhin erfolgte der Levene-Test zur Überprüfung der Homoskedastizität.

Die folgenden Analysen wurden mit den reduzierten Datensätzen durchgeführt.

Die Analyse der Wurzelparameter fand unter 2 verschiedenen Aspekten statt.

Erstens wurde die Reaktion des Wurzelsystems **innerhalb** der Sorte auf die unterschiedlichen Stressbehandlungen untersucht. Die Berechnung und der Vergleich von Konfidenzintervallen kam hier zum Einsatz, da Konfidenzintervalle im Unterschied zum p-Wert Aufschluss über die Richtung des untersuchten Effekts geben und Ergebnisse auf der Ebene der Datenmessung zurückgeben.

Die Berechnung der 95%-Konfidenzintervalle ( $\alpha=5\%$ ) erfolgte mit

$$\left[ M_{v,t} - t_{(1-\frac{\alpha}{2}; n-1)} \frac{SD_{v,t}}{\sqrt{n}} ; M_{v,t} + t_{(1-\frac{\alpha}{2}; n-1)} \frac{SD_{v,t}}{\sqrt{n}} \right], \quad (1)$$

wobei  $M_{v,t}$  das arithmetische Mittel und  $SD_{v,t}$  die dazugehörige Standardabweichung des jeweiligen Wurzelparameters sind und 'v' die Sorte und 't' die Behandlung angibt,  $n$  die Anzahl der Individuen pro Gruppe (Tabelle 2.4) darstellt und  $t_{(1-\frac{\alpha}{2}; n-1)}$  der kritische Wert (das  $1-\frac{\alpha}{2}$  - Quantil) aus der t-Verteilung mit  $n-1$  Freiheitsgraden ist.

Signifikante Unterschiede zwischen Kontrolle und Behandlung auf einem 5%-Niveau zeigen sich bei Nichtüberschneiden der Intervallgrenzen, diese werden mit zwei Sternen markiert im Ergebnisteil berichtet.

Zweitens erfolgte eine Auswertung der Wurzelarchitektur **zwischen** den Sorten, jeweils pro Behandlung, um Unterschiede bzw. Ähnlichkeiten der Wurzelarchitektur zwischen den verschiedenen Sorten zu entdecken.

Zur Datenanalyse wurde die einfaktorielle Varianzanalyse (engl. one-way ANOVA) mit einer Irrtumswahrscheinlichkeit von  $\alpha=0,05$  pro Wurzelparameter berechnet, um Inhomogenität innerhalb der Gerstensorten zu identifizieren. Der Tukey-HSD-Test (Tukey Honest Significance Differences) kam als post-hoc Test zum Einsatz mit einem korrigiertem  $\alpha=0,05$ . Dies diente dem Zweck, mithilfe des paarweisen Vergleichs Gerstensorten zu identifizieren, die sich bezüglich ihrer Wurzelarchitektur unter Kontroll- bzw. Stressbedingung ähnlich verhalten und somit ähnliche Eigenschaften widerspiegeln.

Signifikante Ergebnisse zwischen den Gerstensorten je Parameter auf einem Signifikanzniveau von  $\alpha=0,05$  wurden mit zwei Sternen markiert.

### **2.2.6 Analyse des Frischgewichts**

Das Pflanzenmaterial wurde nach 16 Tagen Wachstum geerntet. Die Entnahme der Wurzel aus dem Wachstumsmedium ist aufgrund der Konsistenz des Mediums sehr einfach und zerstörungsfrei möglich. Die Wurzel wird anschließend kurz mit Wasser gespült und mit einem weichen Tuch abgetupft, um direkt das Frischgewicht von Spross und Wurzel zu bestimmen.

Zur Beschreibung und Erfassung der Struktur der Messdaten erfolgte zunächst die deskriptive Analyse.

Um nun herauszufinden, ob Gerstensorte oder Stressbehandlungen Einfluss auf das Frischgewicht von Wurzel oder Spross haben, wurde eine zweifaktorielle Varianzanalyse (engl. two-way ANOVA) mit einer Irrtumswahrscheinlichkeit von  $\alpha=0,05$  und anschließendem Tukey-HSD-Test mit einem korrigierten  $\alpha=0,05$  berechnet.

Um abschließend zu überprüfen, ob ein Zusammenhang der Ergebnisse der Messungen des Wurzelvolumens (berechnet mit GiA Roots) mit denen der Messungen des Frischgewichts der Wurzeln besteht, wurde der Pearsonsche Korrelationskoeffizient  $r$  berechnet. Ein Wert von  $0,5 \leq |r| \leq 0,8$  wird im Allgemeinen als mittlere positive Korrelation interpretiert, man spricht von einem linearen Zusammenhang der Daten (Glantz *et al.*, 1997).

### **2.2.7 Auswahl der repräsentativen Wurzelbilder**

Mithilfe von Distanzmaßen kann der Abstand zwischen Objekten berechnet und folglich die Ähnlichkeit zwischen den Objekten bestimmt werden. Wird nun ein Objekt als Vergleichskriterium ausgewählt, können weitere Objekte auf ihre Ähnlichkeit mit dem Vergleichsobjekt hin geprüft werden, indem der geringste Abstand als maßgebend für den Grad der Ähnlichkeit angenommen wird.

Um nun das repräsentative Wurzelbild pro Gerstensorte und Stressbehandlung auszuwählen, wird jeweils ein Idealbild als Vergleichsobjekt definiert.

Zur Identifizierung der repräsentativen Auswahl von Wurzelbildern der Gerstensorten unter den verschiedenen Stressbehandlungen wurde als Distanzmaß

die Mahalanobis-Distanz (Bacher *et al.*, 2010; Handels, 2009) zwischen dem jeweiligen Idealbild und den dazugehörigen Wurzelbildern berechnet. Die Mahalanobis-Distanz misst den Abstand zweier Punkte unter Berücksichtigung der Varianz.

Folgendes Berechnungsverfahren wurde zur automatischen Identifizierung der repräsentativen Wurzelbilder pro Sorte und Behandlung mit dem Statistikprogramm R eingesetzt:

Für jeden der 19 Wurzelparameter wird das arithmetische Mittel ( $M_p$ ) aller Wurzelbilder einer Bilderserie (bis zu 36 Bilder) pro Pflanze berechnet. Danach wird ein Vektor  $M_{v,t,i}$  erstellt, der alle 19 Parameter enthält, wobei 'v' die Sorte, 't' die Behandlung und 'i' den Bildindex darstellen.

Der Median ( $MD_{v,t}$ ) der arithmetischen Mittel aller Individuen pro Sorte und Behandlung wird dann berechnet als

$$MD_{v,t} = \text{Median}\left(\bigcup_i M_{v,t,i}\right) \quad (2)$$

und wird als Vertreter des Idealbildes definiert.

Die repräsentative Pflanze mit Bildindex ( $i^*$ ) wird nun durch Minimierung der Mahalanobis-Distanzen zwischen dem Vektor der Mediane  $MD_{v,t}$  und dem Vektor  $M_{v,t,i}$  der jeweiligen Pflanze berechnet. Wobei

$$i^* = \arg \min (MD_{v,t} - M_{v,t,i}) D^{-1} (MD_{v,t} - M_{v,t,i})' \quad (3)$$

den kleinsten Wert der Mahalanobis-Distanzen zurückgibt, mit  $D$  als Diagonalmatrix der Varianzen der entsprechenden Wurzelparameter. Diese Methode ist identisch mit einer Standardisierung (Fahrmeir *et al.*, 1996; Ingram *et al.*, 2012).

### **3. Ergebnisse**

Die Motivation dieser Arbeit bestand darin, nach Etablierung einer neuen nicht-invasiven Methode, ein optimiertes *in vitro* Wachstum von Gerste in einem axenischen System zu ermöglichen, um die Wurzelarchitektur unter verschiedenen Umweltbedingungen zu analysieren. Im Folgenden werden zuerst die Ergebnisse über die *in vitro* Anzucht von Gerste in einem axenischen System erläutert (Abschnitt 3.1), anschließend erfolgt die Darstellung der repräsentativen Wurzelbilder (Abschnitt 3.2). Abschließend werden die Ergebnisse der statistischen Auswertungen der Wurzelarchitektur von Gerste unter verschiedenen Umweltbedingungen (Abschnitt 3.3) und des Frischgewichts des untersuchten Pflanzenmaterials (Abschnitt 3.4) dargelegt.

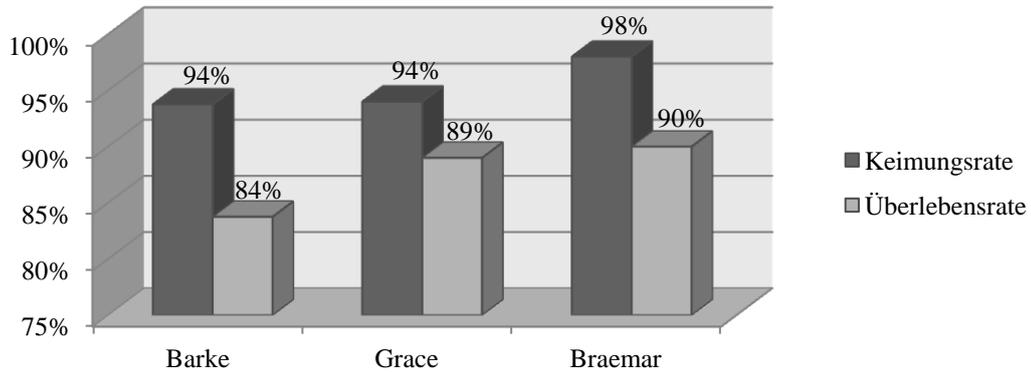
#### **3.1 *In vitro* Anzucht von Gerste in einem axenischen System**

##### **3.1.1 Vorversuche zur Oberflächensterilisation und Vorkeimung des Saatgutes**

Zur Überprüfung der Keimfähigkeit des Saatgutes wurden 4 Wiederholungen an jeweils 20 Samen der Sorten *Barke*, *Braemar* und *Grace*, wie in Abschnitt 2.2.1.1.1 beschrieben, durchgeführt. Die Auswertung der Keimungsrate (Keimprozent) erfolgte nach 2 Tagen. Da einige Samen zwar nach 2 Tagen keimten, aber ein vermindertes bzw. verkümmertes Wachstum aufwiesen, wurde die Überlebensrate nach 4 Tagen ermittelt.

Für alle 3 Sorten zeigten sich nach 2 Tagen hohe Keimungsraten von mindestens 94%. Nach 4 Tagen zeigten sich Überlebensraten von 84% bis 90% (Abbildung 3.1). Die Sorte *Braemar* wies die höchsten Keimungs- und Überlebensraten im Vergleich zu den beiden anderen Sorten auf.

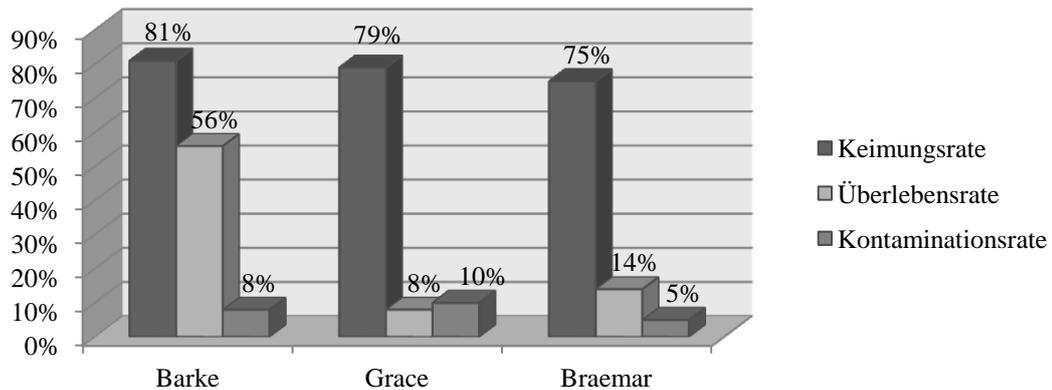
### Keimung auf Filterpapier



**Abbildung 3.1** Ergebnisse der Keimungsversuche der Sorten *Barke*, *Grace* und *Braemar* auf wassergetränktem Filterpapier nach 2 bzw. 4 Tagen Vorkeimung im Dunkeln (Abschnitt 2.2.1.1.1). Die Auswertung erfolgte an jeweils 80 Samen pro Sorte.

Die Abbildung 3.2 gibt einen Überblick der Keimungs-, Überlebens- und Kontaminationsraten der Sorten *Barke*, *Grace* und *Braemar* nach der Oberflächensterilisation der entspelzten Samen mit  $H_2O_2$  und der Vorkeimung auf MS-Platten (Abschnitt 2.2.1.1.1).

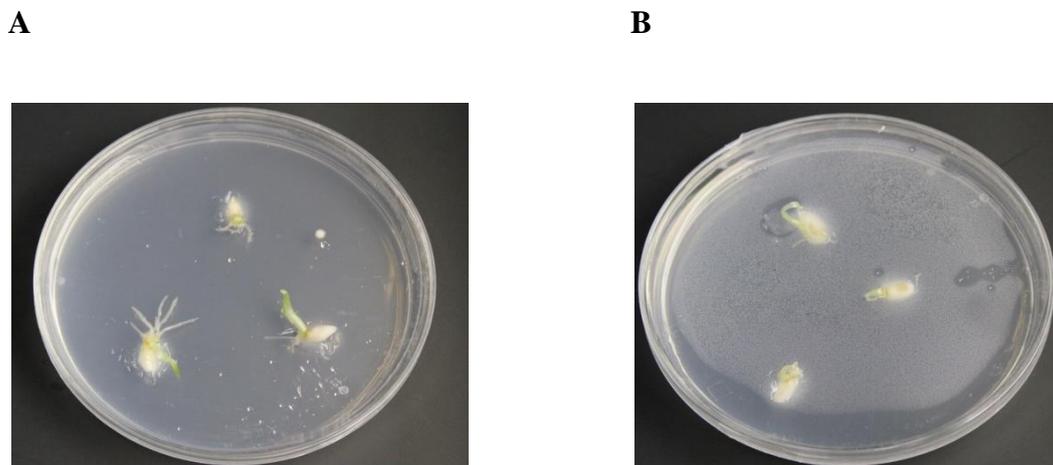
### Keimung auf MS-Platten



**Abbildung 3.2** Ergebnisse der Keimungsversuche der Sorten *Barke*, *Grace* und *Braemar* nach Oberflächensterilisation der entspelzten Samen mit  $H_2O_2$  und Vorkeimung auf MS-Agar (Abschnitt 2.2.1.1.1). Die Auswertung erfolgte an jeweils 80 Samen pro Sorte.

Nach 2 Tagen Vorkeimung zeigte das Saatgut Keimungsraten zwischen 75% und 81%. Dies entsprach den Erwartungen im Vergleich mit den Keimungsraten auf Filterpapier. Die Auswertung der Kontaminationsraten erfolgte nach 4 Tagen, da

mikrobielles Wachstum auf den MS-Platten nach 2 Tagen noch nicht gesichert festgestellt werden konnte. Die Anforderung zur Keimfreiheit der Samen für die Anzucht im axenischen System ergab mit Kontaminationsraten zwischen 5% und 10% zufriedenstellende Ergebnisse. Die Auswertung der Überlebensrate nach 4 Tagen zeigte jedoch ein massives Absterben der Keimlinge, trotz guter Keimungsraten. Eine visuelle Betrachtung der Keimlinge zeigte ein gehäuftes Auftreten von degeneriertem Spross- und Wurzelwachstum, dargestellt am Beispiel der Sorte *Grace* (Abbildung 3.3).



**Abbildung 3.3** Keimlinge der Sorte *Grace* nach 2 Tagen Vorkeimung auf MS-Agar und Oberflächensterilisation mit  $H_2O_2$  (Abschnitt 2.2.1.1.1). Keimung entsprechend dem Entwicklungsstadium (**A**), degenerierte Keimlinge mit anormalem Sprosswachstum und verminderter Wurzelbildung (**B**).

Bei den Sorten *Braemar* und *Barke* wurden ähnliche Reaktionen bzgl. des anormalen Wachstums beobachtet.

Ein relativ geringer Anteil der Keimlinge überstand den Sterilisationsprozess unbeschadet. Vermutlich verursachte die manuelle Entspelzung der Gerstensamen kleine Verletzungen am Embryo, obwohl die Bearbeitung der Spelze mit dem Skalpell unter größter Sorgfalt stattfand. Weiterhin war die Möglichkeit einer sicheren Identifikation von Kontaminationen zu einem frühen Zeitpunkt, möglichst nach 2 Tagen Vorkeimung, nicht gegeben. Da die Keimlinge nach 4 Tagen meistens zu groß für den Transfer in das axenische System waren, bestand das Risiko, nicht sichtbar kontaminierte Keimlinge nach 2 Tagen umzusetzen.

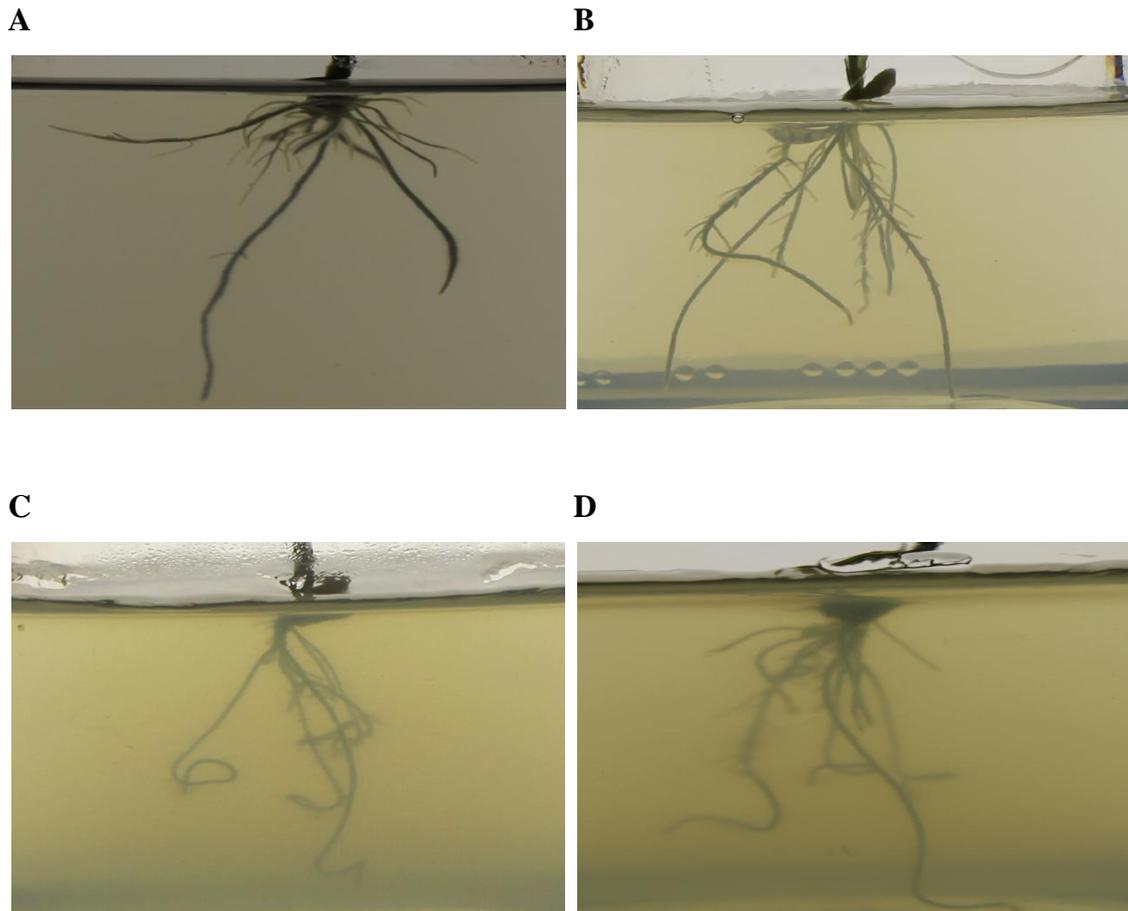
Daher wurde der Entschluss gefasst, eine Methode zur Oberflächensterilisation und Vorkeimung zu verwenden, die den Anforderungen für das Wachstum der Gerste im axenischem System besser entspricht.

Parallel zu Experimenten mit anderen Sterilisationsmethoden wurden die im nächsten Abschnitt beschriebenen Versuche mit den vorbehandelten (Abschnitt 2.2.1.1.1) vitalen Keimlingen durchgeführt.

### **3.1.2 Testreihe zum Wachstum im axenischen System und Vorversuche zur Bestimmung der PEG-Konzentration**

Zur Untersuchung der Wurzelarchitektur von Gerste in MS-Medium (Abschnitt 2.2.1.1.3) und zur Bestimmung der optimalen PEG-Konzentration im Medium (Abschnitt 2.2.1.1.2) erfolgten erste Versuche im axenischen System.

PEG wurde eingesetzt, um osmotischen Stress im Medium zu simulieren. Um die Reaktion der Wurzel auf osmotischen Stress und das Maß der Eintrübung des Mediums durch PEG zu beobachten, wurden 5 verschiedene PEG-Konzentrationen im Medium, wie in Abschnitt 2.2.1.1.2 beschrieben, getestet. Wie in Abschnitt 3.1.1 bereits erwähnt, wurden nur vitale Keimlinge im vergleichbaren Entwicklungsstadium in das axenische System umgesetzt. Bei Zugabe von 20% (w/v) PEG in das MS-Medium, war bei keiner der drei verwendeten Gerstensorten nach 14 Tagen ein Wurzelwachstum zu erkennen. Wie den Abbildungen 3.4 C und 3.4 D zu entnehmen ist, waren bei PEG-Konzentrationen von 7,5% (w/v) bzw. 10% (w/v) noch starke Trübungen des Mediums erkennbar. Dabei erscheint das Wurzelsystem verzerrt und unscharf und eine qualitativ hochwertige Bildaufnahme ist nicht möglich. Bei einer Konzentration von 5% (w/v) PEG, wie in Abbildung 3.4 B dargestellt, war die Trübung des Mediums nur noch minimal. Verglichen mit Abbildung 3.4 A, der Darstellung des Wurzelsystems der Sorte *Braemar* in MS-Medium ohne Zusatz von PEG, waren keine Unterschiede bzgl. der Bildqualität festzustellen.



**Abbildung 3.4** Vergleich des Wurzelwachstums und der Trübung des Mediums bei unterschiedlicher PEG-Konzentration. Wurzelsystem der Sorte *Braemar* ohne PEG-Zugabe (A), 5% (w/v) PEG im Medium (B), 7,5% (w/v) PEG im Medium (C) und 10% (w/v) PEG im Medium (D).

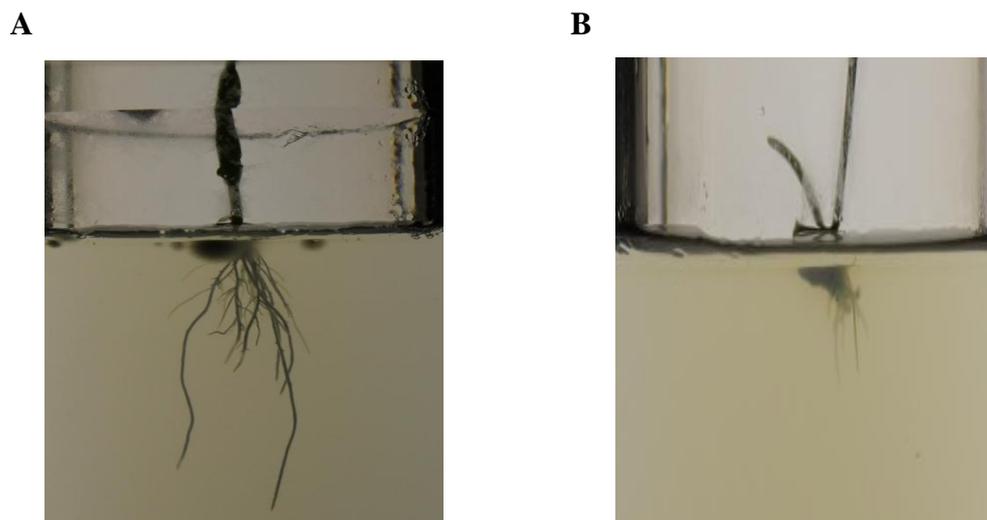
Bei Betrachtung der Wurzelreaktion auf die unterschiedlichen PEG-Konzentrationen war auffällig, dass bei allen Konzentrationen, im Gegensatz zum Wachstum auf Medium ohne PEG-Zusatz, ein vermehrtes Wachstum von Lateralwurzeln stattfand (Abbildung 3.4). Dies vergrößert die Oberfläche und gibt dem Wurzelsystem die Möglichkeit zur erhöhten Wasseraufnahme.

Da das Wurzelsystem mit der Bildung von Lateralwurzeln offensichtlich auch bei einer PEG-Konzentration von 5% (w/v) Reaktionen auf osmotischen Stress zeigte, und die Eintrübung des Mediums gering genug zur Aufnahme von qualitativ hochwertigen Bildern war, wurde für die weiteren Experimente zur Simulation von

Trockenstress eine Konzentration von 5% (w/v) PEG im Wachstumsmedium verwendet.

Eine erste Testreihe im axenischen System fand an 3 Gerstensorten statt (Abschnitt 2.2.1.1.3). Pro Sorte wurden 4 Individuen als Kontrolle und ein Individuum in 5% (w/v) PEG-Medium angezogen, die Vorversuche wurden 5-mal wiederholt.

Im Rahmen dieser Testreihe wurde das Wurzelwachstum im axenischen System beurteilt, die Funktionalität der Bildaufnahmeplattform getestet und die Anwendung des Bildverarbeitungsprogrammes GiA Roots für Gerste erfolgreich erarbeitet. Dabei stellte sich heraus, dass bis zu 50% der umgesetzten Keimlinge während des 14-tägigen Wachstums in den Glaszylindern mikrobielle Kontaminationen aufwiesen (Abbildung 3.5 A). Weiterhin starben bis zu 20% der Gerstenkeimlinge frühzeitig ab, oder waren nach 14 Tagen Wachstum unterentwickelt (Abbildung 3.5 B).



**Abbildung 3.5** Wurzelwachstum nach 14 Tagen im axenischen System (Vorversuche). Sorte *Grace* mit Pilzbefall des Samens (A), Minderwuchs bei Sorte *Barke* (B).

Die Ernte der jungen Pflanzen erfolgte nach 16 Tagen Wachstum (2 Tage Vorkeimung und 14 Tage im axenischen System), im Anschluss daran wurden die Pflanzen gewogen und visuell untersucht. Die genaue Betrachtung der Pflanzen zeigte, dass das Endosperm (Abbildung 3.6) bei allen Pflanzen der Testreihe nahezu vollständig vorhanden war.



**Abbildung 3.6** Wurzelsystem der Sorte *Grace* (16 Tage nach Keimungsbeginn geerntet). Das Endosperm (Mehlkörper) ist noch fast vollständig erhalten.

Das Endosperm stellt den Hauptlieferanten für die benötigten Nährstoffe des Keimlings solange, bis die junge Pflanze diese selbst akkumulieren kann (Bresinsky *et al.*, 2008). Da die Pflanzen das Endosperm augenscheinlich nicht oder kaum nutzten, könnte das eine Erklärung für den Minderwuchs sein. Aufgrund der starken Beeinflussung des Pflanzenmaterials durch die Vorbehandlung (Abschnitt 3.1.1) wurden die Auswertungen der Wurzelarchitektur mit GiA Roots nicht in der Endanalyse verwendet, sondern dienten ausschließlich zu Testzwecken.

### **3.1.3 Experimente an 6 Gerstensorten unter revidierten Bedingungen**

Die Keimungsversuche, wie in Abschnitt 2.2.1.2.1 beschrieben (mit Spelze, NaOCl, Nährmedium zur Vorkeimung) und folgend als Methode 2 bezeichnet, der Sorten *Barke*, *Grace* und *Braemar* zeigten gute Resultate. Die in Abschnitt 2.2.1.1.1 beschriebene Methode (ohne Spelze, H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>, MS-Medium zur Vorkeimung) wird folgend als Methode 1 bezeichnet.

Der Vergleich der Keimungs-, Überlebens- und Kontaminationsraten der beiden Methoden wurde in Abbildung 3.7 B mit dazugehöriger Datentabelle (Abbildung 3.7. A) dargestellt. Die Auswertung der Keimungsversuche nach Methode 2 erfolgte nach 2 Tagen Vorkeimungsdauer, da zu diesem Zeitpunkt die Keimlinge für gewöhnlich die maximale Größe zum Umsetzen in das axenische System erreichten. Die Keimungsraten unter Methode 2 erhöhten sich um durchschnittlich 5%, die

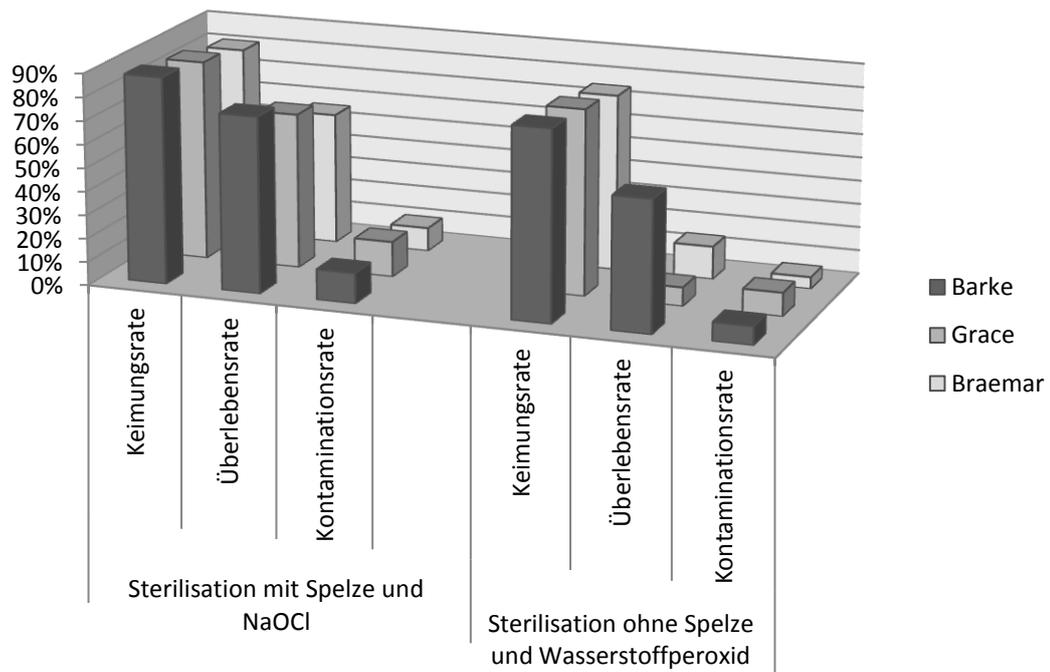
Überlebensraten um bis zu 50% und die Kontaminationsraten um 5% im Vergleich zu Methode 1 (Abbildung 3.7 A). Die Steigerungen der Kontaminationsraten unter Methode 2 sind durch folgende Umstände zu erklären: Erstens bestand durch das Beibehalten der Kornspelze eine höhere Kontaminationsgefahr und zweitens wurde durch die Bereitstellung eines optimalen Nährstoffangebots für Mikroorganismen durch das Nährmedium die schnellere Identifikation (nach 2 Tagen) von Kontaminationen erleichtert, und somit die Gefahr, kontaminierte Keimlinge umzusetzen, verringert.

A

### Vergleich der Keimungsversuche (Datentabelle)

<b>Methode 2:</b>		<i>Barke</i>	<i>Grace</i>	<i>Braemar</i>
<b>Sterilisation mit Spelze und NaOCl und Vorkeimung auf Nährmedium- Platten</b>	Keimungsrate	88%	85%	81%
	Überlebensrate	75%	66%	56%
	Kontaminationsrate	13%	15%	10%
<b>Methode 1:</b>				
<b>Sterilisation ohne Spelze und H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> und Vorkeimung auf MS-Platten</b>	Keimungsrate	81%	79%	75%
	Überlebensrate	56%	8%	14%
	Kontaminationsrate	8%	10%	5%

B



**Abbildung 3.7** Vergleich der Ergebnisse der Keimungsversuche der zwei unterschiedlichen Sterilisations- und Vorkeimungs-Methoden. Darstellung der Keimungs-, Überlebens- und Kontaminationsraten an 3 Gerstensorten (B) mit Datentabelle (A).

Das Gerstenset, bestehend aus 6 Sorten, wurde folgend, wie in Abschnitt 2.2.1.2.2 erläutert, unter 4 verschiedenen Bedingungen im axenischen System angezogen. Durchschnittlich waren noch etwa 30% der Pflanzen nach 16-tägigem Wachstum kontaminiert, degeneriertes Pflanzenwachstum wurde nicht mehr beobachtet.

### **3.2 Repräsentative Wurzelbilder**

Um das Wurzelsystem der 6 untersuchten Gerstensorten qualitativ vergleichen zu können, wurde jeweils die Pflanze pro Sorte und Behandlung ermittelt, deren Wurzelsystem repräsentativ ist.

Als repräsentative Pflanze wird diejenige definiert, die dem Idealbild der jeweiligen Sorte und Behandlung am deutlichsten entspricht. Das Idealbild der Pflanze wird berechnet, indem aus allen Pflanzen einer Sorte und Behandlung ein Medianvektor der 19 Wurzelparameter erstellt wird. Danach wird mit dem in Abschnitt 2.2.7 beschriebenen Berechnungsverfahren die repräsentative Pflanze ermittelt.

Die in Abbildung 3.8 dargestellten Wurzelbilder zeigen die repräsentative Auswahl der in dieser Arbeit verwendeten Gerstensorten unter 4 verschiedenen Bedingungen.

**Kontrolle**

**PEG**

**Phosphat-  
mangel**

**Nitratmangel**

*Wisa*



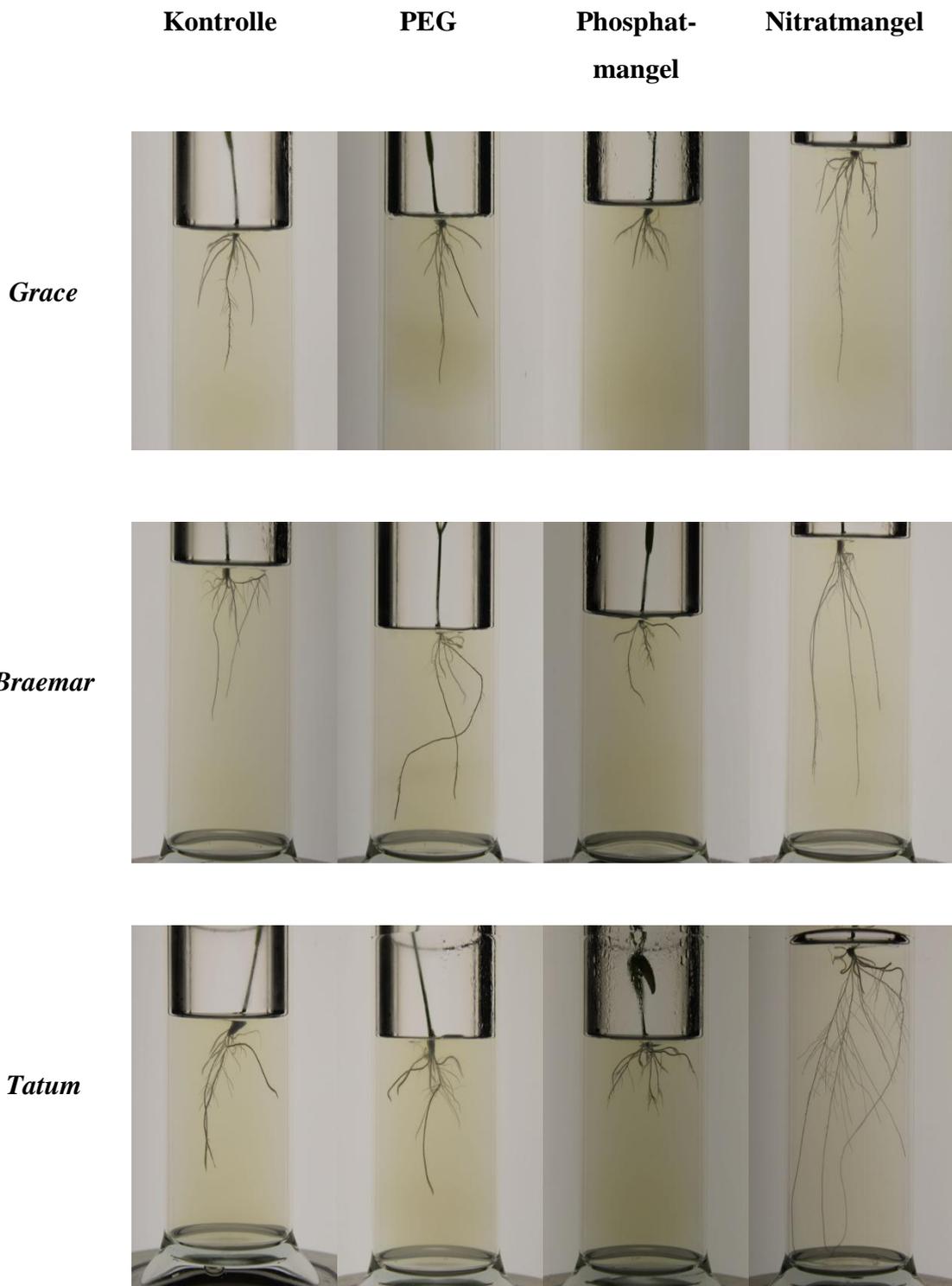
*LfL  
24727*



*Barke*



**Abbildung 3.8**



**Abbildung 3.8** Auswahl der repräsentativen Wurzelbilder aus dem Gerstenset (Abschnitt 2.2.7)

Bei dem qualitativen Vergleich der Kontrollpflanzen aus Abbildung 3.6 war erkennbar, dass die Sorten unterschiedliche charakteristische Ausprägungen des Wurzelsystems bilden. So unterschied sich bei der Betrachtung des Gesamtwurzelsystems z. B. die tatsächliche Größe zwischen den Sorten. Die Sorten *Barke* und *Grace* zeigten ein kleineres Wurzelsystem im Gegensatz zu den übrigen Sorten.

Weiterhin konnte beobachtet werden, dass alle Sorten eine deutliche Reaktion auf Nitratmangel, im Vergleich zur jeweiligen Kontrolle, zeigten. Eine Vergrößerung des gesamten Wurzelsystems und ein tieferes Eindringen der Wurzeln nach unten in das Wachstumsmedium, konnte für alle Sorten beobachtet werden. Im Gegensatz dazu verringerte sich das Wurzelsystem aller Sorten während des Wachstums im Medium mit Phosphatmangel. Unterschiede in der Wurzelarchitektur der Pflanzen während der PEG-Behandlung konnten visuell nicht klar erkannt werden.

Einige Unterschiede zeigten sich auch bei der Ausprägung des Wachstums von Lateralwurzeln. So entwickelte z. B. die Sorte *Tatum* ein vermehrtes Wachstum von Lateralwurzeln und somit ein stärker verzweigtes Wurzelsystem im Vergleich zu den anderen Behandlungen. Die Sorten *Barke* und *Grace* wiederum, wiesen im Kontrollmedium ein mit weniger Lateralwurzeln ausgestattetes Wurzelsystem auf als die 4 weiteren Sorten.

Die qualitative Beurteilung der repräsentativen Wurzelbilder liefert eine gute Möglichkeit, um Genotyp-spezifische Eigenschaften des Wurzelsystems zu betrachten.

### **3.3 Statistische Analysen der Wurzelarchitektur**

Zur Beurteilung der quantitativen Merkmale der Wurzelarchitektur des Gerstensets erfolgte die statistische Auswertung der von GiA Roots berechneten Wurzelparameter. In dieser Arbeit erfolgte die Auswertung der Daten von 273 Einzelpflanzen aus 6 Gerstensorten unter 4 verschiedenen Behandlungen, von denen jeweils bis zu 36 Aufnahmen des Wurzelsystems pro Individuum verwendet wurden. Die Berechnungen wurden mit dem Statistikprogramm R durchgeführt.

Die explorative Datenanalyse gab einen ersten Überblick über die Struktur und Verteilung der gemessenen Wurzelparameter. Die Überprüfung auf Normalverteilung erfolgte durch Begutachtung von Histogrammen und Q-Q-Plots der einzelnen Parameter anhand der Kontrollpflanzen und ergab eine annähernde Normalverteilung der überprüften Parameter. Unter Verwendung des Levene-Tests konnte eine Varianzhomogenität innerhalb der einzelnen Parameter der verschiedenen Sorten größtenteils nachgewiesen werden und lässt die Varianzhomogenität in den Grundgesamtheiten annehmen. Die zwei Hauptvoraussetzungen (Rudolf und Kuhlisch, 2008; Czado und Schmidt, 2011) zur Verwendung der Varianzanalyse wurden weitestgehend erfüllt.

Die Ausgabelisten der GiA Roots Wurzelparameter wurden, wie in Abschnitt 2.2.5 geschildert, reduziert und für die folgenden Analysen als reduzierte Parameterlisten verwendet. Die Ergebnisse der deskriptiven Auswertung dieser Daten (arithmetisches Mittel, Median, Standardabweichung, Minimum, Maximum und Spannweite) können im Anhang, Abschnitt 5.2 in den Tabellen 5.3 bis 5.6 eingesehen werden. Desweiteren zeigen die Box-Plots der einzelnen Wurzelparameter in den folgenden Abschnitten Einzelheiten über die Verteilungen der Daten der jeweiligen Sorten.

### **3.3.1 Unterschiedliche Reaktion der Wurzelarchitektur innerhalb der Sorte**

Die reduzierten Parameterlisten wurden verwendet, um die 95% Konfidenzintervalle (Abschnitt 2.2.5) für jeden der 19 Wurzelparameter pro Gerstensorte und Behandlung zu berechnen. Die Ergebnisse der oberen und unteren Grenzen der 95% Konfidenzintervalle befinden sich im Anhang, Abschnitt 5.3 in den Tabellen 5.7 bis 5.12.

Der Vergleich der 95% Konfidenzintervalle der Kontrollen auf Überschneidung mit den 95% Konfidenzintervallen der Stressbehandlungen einer Sorte erlaubt das direkte Ablesen signifikanter Unterschiede. Signifikante Unterschiede ( $\alpha=0,05$ ) zwischen den Kontroll- und Stressbehandlungen innerhalb der Sorten wurden in den folgenden Abschnitten mit zwei Sternen markiert.

#### **3.3.1.1 Die Wurzelarchitektur der Sorte *Wisa* zeigt signifikante Unterschiede bei Nitratmangel**

Weder bei Phosphatmangel noch während der PEG-Behandlung zeigte das Wurzelsystem der Sorte *Wisa*, im Vergleich zu den Kontrollpflanzen, signifikante Unterschiede. Allerdings traten signifikante Unterschiede während des Nitratmangels auf. Dabei erhöhten sich 8 der 19 gemessenen Wurzelparameter, wie in Tabelle 3.1 dargestellt.

Der Parameter Network.Convex.Area (12) zeigte mit 86% Steigerung den höchsten erzielten Unterschied an. Weitere signifikante Erhöhungen zwischen 57% und 69% konnten für folgende Parameter beobachtet werden:

- Network.Depth (3)
- Major.Ellipse.Axis (6)
- Network.Area (11)
- Network.Perimeter (13)
- Network.Surface.Area (16)
- Network.Length (17)
- Network.Volume (18)

**Tabelle 3.1** Signifikante Unterschiede der Wurzelparameter der Sorte *Wisa* bei Vergleich der Kontrollpflanzen mit den Pflanzen bei Wachstum unter Nitratmangel.

GiA Roots-Parameter	Nitratmangel		
	sig. ** (diff)	$X_t - X_0$	$X_t - X_0$ [%]
1. Average.Root.Width.Diameter.[cm]	n.s.		
2. Network.Bushiness [n/n]	n.s.		
3. Network.Depth [cm]	** (+)	3,946	64,2
4. Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]	n.s.		
5. Network.Length.Distribution [n/n]	n.s.		
6. Major.Ellipse.Axis [cm]	** (+)	3,656	57,3
7. Maximum.Number.of.Roots [n]	n.s.		
8. Network.Width [cm]	n.s.		
9. Median.Number.of.Roots [n]	n.s.		
10. Minor.Ellipse.Axis [cm]	n.s.		
11. Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	** (+)	1,380	65,4
12. Network.Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]	** (+)	17,479	86,1
13. Network.Perimeter [cm]	** (+)	90,774	68,9
14. Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]	n.s.		
15. Specific.Root.Length [cm/cm <sup>3</sup> ]	n.s.		
16. Network.Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	** (+)	4,893	62,6
17. Network.Length [cm]	** (+)	42,688	62,1
18. Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]	** (+)	0,053	62,7
19. Network.Width.to.Depth.Ratio [cm/cm]	n.s.		

In Spalte 2 wurden die signifikanten Ergebnisse mit 2 Sternen markiert, n.s. (nicht signifikant) markiert die statistisch unbedeutenden Ergebnisse und (diff) veranschaulicht die Steigerung (+) oder die Minderung (-) des Wurzelparameters. Die Differenzen der arithmetischen Mittelwerte der Kontrolle ( $x_0$ ) und der Behandlung ( $x_t$ ) werden in Spalte 3 dargestellt, die relative Differenz in Prozent ( $x_t - x_0$  [%]) erfolgt in Spalte 4.

### 3.3.1.2 Signifikante Unterschiede der Wurzelarchitektur von Sorte *LfL24727* bei Phosphat- und Nitratmangel

Bei der Auswertung der Daten der Sorte *LfL24727* wurden signifikante Unterschiede der Wurzelarchitektur während des Wachstums auf phosphat- bzw. nitratarmen Medien nachgewiesen (Tabelle 3.2). Es waren keine statistisch bedeutsamen Reaktionen des Wurzelsystems während der PEG-Behandlung erkennbar.

Durch den Nitratmangel induziert, ergaben sich bei 10 der 19 gemessenen Wurzelparameter signifikante Unterschiede, wobei bei allen ein Anstieg der Werte nachgewiesen wurde:

- Network.Depth (3)
- Major.Ellipse.Axis (6)
- Minor.Ellipse.Axis (10)
- Network.Area (11)
- Network.Convex.Area (12)
- Network.Perimeter (13)
- Specific.Root.Length (15)
- Network.Surface.Area (16)
- Network.Length (17)
- Network.Volume (18)

Signifikante Unterschiede der Wurzelarchitektur während des Wachstums unter Phosphatmangel wurden bei 7 der 19 Parameter nachgewiesen. Hierbei handelte es sich ausschließlich um Verringerungen der Werte der folgenden Parameter:

- Network.Depth (3)
- Major.Ellipse.Axis (6)
- Minor.Ellipse.Axis (10)
- Network.Area (11)
- Network.Convex.Area (12)
- Network.Surface.Area (16)
- Network.Length (17)
- Network.Volume (18)

Die Ergebnisse der Auswertungen können offensichtlich mit den qualitativen Erkenntnissen aus den repräsentativen Wurzelbildern (Abbildung 3.6, Sorte *LjL24727*) bestätigt werden.

**Tabelle 3.2.** Signifikante Unterschiede der Wurzelparameter der Sorte *LfL24727* bei Vergleich der Kontrolle und der Phosphatmangel- bzw. Nitratmangel-Behandlung

GiA Roots-Parameter	Phosphatmangel			Nitratmangel		
	sign.** (diff)	$x_t - x_0$	$x_t - x_0$ [%]	sign. ** (diff)	$x_t - x_0$	$x_t - x_0$ [%]
1	n.s.			n.s.		
2	n.s.			n.s.		
3	** (-)	-2,361	-37,5	** (+)	3,062	48,7
4	n.s.			n.s.		
5	n.s.			n.s.		
6	** (-)	-1,958	-29,8	** (+)	2,907	44,2
7	n.s.			n.s.		
8	n.s.			n.s.		
9	n.s.			n.s.		
10	** (-)	-1,382	-32,8	** (+)	1,416	33,6
11	** (-)	-0,641	-29,5	** (+)	1,834	84,4
12	** (-)	-12,129	-51,1	** (+)	21,685	91,3
13	n.s.			** (+)	143,033	110,8
14	n.s.			n.s.		
15	n.s.			** (+)	206,821	29,1
16	** (-)	-2,211	-27,2	** (+)	6,664	82,0
17	n.s.			** (+)	71,417	107,6
18	** (-)	-0,030	-31,0	** (+)	0,058	61,2
19	n.s.			n.s.		

Spalte 1 gibt die Identifikationsnummern der GiA Roots Parameter an (Abschnitt 2.2.4 oder Tabelle 3.1). Sign.\*\* zeigt signifikante Ergebnisse aus dem Konfidenzintervallvergleich, n.s. gibt nichtsignifikante Ergebnisse wieder, (diff) veranschaulicht eine Steigerung (+) oder eine Minderung (-) des Wurzelparameters. Die Differenzen der arithmetischen Mittelwerte der Kontrolle ( $x_0$ ) und der Behandlung ( $x_t$ ) werden in Spalten dargestellt, die relative Differenz in Prozent wird jeweils in den Spalten  $x_t - x_0$  [%] angezeigt.

### 3.3.1.3 Nachweis signifikanter Unterschiede der Wurzelparameter der Sorte *Barke* bei Nitratmangel

Bei der Auswertung der 95% Konfidenzintervalle zeigte die Sorte *Barke*, ähnlich wie die Sorte *Wisa* (Abschnitt 3.3.1.1), ausschließlich während des Nitratmangels signifikante Reaktionen der Wurzelparameter im Vergleich zur Kontrolle (Tabelle

3.3). Jedoch wiesen folgende 3 der 19 Parameter geringere Werte auf als die der Kontrollpflanzen:

- Average.Root.Diameter (1)
- Network.Solidity (14)
- Network.Width.to.Depth.Ratio (19)

Insgesamt zeichneten sich 11 der 19 Parameter durch signifikante Steigerung der Parameterwerte aus:

- Network.Depth (3)
- Major.Ellipse.Axis (6)
- Network.Width (8)
- Minor.Ellipse.Axis (10)
- Network.Area (11)
- Network.Convex.Area (12)
- Network.Perimeter (13)
- Specific.Root.Length (15)
- Network.Surface.Area (16)
- Network.Length (17)
- Network.Volume (18)

Wie zuvor schon bei den Sorten *Wisa* (Tabelle 3.1) und *LfL24727* (Tabelle 3.2) dargestellt, reagierte auch die Sorte Barke mit teilweise extremen Erhöhungen einiger Wurzelparameter. So zeigte der Parameter Network.Convex.Area (12), der die Fläche der konvexen Hülle des Wurzelnetzwerkes beschreibt, eine Erhöhung um 300% im Vergleich zu den Kontrollpflanzen.

Die Reduzierung der Parameter Average.Root.Diameter (1), Network.Solidity (14) und Network.Width.to.Depth.Ratio (19) hingegen führen zu der Annahme, dass die gesamte Wurzelarchitektur bzw. die Gestalt des Wurzelnetzwerkes zarter und feiner erscheint.

**Tabelle 3.3** Signifikante Unterschiede der Wurzelparameter der Sorte *Barke* im Vergleich der Kontrolle mit der Nitratmangel-Behandlung

GiA Roots- Parameter	Nitratmangel		
	sign.** (diff)	$x_t - x_0$	$x_t - x_0$ [%]
1	** (-)	-0,003	-8,7
2	n.s.		
3	** (+)	6,191	173,8
4	n.s.		
5	n.s.		
6	** (+)	5,325	117,6
7	n.s.		
8	** (+)	1,506	41,1
9	n.s.		
10	** (+)	2,137	85,1
11	** (+)	1,454	118,6
12	** (+)	29,835	300,9
13	** (+)	108,439	151,2
14	** (-)	-0,067	-48,1
15	** (+)	183,997	26,3
16	** (+)	4,992	107,1
17	** (+)	49,212	129,3
18	** (+)	0,045	82,0
19	** (-)	-0,592	-51,4

Spalte 1 gibt die Identifikationsnummern der GiA Roots Parameter an (Abschnitt 2.2.4 oder Tabelle 3.1). In Spalte 2 wurden die signifikanten Ergebnisse mit 2 Sternen markiert, n.s. (nicht signifikant) markiert die statistisch unbedeutenden Ergebnisse und (diff) veranschaulicht eine Steigerung (+) oder eine Minderung (-) des Wurzelparameters. Die Differenzen der arithmetischen Mittelwerte der Kontrolle ( $x_0$ ) und der Behandlung ( $x_t$ ) werden in Spalte 3 dargestellt, die relative Differenz in Prozent ( $x_t - x_0$  [%]) erfolgt in Spalte 4.

### 3.3.1.4 Die Sorte *Grace* zeigt deutliche Veränderungen der Wurzelarchitektur bei allen Behandlungen

Bei der Sorte *Grace* wurden signifikante Unterschiede der Wurzelparameter zwischen den Kontrollpflanzen und jeder der Stressbehandlungen nachgewiesen (Tabelle 3.4).

Wie in Tabelle 3.4 beschrieben, reagierte der Wurzelparameter Network.Solidity (14) mit einer 24%-igen Reduktion während der PEG-Behandlung. Die Parameter

Network.Bushiness (2), Network.Depth (3) und Network.Length.Distribution (5) zeigten Erhöhungen bis zu 55%.

Weiterhin wurden bei 10 von 19 Wurzelparametern während dem Phosphatmangel signifikante Unterschiede nachgewiesen. Dabei war nur der Parameter Network.Solidity (14) erhöht, die folgenden Parameter zeigten verringerte Werte:

- Network.Depth (3)
- Major.Ellipse.Axis (6)
- Minor.Ellipse.Axis (10)
- Network.Area (11)
- Network.Convex.Area (12)
- Network.Perimeter (13)
- Network.Surface.Area (16)
- Network.Length (17)
- Network.Volume (18)

Im Vergleich mit den zuvor untersuchten Gerstensorten traten bei der Sorte *Grace* zwar auch signifikant veränderte Wurzelparameter während der Nitratmangel-Behandlung auf, jedoch waren nur 5 der 19 Parameter verändert. Network.Solidity (14) und Network.Width.to.Depth.Ratio (19) waren vermindert, Network.Depth (3), Network.Convex.Area (12) und Network.Perimeter (13) hingegen erhöht.

**Tabelle 3.4** Signifikante Unterschiede der Wurzelparameter der Sorte *Grace* im Vergleich der Kontrolle mit den 3 Stressbehandlungen

Parameter	PEG			Phosphatmangel			Nitratmangel		
	sign.** (diff)	$x_t - x_0$	$x_t - x_0$ [%]	sign.** (diff)	$x_t - x_0$	$x_t - x_0$ [%]	sign.* * (diff)	$x_t - x_0$	$x_t - x_0$ [%]
1	n.s.			n.s.			n.s.		
2	** (+)	0,741	40,4	n.s.			n.s.		
3	** (+)	1,568	39,9	** (-)	-1,522	-38,8	** (+)	4,008	102,1
4	n.s.			n.s.			n.s.		
5	** (+)	0,793	54,9	n.s.			n.s.		
6	n.s.			** (-)	-1,370	-27,6	n.s.		
7	n.s.			n.s.			n.s.		
8	n.s.			n.s.			n.s.		
9	n.s.			n.s.			n.s.		
10	n.s.			** (-)	-0,981	-34,3	n.s.		
11	n.s.			** (-)	-0,560	-35,3	n.s.		
12	n.s.			** (-)	-6,474	-50,5	** (+)	12,326	96,2
13	n.s.			** (-)	-36,937	-36,9	** (+)	52,661	52,5
14	** (-)	-0,033	-24,7	** (+)	0,035	26,5	** (-)	-0,036	-27,3
15	n.s.			n.s.			n.s.		
16	n.s.			** (-)	-1,996	-33,3	n.s.		
17	n.s.			** (-)	-17,383	-33,0	n.s.		
18	n.s.			** (-)	-0,021	-31,5	n.s.		
19	n.s.			n.s.			** (-)	-0,491	-44,4

Spalte 1 gibt die Identifikationsnummern der GiA Roots Parameter an (Abschnitt 2.2.4 oder Tabelle 3.1). Sign.\*\* zeigt signifikante Ergebnisse aus dem Konfidenzintervallvergleich, n.s. gibt nichtsignifikante Ergebnisse wieder, (diff) veranschaulicht eine Steigerung (+) oder eine Minderung (-) des Wurzelparameters. Die Differenzen der arithmetischen Mittelwerte der Kontrolle ( $x_0$ ) und der Behandlung ( $x_t$ ) werden in Spalten dargestellt, die relative Differenz in Prozent wird jeweils in den Spalten  $x_t - x_0$  [%] angezeigt.

### 3.3.1.5 Die Sorte *Braemar* reagiert auf alle Behandlungen mit signifikanten Unterschieden der Wurzelarchitektur

Die Sorte *Braemar* zeigte ähnliche Reaktionen bzgl. der Sensitivität der Wurzelarchitektur auf die Stressbehandlungen wie die oben beschriebene Sorte *Grace* (Abschnitt 3.3.1.4). Signifikante Unterschiede in der Wurzelreaktion wurden bei allen Stressbehandlungen im Vergleich mit der Kontrolle nachgewiesen (Tabelle 3.5).

Durch die PEG-Behandlung, ergaben sich bei 4 der 19 gemessenen Wurzelparameter signifikante Unterschiede. Wobei Maximum.Number.of.Roots (7) und Network.Solidity (14) kleinere Werte, und Network.Depth (3) und Major.Ellipse.Axis (6) größere Werte als die Kontrollen annahmen.

Signifikante Unterschiede der Wurzelarchitektur während des Wachstums unter Phosphatmangel wurden bei 5 der 19 Parameter nachgewiesen. Hierbei handelte es sich, mit Ausnahme des Parameters Network.Width.to.Depth.Ratio (19), im wesentlichen jedoch um Verringerungen der Werte der folgenden Parameter:

- Network.Depth (3)
- Network.Area (11)
- Network.Surface.Area (16)
- Network.Perimeter (13)

Deutlich mehr signifikante Unterschiede wurden durch die nitratarme Behandlung, festgestellt. Insgesamt zeichneten sich 13 der 19 Parameter durch signifikante Veränderungen im Vergleich zur Kontrolle aus. Die Parameter Network.Solidity (14) und Network.Width.to.Depth.Ratio (19) wiesen um bis zu 35% geringere Werte auf. Die folgenden gemessenen Parameter zeigten Erhöhungen von 30% bis zu 180%:

- Network.Depth (3)
- Major.Ellipse.Axis (6)
- Network.Width (8)
- Median.Number.of.Roots (9)
- Minor.Ellipse.Axis (10)
- Network.Area (11)
- Network.Convex.Area (12)
- Network.Perimeter (13)
- Network.Surface.Area (16)
- Network.Length (17)
- Network.Volume (18)

**Tabelle 3.5** Signifikante Unterschiede der Wurzelparameter der Sorte *Braemar* im Vergleich der Kontrolle mit den 3 Stressbehandlungen

Parameter	PEG			Phosphatmangel			Nitratmangel		
	sign.** (diff)	$x_t-x_0$	$x_t-x_0$ [%]	sign.** (diff)	$x_t-x_0$	$x_t-x_0$ [%]	sign.** (diff)	$x_t-x_0$	$x_t-x_0$ [%]
1	n.s.			n.s.			n.s.		
2	n.s.			n.s.			n.s.		
3	** (+)	2,056	35,1	** (-)	-2,340	-39,9	** (+)	5,456	93,1
4	n.s.			n.s.			n.s.		
5	n.s.			n.s.			n.s.		
6	** (+)	2,330	38,2	n.s.			** (+)	5,058	83,0
7	** (-)	-4,894	-39,3	n.s.			n.s.		
8	n.s.			n.s.			** (+)	1,710	42,0
9	n.s.			n.s.			n.s.	1,200	32,8
10	n.s.			n.s.			** (+)	2,029	59,8
11	n.s.			** (-)	-0,503	-29,0	** (+)	1,855	107,0
12	n.s.			n.s.			** (+)	32,757	182,9
13	n.s.			** (-)	-33,404	-30,8	** (+)	131,174	120,9
14	** (-)	-0,034	-31,2	n.s.			** (-)	-0,038	-34,7
15	n.s.			n.s.			n.s.		
16	n.s.			** (-)	-1,748	-26,8	** (+)	6,507	99,7
17	n.s.			n.s.			** (+)	61,153	107,5
18	n.s.			n.s.			** (+)	0,064	88,3
19	n.s.			** (+)	0,524	73,2	** (-)	-0,207	-29,0

Spalte 1 gibt die Identifikationsnummern der GiA Roots Parameter an (Abschnitt 2.2.4 oder Tabelle 3.1). Sign.\*\* zeigt signifikante Ergebnisse aus dem Konfidenzintervallvergleich, n.s. gibt nichtsignifikante Ergebnisse wieder, (diff) veranschaulicht eine Steigerung (+) oder eine Minderung (-) des Wurzelparameters. Die Differenzen der arithmetischen Mittelwerte der Kontrolle ( $x_0$ ) und der Behandlung ( $x_t$ ) werden in Spalten dargestellt, die relative Differenz in Prozent wird jeweils in den Spalten  $x_t-x_0$  [%] angezeigt.

### 3.3.1.6 Nachweis signifikanter Unterschiede der Wurzelarchitektur der Sorte *Tatum* bei Phosphat- und Nitratmangel

Bei der Auswertung der Daten der Sorte *Tatum* wurden signifikante Unterschiede der Wurzelarchitektur während der Phosphatmangel- und der Nitratmangel-Behandlung festgestellt (Tabelle 3.6). Signifikante Veränderungen des Wurzelsystems während der PEG-Behandlung waren nicht festzustellen.

Bei 9 der 19 Wurzelparameter wurden, bedingt durch Phosphatmangel, signifikante Unterschiede nachgewiesen. Dabei war nur der Parameter Network.Solidity (14) um 38% erhöht und die folgenden Parameter wiesen verringerte Werte auf:

- Network.Depth (3)
- Major.Ellipse.Axis (6)
- Minor.Ellipse.Axis (10)
- Network.Area (11)
- Network.Convex.Area (12)
- Network.Perimeter (13)
- Network.Surface.Area (16)
- Network.Length (17)

Bei den durch Nitratmangel verursachten signifikanten Unterschieden wurde bei folgenden 10 Parametern ein Anstieg der Werte nachgewiesen:

- Network.Depth (3)
- Major.Ellipse.Axis (6)
- Network.Width (8)
- Minor.Ellipse.Axis (10)
- Network.Area (11)
- Network.Convex.Area (12)
- Network.Perimeter (13)
- Network.Surface.Area (16)
- Network.Length (17)
- Network.Volume (18)

Ausgeprägte Steigerungen der Werte waren bei den Parametern Network.Convex.Area (12) mit 150% und Network.Perimeter (13) mit 121% zu beobachten.

**Tabelle 3.6** Signifikante Unterschiede der Wurzelparameter der Sorte *Tatum* im Vergleich der Kontrolle mit der Phosphatmangel- bzw. Nitratmangel-Behandlung.

GiA Roots-Parameter	Phosphatmangel			Nitratmangel		
	sign.** (diff)	$x_t - x_0$	$x_t - x_0$ [%]	sign.** (diff)	$x_t - x_0$	$x_t - x_0$ [%]
1	n.s.			n.s.		
2	n.s.			n.s.		
3	* (-)	-1,917	-35,0	* (+)	5,210	95,1
4	n.s.			n.s.		
5	n.s.			n.s.		
6	* (-)	-1,715	-25,9	* (+)	4,255	64,2
7	n.s.			n.s.		
8	n.s.			* (+)	1,036	19,0
9	n.s.			n.s.		
10	* (-)	-1,209	-31,8	* (+)	1,825	48,1
11	* (-)	-0,578	-27,6	* (+)	2,020	96,6
12	* (-)	-10,840	-49,6	* (+)	32,922	150,7
13	* (-)	-40,463	-30,9	* (+)	158,740	121,0
14	* (+)	0,040	38,4	n.s.		
15	n.s.			n.s.		
16	* (-)	-2,206	-27,6	* (+)	7,341	91,8
17	* (-)	-21,444	-30,8	* (+)	77,784	111,7
18				* (+)	0,066	70,6
19						

Spalte 1 gibt die Identifikationsnummern der GiA Roots Parameter an (Abschnitt 2.2.4 oder Tabelle 3.1). Sign.\*\* zeigt signifikante Ergebnisse aus dem Konfidenzintervallvergleich, n.s. gibt nichtsignifikante Ergebnisse wieder, (diff) veranschaulicht eine Steigerung (+) oder eine Minderung (-) des Wurzelparameters. Die Differenzen der arithmetischen Mittelwerte der Kontrolle ( $x_0$ ) und der Behandlung ( $x_t$ ) werden in Spalten dargestellt, die relative Differenz in Prozent wird jeweils in den Spalten  $x_t - x_0$  [%] angezeigt.

### 3.3.1.7 Rückschlüsse aus der Untersuchung der Wurzelarchitektur innerhalb der einzelnen Sorten

Die Untersuchungen der Wurzelarchitektur innerhalb der einzelnen Sorten unter verschiedenen Umweltbedingungen (Abschnitt 3.3.1) in einem axenischen System führten zu folgenden Ergebnissen:

- (a) Bei den untersuchten Gerstensorten stellte sich heraus, dass die Sorten unterschiedliche Verhaltensweisen auf die Stressbehandlungen zeigten.

- Die Sorten *Grace* und *Braemar* reagierten mit veränderten Wurzelparametern auf die PEG-Behandlung. Die weiteren 4 Sorten zeigten keine statistisch wesentlichen Differenzen.
- Auf die Phosphatmangel-Behandlung konnten bei den Sorten *LfL24727*, *Grace*, *Braemar* und *Tatum* signifikante Unterschiede in der Wurzelarchitektur belegt werden. Die Sorten *Wisa* und *Barke* zeigten keine statistisch wesentlichen Unterschiede auf.
- Der Mangel an Nitrat im Wachstumsmedium jedoch zeigte auf alle Sorten Wirkung. Die Folge war eine Änderung des Wurzelsystems mit ausgeprägten Unterschieden der Wurzelarchitektur im Vergleich zu den Kontrollen.

#### (b) Wurzelarchitektur und PEG-Behandlung

Bei der Betrachtung der veränderten, durch osmotischen Stress beeinflussten Wurzelparameter, stellte sich heraus, dass die Parameter den Gruppen Netzwerkverteilung und Netzwerkausdehnung (Abschnitt 2.2.4, Tabelle 2.5) zugeordnet werden. Bei den beiden Sorten *Grace* und *Braemar* waren jeweils 4 Wurzelparameter signifikant verändert im Vergleich zur jeweiligen Kontrolle. Die Verringerung des Parameters Network.Solidity (14) bei beiden Sorten und die Verkleinerung von Maximum.Number.of.Roots (7) bei Sorte *Braemar* sowie die Steigerung von Network.Bushiness (2) und Network.Length.Distribution (5) der Sorte *Grace* implizieren eine räumliche Umgestaltung der Wurzelarchitektur. Ein Anstieg von Network.Depth (3) über 35% bestätigt dies ebenfalls.

#### (c) Wurzelarchitektur und Phosphatmangel

Die Sorte *Braemar* reagierte auf den Phosphatmangel, verglichen mit den Sorten *Grace*, *LfL24727* und *Tatum* weniger empfindlich. *Braemar* wies 5 signifikante Veränderungen auf, die weiteren Sorten zwischen 7 und 10 Unterschiede.

Interessanterweise veränderte sich unter Phosphatmangel eine Vielzahl der auch unter Nitratmangel signifikanten Wurzelparameter. Generell jedoch in die entgegengesetzte Richtung, d.h. in Form von reduziertem Wachstum.

Die Sorten *Grace*, *LfL24727* und *Tatum* zeigten eine Erhöhung des Parameters Network.Solidity (14). Dies bestätigte, dass das Wurzelnetzwerk innerhalb der

konvexen Hülle eine höhere Dichte aufweist als das Wurzelnetzwerk der Kontrollpflanzen. Ansonsten gehörten die veränderten Parameter den Gruppen Netzwerkgröße und Netzwerkausdehnung an. Das reduzierte Wachstum des Wurzelnetzwerkes (Abbildung 3.6) wurde auch durch die Analyse der Messwerte bestätigt.

#### (d) Wurzelarchitektur und Nitratmangel

Die Messdatenauswertung der Wurzelarchitektur ergab, dass alle 6 Sorten ausgeprägt auf Nitratmangel antworten. Die auffälligsten Veränderungen der Wurzelarchitektur wurden bei den Sorten *Barke* (14 signifikante Differenzen zur Kontrolle) und *Braemar* (13 signifikante Differenzen zur Kontrolle) festgestellt. Es stellte sich heraus, dass 11 der Wurzelparameter der beiden Sorten ähnlich reagieren. *Network.Solidity* (14) und *Network.Width.to.Depth.Ratio* (19) verringerten sich z. B. um bis zu 50%. Die Sorten *LfL24727* und *Tatum* zeigten jeweils 10 signifikant erhöhte Wurzelparameter. Weniger intensiv reagierte das Wurzelsystem der Sorten *Wisa* und *Grace*, wobei *Grace* den Nachzügler mit nur 5 Differenzen bildete.

### 3.3.2 Unterschiede des Wurzelsystems zwischen den Gerstensorten

In Abschnitt 3.3.1 wurden Ergebnisse auf die Frage, "Welche Unterschiede zeigt die Wurzelarchitektur **innerhalb** der einzelnen Gerstensorten im Vergleich der Kontrolle mit den verschiedenen Stressbehandlungen?", dargestellt. Um herauszufinden, inwiefern sich die Wurzelarchitektur **zwischen** den Sorten unterscheidet, und ob es Gerstensorten gibt, deren Wurzelarchitektur sowohl unter Kontroll- als auch unter Stressbedingungen ähnlich reagieren, wurden die Daten, wie in Abschnitt 2.2.5 beschrieben, analysiert. Die signifikanten Ergebnisse aus den jeweiligen unifaktoriellen Varianzanalysen (ANOVA) pro Wurzelparameter mit einem Signifikanzniveau von 5% wurden in den folgenden Darstellungen der Box-Plots, am entsprechenden Wurzelparameter mit zwei Sternen markiert. Ausreißer die zwischen dem 1,5-Fachen und dem 3-Fachen des Interquartilsabstands (IQR) liegen werden mit einem Punkt dargestellt, Ausreißer die größer als der 3-Fache IQR sind werden als Stern gekennzeichnet. Die deskriptiven Maßzahlen befinden sich im Anhang, Abschnitt 5.2. Der paarweise Vergleich der Gerstensorten pro Wurzelparameter wurde im Anschluss an die unifaktorielle ANOVA mittels Tukey-HSD-Verfahren (korrigiertes  $\alpha=0,05$ ) getestet und die signifikanten Ergebnisse in nachfolgenden Tabellen dargestellt. Abschließend wurden die Ergebnisse zusammengefasst und die Gerstensorten-Paare in Ähnlichkeitsgruppen eingeteilt. Die Einteilung erfolgte in 4 Ähnlichkeitsgruppen (A, B, C, D). Die Gruppe A bildete die Sortenpaare, die sich in keinem der 19 Parameter signifikant unterschieden, d. h. diese Paare wiesen eine sehr hohe Ähnlichkeit der Wurzelarchitektur auf. In die Gruppe B wurden die Sortenpaare eingeteilt, deren Wurzelarchitektur nur bei einem oder zwei Wurzelparametern signifikante Unterschiede zeigte. Die Gruppe C beinhaltete die Sortenpaare mit mindestens 3 und höchstens 7 signifikant unterschiedlichen Wurzelparametern. Und schließlich bildeten die Sortenpaare, deren Wurzelarchitektur sich in mindestens 8 Wurzelparametern signifikant unterschied, die Gruppe D.

### 3.3.2.1 Vergleich der Wurzelarchitektur der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter Kontrollbedingungen

Um die Verteilung der einzelnen Wurzelparameter der Sorten unter Kontrollbedingungen zu erfassen, erfolgt eine Darstellung der Box-Plots (Abbildung 3.9). Die Ergebnisse der univariablen Varianzanalysen befinden sich im Anhang, Abschnitt 5.4, Tabelle 5.13.

Es zeigte sich, dass 15 der 19 Wurzelparameter signifikante Unterschiede zwischen den Gruppen zeigten. Mindestens eine der Sorten wies daher deutlich unterschiedliche Werte pro signifikanten Parameter auf. Keine statistisch entscheidenden Unterschiede zeigten die Parameter Average.Root.Diameter (1), Ellipses.Axes.Ratio (4), Maximum.Number.of.Roots (7) und Network.Solidity (14).

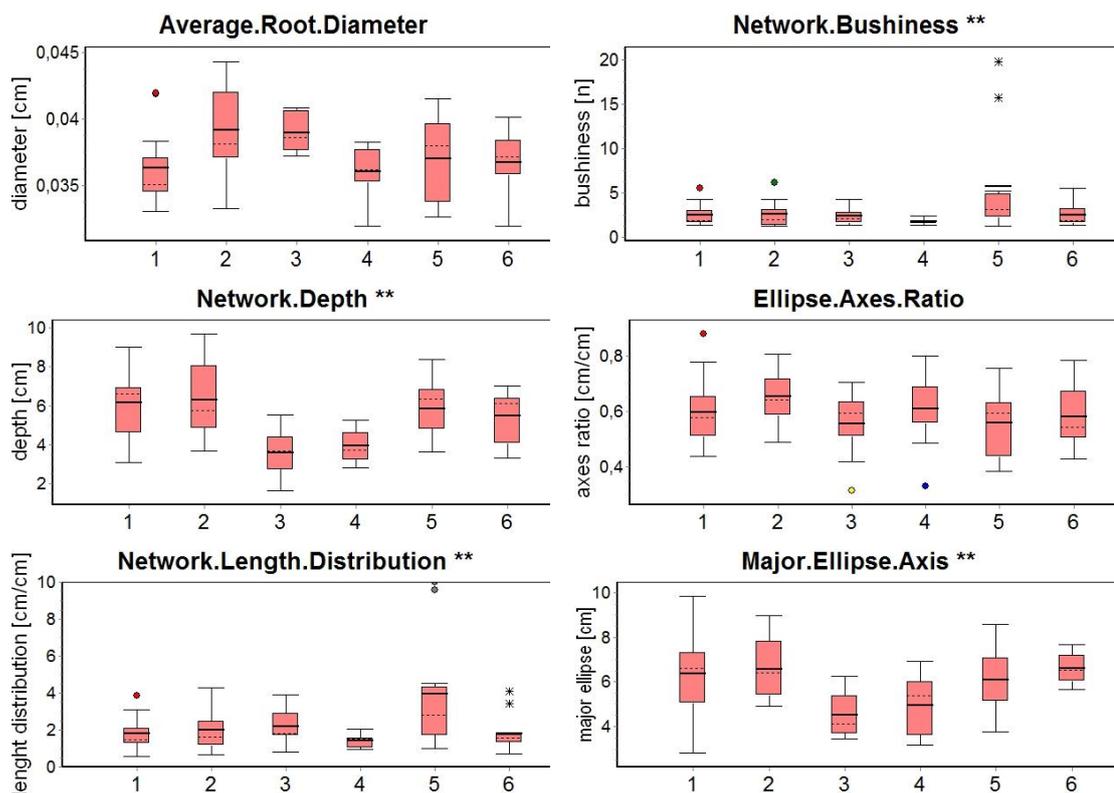


Abbildung 3.9

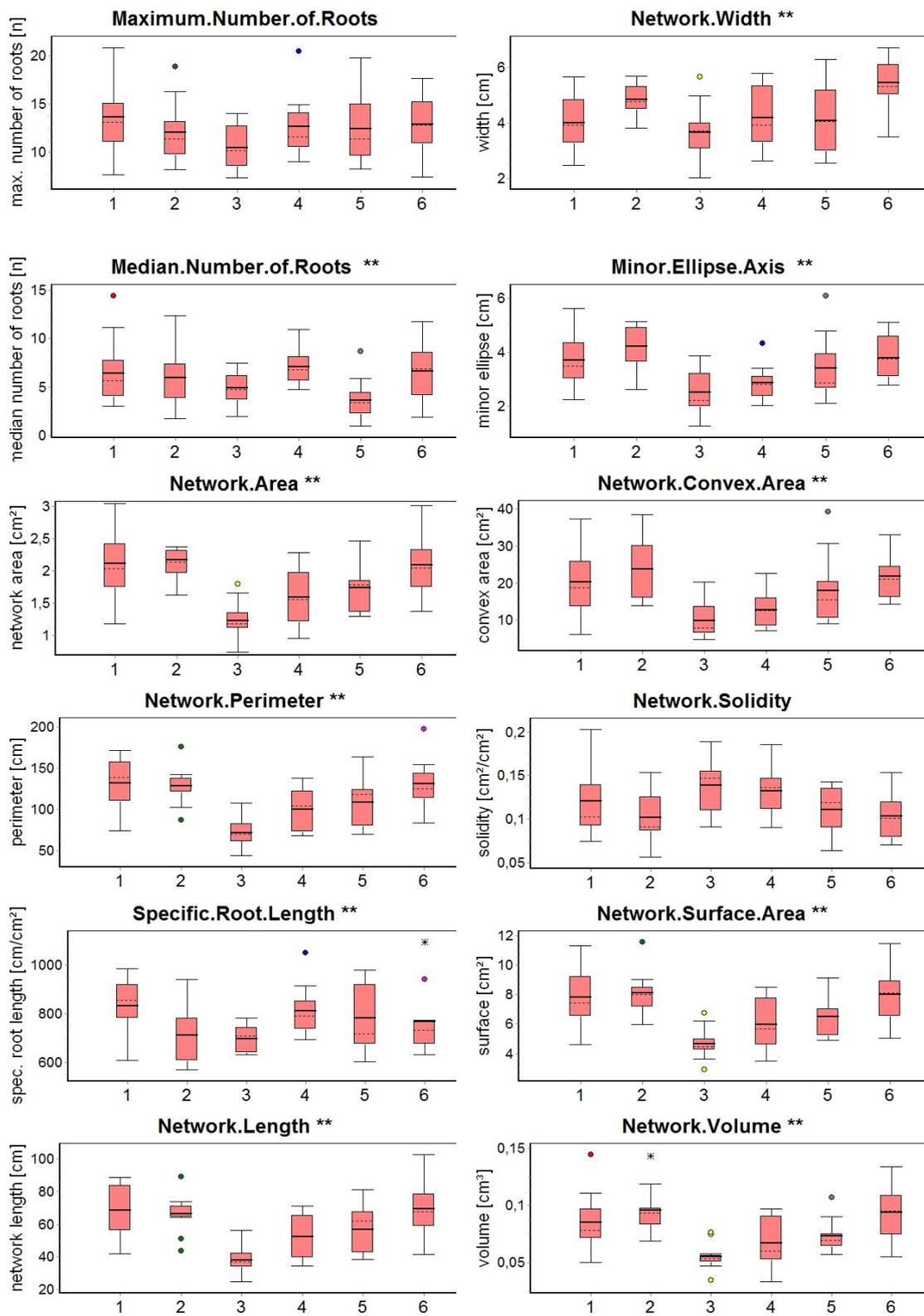
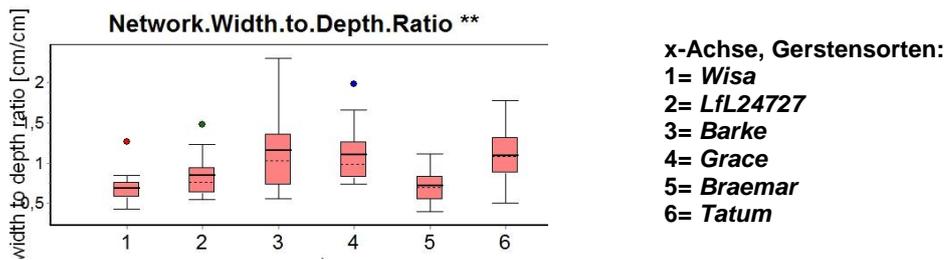


Abbildung 3.9 Fortsetzung



**Abbildung 3.9** Vergleich der Verteilungen der 19 Wurzelparameter der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter Kontrollbedingungen. Signifikante Ergebnisse der univariaten ANOVA (Anhang 5.4, Tabelle 5.13) werden mit 2 Sternen neben der Parameterbezeichnung berichtet. Die Box-Plots bilden die Verteilung der Daten der jeweiligen Parameter und Sorten ab. Die Grenzen der Box geben das untere (25%) und obere (75%) Quartil an, der Median (50% Quartil) wird als gestrichelte Linie und das arithmetische Mittel als durchgehende Linie innerhalb der Box dargestellt. Die Antennen markieren das Minimum und Maximum, Extremwerte werden als Punkt oder Stern gekennzeichnet. Pro Sorte wurden 11 bis 13 biologischen Replikationen durchgeführt.

Um herauszufinden, welche der Sorten sich signifikant voneinander unterscheiden, erfolgte der paarweise Vergleich mit dem Tukey-HSD-Test pro Wurzelparameter (Abschnitt 5.5, Tabelle 5.17). Die Ergebnisse der paarweisen Vergleiche wurden in einer strukturierten Übersicht (Tabelle 3.7) dargestellt.

**Tabelle 3.7** Strukturierte Darstellung der Ergebnisse aus den Tukey-HSD-Tests pro Parameter von Gerste bei Wachstum unter Kontrollbedingungen.

	Wisa-LfL24727	Wisa-Barke	Wisa-Grace	Wisa-Braemar	Wisa-Tatum	LfL24727-Barke	LfL24727-Grace	LfL-Braemar	LfL24727-Tatum	Barke-Grace	Barke-Braemar	Barke-Tatum	Grace-Braemar	Grace-Tatum	Braemar-Tatum
1. Average.Root.Width. Diameter [cm]															
2. Network.Bushiness [n/n]															
3. Network.Depth [cm]															
4. Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]															
5. Network.Length. Distribution [n/n]															
6. Major.Ellipse.Axis [cm]															
7. Maximum.Number.of. Roots [n]															
8. Network.Width [cm]															
9. Median.Number.of.R oots [n]															
10. Minor.Ellipse.Axis [cm]															
11. Network.Area [cm <sup>2</sup> ]															
12. Network.Convex. Area [cm <sup>2</sup> ]															
13. Network.Perimeter [cm]															
14. Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]															
15. Specific.Root.Length [cm/cm <sup>3</sup> ]															
16. Network.Surface. Area [cm <sup>2</sup> ]															
17. Network.Length [cm]															
18. Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]															
19. Network.Width.to. Depth.Ratio [cm/cm]															
<b>∑ (Summe)</b>	0	11	3	2	1	9	6	1	0	0	5	10	4	7	2

Pro Parameter (in der Tabelle pro Zeile) werden die signifikanten Ergebnisse (korrigierter p-Wert < 0,05) des post-hoc Tukey-HSD-Tests als grau markierte Zellen dargestellt. Die Summe der Anzahl der signifikant unterschiedlichen Wurzelparameter pro Gerstensorten-Paar werden in der letzten Zeile berichtet. Die statistisch nicht signifikanten Parameter sind in hellgrauer Schrift dargestellt.

Die Auswertung ergab (Tabelle 3.7), dass die Wurzelarchitektur von 3 Sortenpaaren ausgeprägte Ähnlichkeit aufwies und somit diese Paare in die Ähnlichkeitsgruppe A eingeteilt wurden. Dabei handelte es sich um folgende Sortenpaare:

- *Wisa-LfL24727*
- *LfL24727-Tatum*
- *Barke-Grace*

Die Ähnlichkeit der Wurzelarchitektur dieser 3 Sortenpaare konnte auch visuell über die repräsentativen Wurzelbilder (Abbildung 3.8) bzw. beim Vergleich der Verteilungen der einzelnen Parameter (Abbildung 3.9) bestätigt werden.

Weiterhin wurden 4 Sortenpaare in die Ähnlichkeitsgruppe B eingeteilt. Die Paare *Wisa-Tatum* und *LfL24727-Braemar* unterschieden sich signifikant nur jeweils um einen Wurzelparameter, *Network.Width* (8) bzw. *Network.Length.Distribution* (5). Die Sortenpaare *Braemar-Tatum* und *Wisa-Braemar* zeigten jeweils 2 signifikant veränderte Wurzelparameter. Das Paar *Braemar-Tatum* zeigte Veränderungen der Wurzelparameter *Network.Length.Distribution* (5) und *Network.Width* (8), bei *Wisa-Braemar* waren *Network.Bushiness* (2) und *Network.Length.Distribution* (5) unterschiedlich.

Die Einteilung in Ähnlichkeitsgruppe C erfolgte für folgende Sortenpaare:

- *Wisa-Grace* (3 unterschiedliche Wurzelparameter)
- *Grace-Braemar* (4 unterschiedliche Wurzelparameter)
- *Barke-Braemar* (5 unterschiedliche Wurzelparameter)
- *LfL24727-Grace* (6 unterschiedliche Wurzelparameter)
- *Grace-Tatum* (7 unterschiedliche Wurzelparameter)

Sorten, die in die Ähnlichkeitsgruppe C eingeteilt wurden, wiesen deutliche Unterschiede bezüglich der Wurzelnetzwerkgröße, -gestalt oder -ausdehnung auf.

Drei Sortenpaare, *Wisa-Barke*, *Tatum-Barke* und *LfL24727-Barke* zeigten schließlich eine ausgeprägte Diversität der Wurzelarchitektur. Das Paar *LfL24727-Barke* wies 9 signifikant unterschiedliche Wurzelparameter auf, gefolgt von *Tatum-Barke* mit 10 eindeutigen Unterschieden und *Wisa-Barke* mit 11 Unterschieden. Diese Paare wurden der Ähnlichkeitsgruppe D zugeordnet.

### 3.3.2.2 Vergleich der Wurzelarchitektur der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter PEG-Zusatz

Zur Überprüfung der Verteilungen der einzelnen Wurzelparameter der Sorten unter PEG-Zusatz erfolgte eine Darstellung der Box-Plots (Abbildung 3.10). Die Ergebnisse der univariellen Varianzanalysen befinden sich im Anhang, Abschnitt 5.4, Tabelle 5.14.

Es zeigte sich, dass 18 der 19 Wurzelparameter signifikante Unterschiede zwischen den Gruppen zeigten. Mindestens eine der Sorten wies daher deutlich unterschiedliche Werte pro signifikanten Parameter auf. Keinen signifikanten Unterschied zeigte der Parameter Ellipse.Axes.Ratio (4).

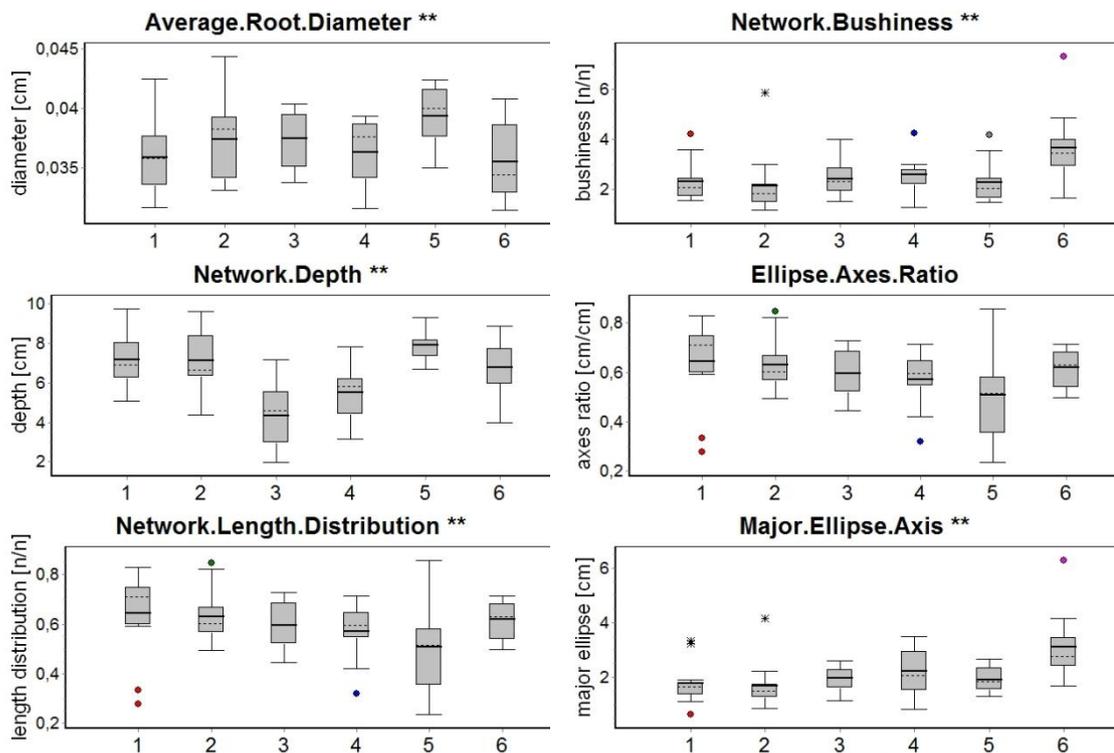


Abbildung 3.10

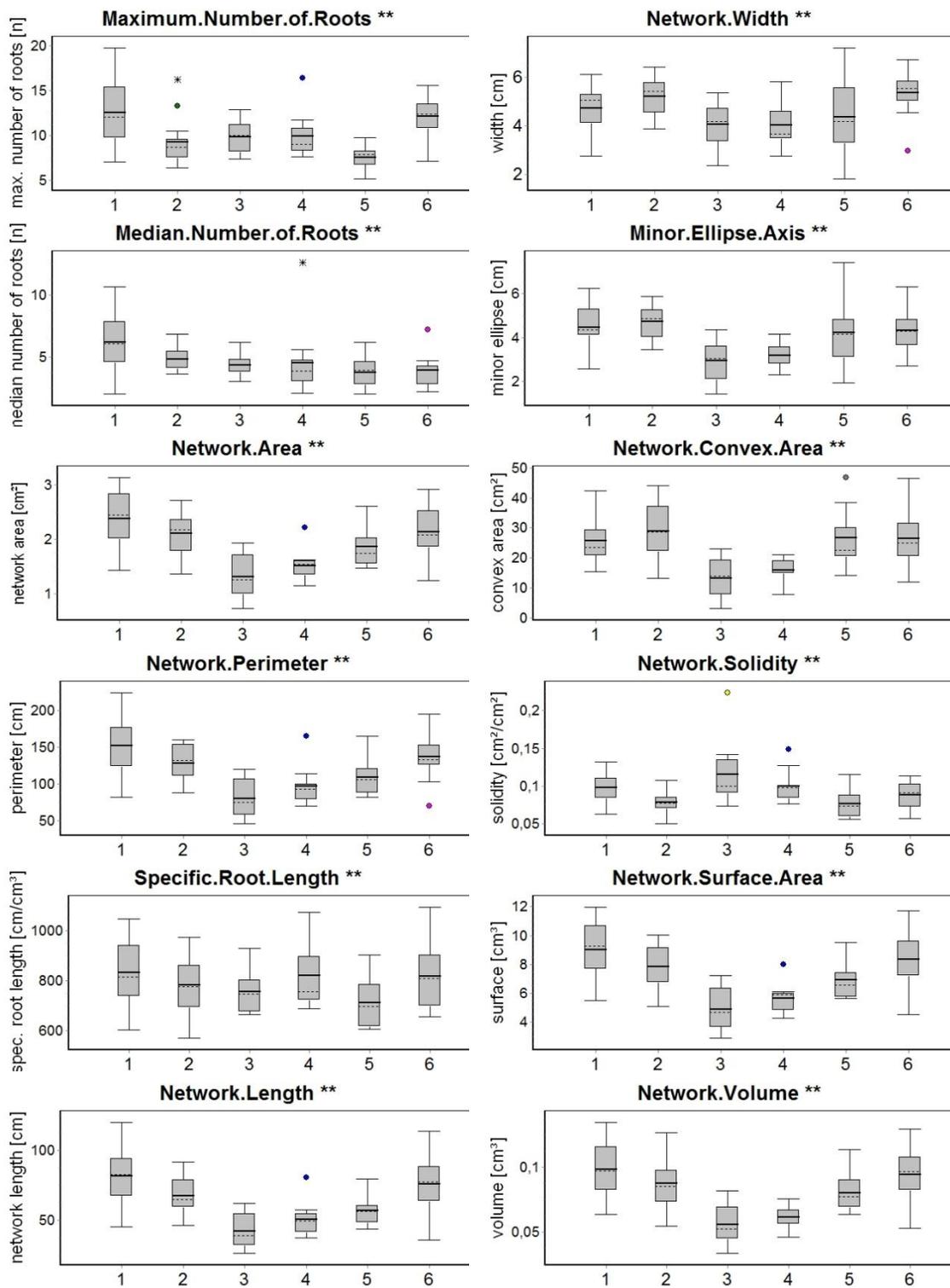
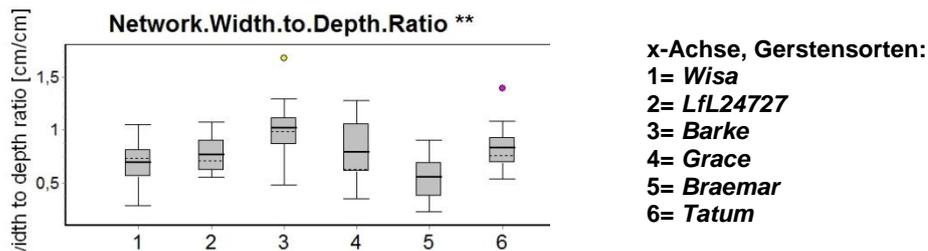


Abbildung 3.10 Fortsetzung



**Abbildung 3.10** Vergleich der Verteilungen der 19 Wurzelparameter der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter PEG-Behandlung. Signifikante Ergebnisse der univariablen ANOVA (Anhang 5.4, Tabelle 5.14) werden mit 2 Sternen neben der Parameterbezeichnung berichtet. Die Box-Plots bilden die Verteilung der Daten der jeweiligen Parameter und Sorten ab. Die Grenzen der Box geben das untere (25%) und obere (75%) Quartil an, der Median (50% Quartil) wird als gestrichelte Linie und das arithmetische Mittel als durchgehende Linie innerhalb der Box dargestellt. Die Antennen markieren das Minimum und Maximum, Extremwerte (Ausreißer) werden als Punkt oder Stern gekennzeichnet. Pro Sorte wurden 11 bis 13 biologischen Replikationen durchgeführt.

Wie Tabelle 3.8 zu entnehmen ist, wurden 2 Sortenpaare der Ähnlichkeitsgruppe A zugeordnet. Die Paare *LfL24727-Braemar* und *Barke-Grace* zeigten keine statistisch relevanten unterschiedlichen Wurzelparameter und wiesen somit eine sehr ähnliche Wurzelarchitektur auf. Zuordnung zur Ähnlichkeitsgruppe B erfolgte für die Paare *Wisa-LfL24727* und *LfL24727-Tatum*. Dabei zeigten *Wisa-LfL24727* eine signifikante Veränderung des Wurzelparameters *Maximum.Number.of.Roots* (7) und *LfL24727-Tatum* signifikante Unterschiede von *Network.Bushiness* (2) und *Network.Length.Distribution* (5).

Weiterhin wurden folgende 5 Sortenpaare in die Ähnlichkeitsgruppe C eingeteilt:

- *Grace-Braemar* (3 signifikant unterschiedliche Wurzelparameter)
- *Braemar-Tatum* (4 signifikant unterschiedliche Wurzelparameter)
- *Wisa-Braemar* (5 signifikant unterschiedliche Wurzelparameter)
- *LfL24727-Grace* (6 signifikant unterschiedliche Wurzelparameter)
- *Wisa-Grace* (7 signifikant unterschiedliche Wurzelparameter)

**Tabelle 3.8** Strukturierte Darstellung der Ergebnisse aus den Tukey-HSD-Tests pro Parameter von Gerste bei Wachstum unter PEG-Behandlung

	Wisa-LfL 24727	Wisa-Barke	Wisa-Grace	Wisa-Braemar	Wisa-Tatum	LfL 24727-Barke	LfL 24727-Grace	LfL-Braemar	LfL 24727-Tatum	Barke-Grace	Barke-Braemar	Barke-Tatum	Grace-Braemar	Grace-Tatum	Braemar-Tatum	
1. Average.Root.Width. Diameter [cm]																
2. Network.Bushiness [n/n]																
3. Network.Depth [cm]																
4. Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]																
5. Network.Length. Distribution [n/n]																
6. Major.Ellipse.Axis [cm]																
7. Maximum.Number.of. Roots [n]																
8. Network.Width [cm]																
9. Median.Number.of. Roots [n]																
10. Minor.Ellipse.Axis [cm]																
11. Network.Area [cm <sup>2</sup> ]																
12. Network.Convex. Area [cm <sup>2</sup> ]																
13. Network.Perimeter [cm]																
14. Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]																
15. Specific.Root.Length [cm/cm <sup>3</sup> ]																
16. Network.Surface. Area [cm <sup>2</sup> ]																
17. Network.Length [cm]																
18. Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]																
19. Network.Width.to. Depth.Ratio [cm/cm]																
<b>∑ (Summe)</b>	1	10	7	5	10	10	6	0	2	0	9	13	3	8	4	

Pro Parameter (in der Tabelle pro Zeile) werden die signifikanten Ergebnisse (korrigierter p-Wert < 0,05) des post-hoc Tukey-HSD-Tests als grau markierte Zellen dargestellt. Die Summe der Anzahl der signifikant unterschiedlichen Wurzelparameter pro Gerstensorten-Paar werden in der letzten Zeile berichtet. Die statistisch nicht signifikanten Parameter sind in hellgrauer Schrift markiert.

Die Ähnlichkeitsgruppe D war schließlich mit 6 Sortenpaaren am deutlichsten besetzt. Die Sortenpaare *Grace-Tatum* und *Barke-Braemar* wiesen 8 signifikant unterschiedliche Parameter auf, *Wisa-Barke*, *Wisa-Tatum* und *LfL24727-Barke* reagierten mit 10 signifikanten Unterschieden und das Paar *Barke-Tatum* zeigte mit 13 unterschiedlichen Parametern die am stärksten ausgebildete Variabilität der Wurzelarchitektur. Die signifikanten Ergebnisse der Tukey-HSD-Tests wurden in Abschnitt 5.5, Tabelle 5.18 dokumentiert.

### 3.3.2.3 Vergleich der Wurzelarchitektur der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter Phosphatmangel

Die unter Phosphatmangel gewachsenen Pflanzen zeigten in ihrer Wurzelarchitektur 11 signifikant unterschiedliche Wurzelparameter (Abbildung 3.11), die Ergebnisse der univariellen Varianzanalysen befinden sich im Anhang, Abschnitt 5.4, Tabelle 5.15. In Abbildung 3.11 wurden die Verteilungen der 19 Wurzelparameter dargestellt, weiterhin können die folgenden 8 statistisch unwesentlichen Wurzelparameter entnommen werden:

- Average.Root.Diameter (1)
- Network.Bushiness (2)
- Ellipse.Axes.Ratio (4)
- Network.Length.Distribution (5)
- Maximum.Number.of.Roots (7)
- Network.Width (8)
- Median.Number.of.Roots (9)
- Specific.Root.Length (15)

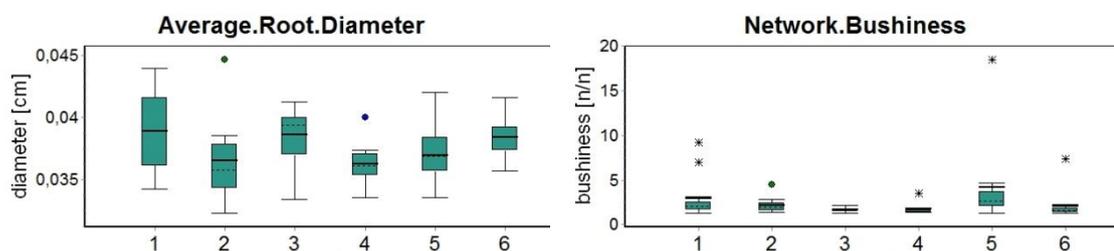


Abbildung 3.11

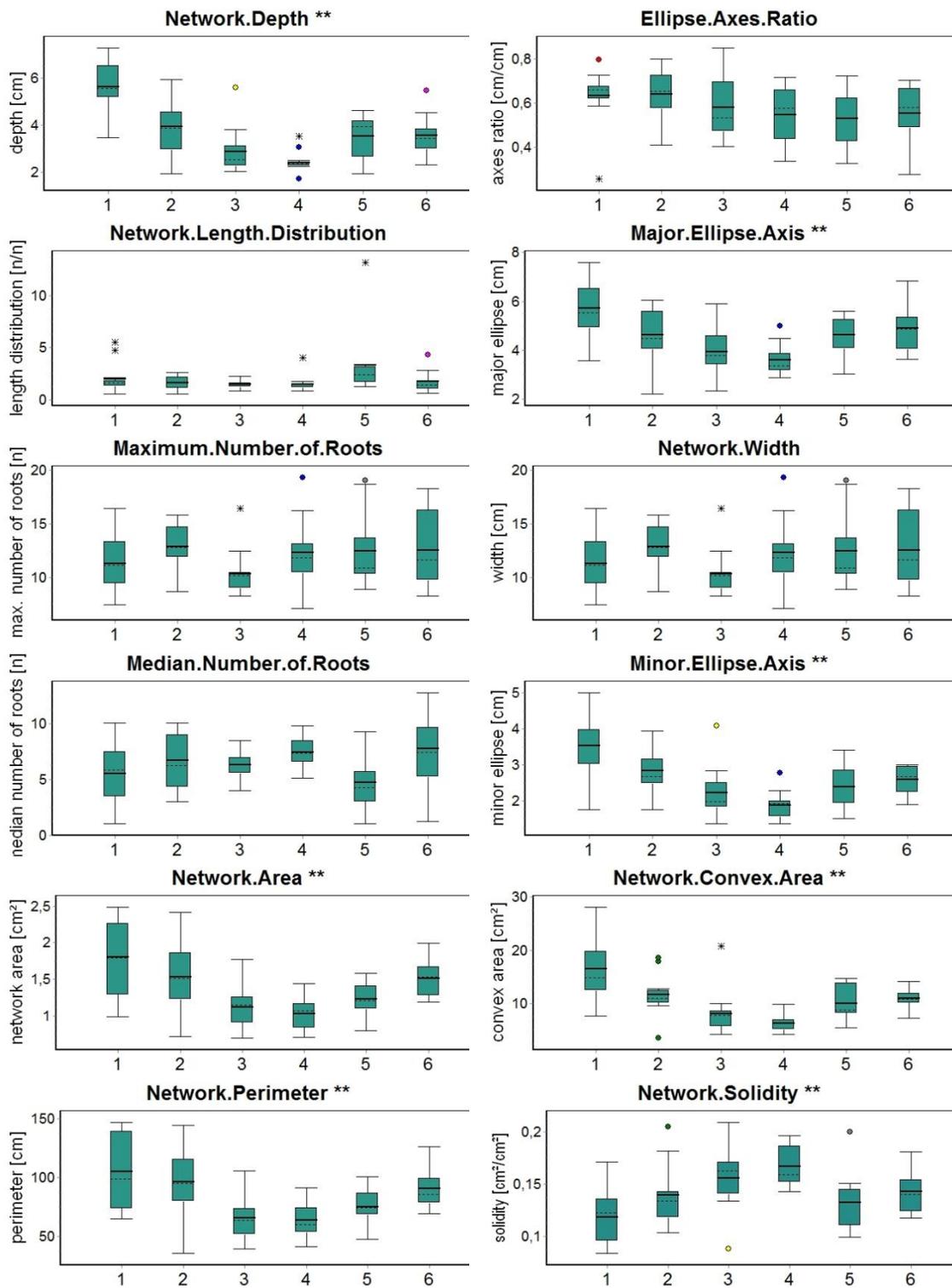
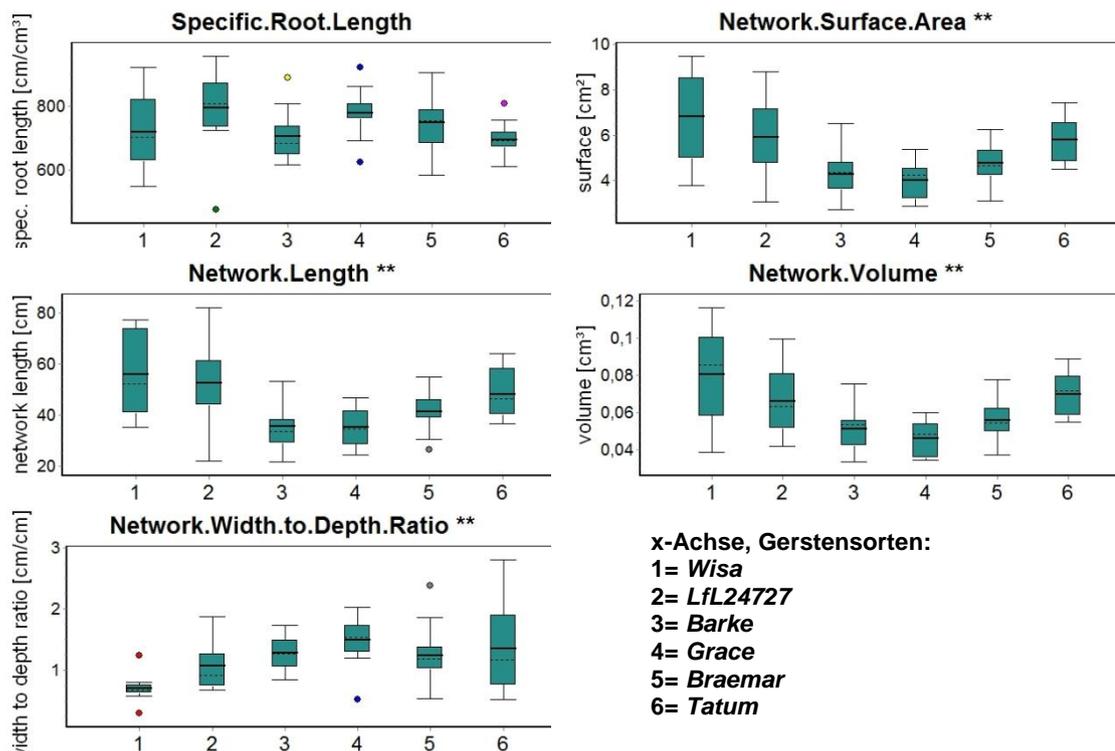


Abbildung 3.11 Fortsetzung



**Abbildung 3.11** Vergleich der Verteilungen der 19 Wurzelparameter der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter Phosphatmangel. Signifikante Ergebnisse der einfaktoriellen ANOVA (Anhang 5.4, Tabelle 5.15) werden mit 2 Sternen neben der Parameterbezeichnung berichtet. Die Box-Plots bilden die Verteilung der Daten der jeweiligen Parameter und Sorten ab. Die Grenzen der Box geben das untere (25%) und obere (75%) Quartil an, der Median (50% Quartil) wird als gestrichelte Linie und das arithmetische Mittel als durchgehende Linie innerhalb der Box dargestellt. Die Antennen markieren das Minimum und Maximum, Extremwerte (Ausreißer) werden als Punkt oder Stern gekennzeichnet. Pro Sorte wurden 10 bis 13 biologischen Replikationen durchgeführt.

Die strukturierte Auswertung des paarweisen Vergleichs wurde in Tabelle 3.9 dargestellt, die Darstellung der signifikanten Ergebnisse erfolgte in Abschnitt 5.5, Tabelle 5.19.

Es zeigte sich, dass die Ähnlichkeitsgruppe A am stärksten besetzt war, folgende 6 Sortenpaare zeigten keine statistisch maßgeblichen Unterschiede in der Wurzelarchitektur:

- *LfL24727-Braemar*
- *LfL24727-Tatum*
- *Barke-Grace*

- *Barke-Braemar*
- *Barke-Tatum*
- *Braemar-Tatum*

Der Ähnlichkeitsgruppe B wurden 2 Gerstenpaare zugeordnet, die jeweils bei einem Wurzelparameter signifikante Unterschiede aufzeigten.

Das Paar *Wisa-LfL24727* unterschied sich signifikant am Wurzelparameter Network.Depth (3), das Paar *Grace-Braemar* zeigte einen signifikanten Unterschied des Parameters Network.Solidity (14).

Gerstenpaare, die mit weit mehr signifikanten Unterschieden reagierten, waren:

Ähnlichkeitsgruppe C:

- *LfL24727-Barke* (3 unterschiedliche Wurzelparameter)
- *Wisa-Tatum* (4 unterschiedliche Wurzelparameter)
- *Grace-Tatum* (4 unterschiedliche Wurzelparameter)
- *Wisa-Braemar* (7 unterschiedliche Wurzelparameter)

Ähnlichkeitsgruppe D:

- *Wisa-Barke* (8 unterschiedliche Wurzelparameter)
- *LfL24727-Grace* (8 unterschiedliche Wurzelparameter)
- *Wisa-Grace* (11 unterschiedliche Wurzelparameter)

**Tabelle 3.9** Strukturierte Darstellung der Ergebnisse aus den Tukey-HSD-Tests pro Parameter von Gerste bei Wachstum unter Phosphatmangel

	Wisa-LfL24727	Wisa-Barke	Wisa-Grace	Wisa-Braemar	Wisa-Tatum	LfL24727-Barke	LfL24727-Grace	LfL-Braemar	LfL24727-Tatum	Barke-Grace	Barke-Braemar	Barke-Tatum	Grace-Braemar	Grace-Tatum	Braemar-Tatum
1. Average.Root.Widthh. Diameter [cm]															
2. Network.Bushiness [n/n]															
3. Network.Depth [cm]															
4. Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]															
5. Network.Length. Distribution [n/n]															
6. Major.Ellipse.Axis [cm]															
7. Maximum.Number. of.Roots [n]															
8. Network.Width [cm]															
9. Median.Number.of. Roots [n]															
10. Minor.Ellipse.Axis [cm]															
11. Network.Area [cm <sup>2</sup> ]															
12. Network.Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]															
13. Network.Perimeter [cm]															
14. Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]															
15. Specific.Root. Length [cm/cm <sup>3</sup> ]															
16. Network.Surface. Area [cm <sup>2</sup> ]															
17. Network.Length [cm]															
18. Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]															
19. Network.Width.to. Depth.Ratio [cm/cm]															
$\Sigma$ (Summe)	1	11	11	7	4	3	8	0	0	0	0	0	1	4	0

Pro Parameter (in der Tabelle pro Zeile) werden die signifikanten Ergebnisse (korrigierter p-Wert < 0,05) des post-hoc Tukey-HSD-Tests als grau markierte Zellen dargestellt. Die Summe der Anzahl der signifikant unterschiedlichen Wurzelparameter pro Gerstensorten-Paar werden in der letzten Zeile berichtet. Die statistisch nicht signifikanten Parameter sind in hellgrauer Schrift dargestellt.

### 3.3.2.4 Vergleich der Wurzelarchitektur der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter Nitratmangel

Um die Verteilung der einzelnen Wurzelparameter der Sorten unter Nitratmangel zu erfassen, erfolgte eine Darstellung der Box-Plots (Abbildung 3.12). Die Ergebnisse der univariellen Varianzanalysen befinden sich im Anhang, Abschnitt 5.4, Tabelle 5.16.

Es zeigte sich, dass 13 der 19 Wurzelparameter signifikant unterschiedlich zwischen den Gruppen reagierten (Abbildung 3.12). Keine statistisch erkennbaren Unterschiede zeigten folgende Wurzelparameter:

- Average.Root.Diameter (1)
- Network.Bushiness (2)
- Ellipse.Axes.Ratio (4)
- Network.Length.Distribution (5)
- Specific.Root.Length (15)
- Network.Width.to.Depth.Ratio (19)

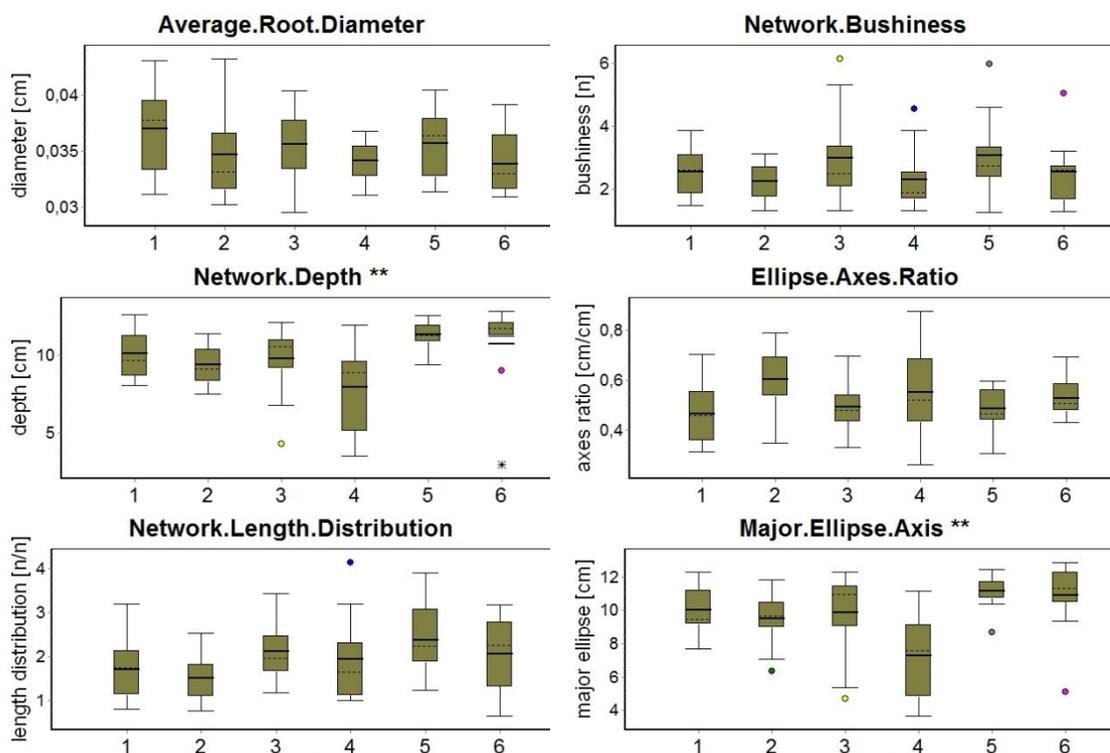


Abbildung 3.12

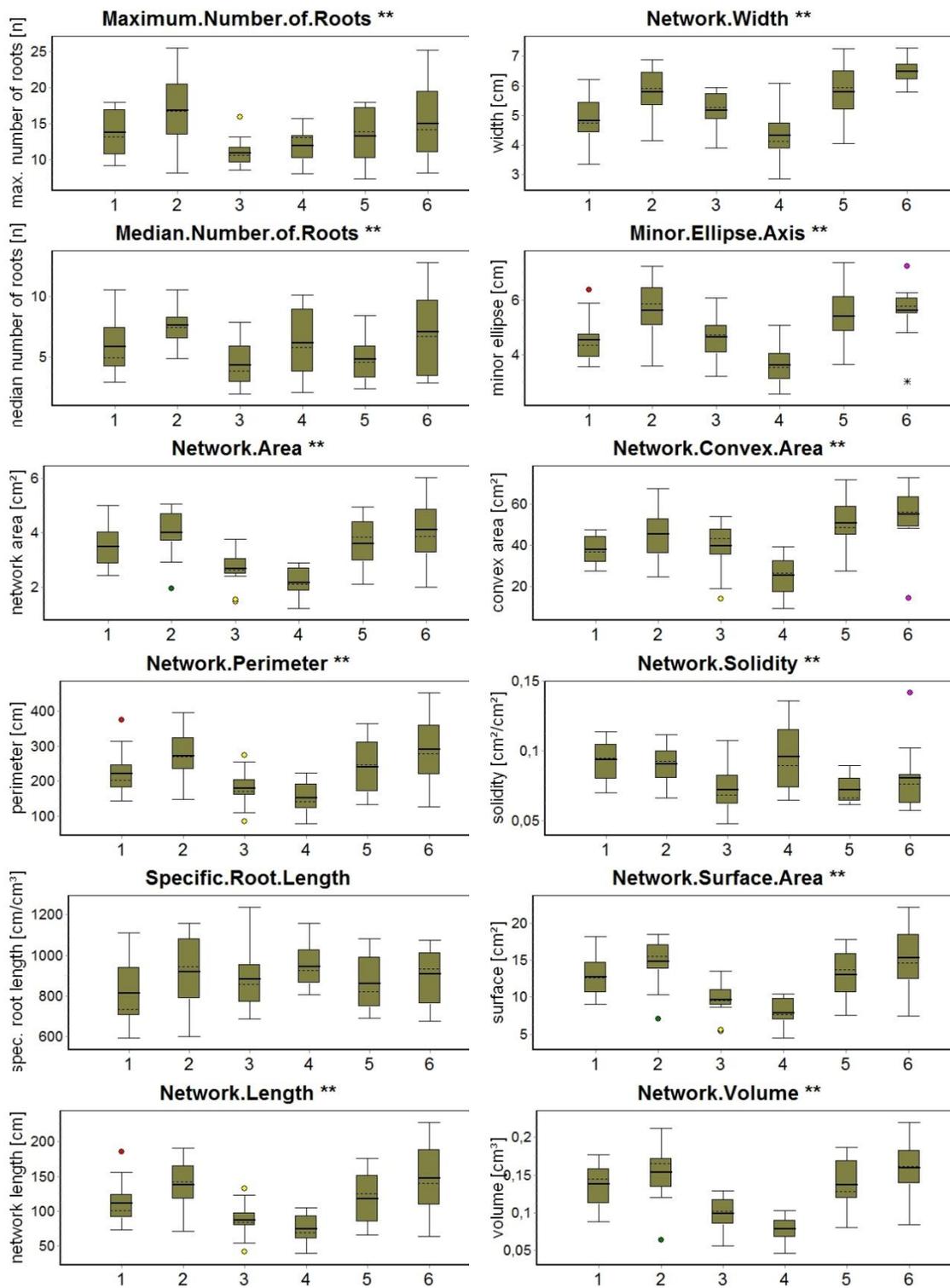
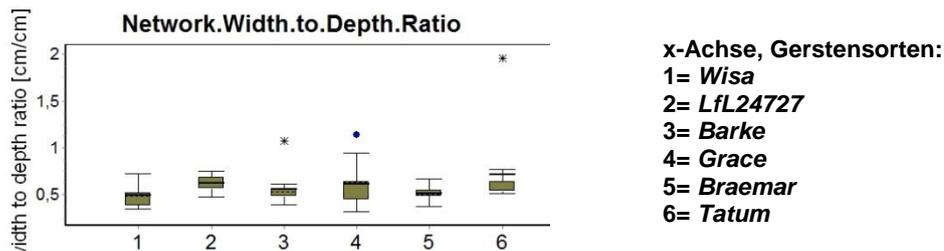


Abbildung 3.12 Fortsetzung



**Abbildung 3.12** Vergleich der Verteilungen der 19 Wurzelparameter der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter Nitratmangel. Signifikante Ergebnisse der univariablen ANOVA (Anhang 5.4, Tabelle 5.16) werden mit 2 Sternen neben der Parameterbezeichnung berichtet. Die Box-Plots bilden die Verteilung der Daten der jeweiligen Parameter und Sorten ab. Die Grenzen der Box geben das untere (25%) und obere (75%) Quartil an, der Median (50% Quartil) wird als gestrichelte Linie und das arithmetische Mittel als durchgehende Linie innerhalb der Box dargestellt. Die Antennen markieren das Minimum und Maximum, Extremwerte werden als Punkt oder Stern gekennzeichnet. Pro Sorte wurden 10 bis 12 biologischen Replikationen durchgeführt.

Wie der strukturierten Darstellung der signifikanten Ergebnisse (Tabelle 3.10) zu entnehmen ist, zeigte sich, dass die Wurzelarchitektur von 7 Gerstenpaaren ausgeprägte Ähnlichkeit aufwies und somit diese Paare der Ähnlichkeitsgruppe A zugeteilt wurden. Diese Ähnlichkeitsgruppe war am stärksten besetzt. Dabei handelte es sich um folgende Sortenpaare:

- *Wisa-LfL24727*
- *Wisa-Barke*
- *Wisa-Braemar*
- *LfL24727-Braemar*
- *LfL24727-Tatum*
- *Barke-Braemar*
- *Braemar-Tatum*

Weiterhin wurden 2 Sortenpaare in die Ähnlichkeitsgruppe B eingeteilt. Das Paar *Wisa-Tatum* zeigte signifikante Unterschiede in der Wurzelarchitektur anhand der Parameter Network.Width (8) und Network.Convex.Area (12). Das Gerstenpaar *Barke-Grace* wies signifikante Unterschiede der Parameter Major.Ellipse.Axis (6) und Network.Solidity (14) auf.

Die Gerstensorten zeigten unter der Nitratbehandlung eine im Vergleich zur Kontroll- und PEG-Behandlung stärkere Ähnlichkeit der Wurzelarchitektur. Doch

auch hier wurden folgende Gerstenpaare mit mehreren signifikanten Unterschieden identifiziert:

Ähnlichkeitsgruppe C:

- *Wisa-Grace* (4 unterschiedliche Wurzelparameter)
- *Barke-Tatum* (6 unterschiedliche Wurzelparameter)
- *LfL24727-Barke* (7 unterschiedliche Wurzelparameter)

Ähnlichkeitsgruppe D:

- *Grace-Braemar* (9 unterschiedliche Wurzelparameter)
- *LfL24727-Grace* (9 unterschiedliche Wurzelparameter)
- *Grace-Tatum* (10 unterschiedliche Wurzelparameter)

**Tabelle 3.10** Strukturierte Darstellung der Ergebnisse aus den Tukey-HSD-Tests pro Parameter von Gerste bei Wachstum unter Nitratmangel

	Wisa-LfL24727	Wisa-Barke	Wisa-Grace	Wisa-Braemar	Wisa-Tatum	LfL24727-Barke	LfL24727-Grace	LfL-Braemar	LfL24727-Tatum	Barke-Grace	Barke-Braemar	Barke-Tatum	Grace-Braemar	Grace-Tatum	Braemar-Tatum	
1. Average.Root.Width. Diameter [cm]																
2. Network.Bushiness [n/n]																
3. Network.Depth [cm]																
4. Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]																
5. Network.Length. Distribution [n/n]																
6. Major.Ellipse.Axis [cm]																
7. Maximum.Number.of. Roots [n]																
8. Network.Width [cm]																
9. Median.Number.of. Roots [n]																
10. Minor.Ellipse.Axis [cm]																
11. Network.Area [cm <sup>2</sup> ]																
12. Network.Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]																
13. Network.Perimeter [cm]																
14. Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]																
15. Specific.Root.Length [cm/cm <sup>3</sup> ]																
16. Network.Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]																
17. Network.Length [cm]																
18. Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]																
19. Network.Width.to. Depth.Ratio [cm/cm]																
<b>∑ (Summe)</b>	0	0	4	0	2	7	9	0	0	2	0	6	9	10	0	0

Pro Parameter (in der Tabelle pro Zeile) werden die signifikanten Ergebnisse (korrigierter p-Wert < 0,05) des post-hoc Tukey-HSD-Tests (Abschnitt 5.5, Tabelle 5.20) als grau markierte Zellen dargestellt. Die Summe der Anzahl der signifikant unterschiedlichen Wurzelparame-ter pro Gerstensorten-Paar werden in der letzten Zeile berichtet. Die statistisch nicht signifikanten Parameter sind in hellgrauer Schrift dargestellt.

### 3.3.2.5 Rückschlüsse aus der Untersuchung der Wurzelarchitektur zwischen den 6 Gerstensorten

Die Datenauswertung aus Abschnitt 3.3.2 lässt folgende Rückschlüsse bezüglich der Wurzelarchitektur zwischen den Gerstensorten zu.

(a) Aus den Ergebnissen des paarweisen Vergleichs der Wurzelarchitektur der Gerstensorten unter Kontrollbedingungen (Abschnitt 3.3.2.1) wurde ersichtlich, dass zwei Arten von Wurzelsystemen auftraten. Die Sorten *Barke* und *Grace* wiesen keine statistisch wesentlichen Unterschiede im Wurzelsystem auf, d.h. ihre Wurzelarchitektur war sehr ähnlich aufgebaut. Die Sorten *Wisa* und *LfL24727* sowie die Sorten *LfL24727* und *Tatum* zeigten ebenfalls eine hohe Übereinstimmung der 19 Wurzelparameter. Die Sorte *Braemar* konnte mit nur wenig signifikanten Unterschieden in der Wurzelarchitektur auch gute Übereinstimmung mit den Sorten *Wisa*, *LfL24727* und *Tatum* aufweisen. Die Sorten *Barke* und *Grace* zeigten jedoch gegenüber den Sorten *Wisa*, *LfL24727*, *Tatum* und *Braemar* deutliche Unterschiede in der Wurzelarchitektur.

(b) Die Zuordnung der Gerstenpaare in Ähnlichkeitsgruppen unterstützt die Vergleichbarkeit der Wurzelsysteme. Sorten mit ähnlicher Wurzelarchitektur bzw. Sorten, die hohe Diversität in ihrer Wurzelarchitektur aufzeigen, können einfacher identifiziert werden. In Tabelle 3.11 wurden die in Ähnlichkeitsgruppen eingeteilten Gerstenpaare, unter den verschiedenen Behandlungen, zusammenfassend dargestellt. Die Sortenpaare *Wisa-LfL24727*, *LfL24727-Tatum*, *LfL24727-Braemar* sowie *Barke-Grace* zeigten bei allen Behandlungen gleichbleibend stabile Eigenschaften der Wurzelsysteme. Sie wurden jeweils den Ähnlichkeitsgruppen A oder B zugeordnet. Die Sortenpaare *LfL24727-Barke*, *Wisa-Grace*, *LfL24727-Grace* und *Grace-Tatum* wurden unter den 4 Behandlungen jeweils in die Ähnlichkeitsgruppen C oder D eingeteilt. Somit stellte sich heraus, dass das Wurzelsystem dieser Paare auch unter den jeweiligen Behandlungen ausgeprägte Differenzen bzgl. der Wurzelarchitektur aufwies.

**Tabelle 3.11** Darstellung der Ähnlichkeitsgruppen

Ähnlichkeitsgruppe				
	A	B	C	D
<b>Kontrolle</b>	<i>Wisa-LfL</i> <i>LfL-Tatum</i> <i>Barke-Grace</i>	<i>Braemar-Tatum</i> <i>Wisa-Braemar</i> <i>Wisa-Tatum</i> <i>LfL-Braemar</i>	<i>Wisa-Grace</i> <i>Grace-Braemar</i> <i>Barke-Braemar</i> <i>LfL-Grace</i> <i>Grace-Tatum</i>	<i>Wisa-Barke</i> <i>Barke-Tatum</i> <i>LfL-Barke</i>
<b>PEG</b>	<i>LfL-Braemar</i> <i>Barke-Grace</i>	<i>Wisa-LfL</i> <i>LfL-Tatum</i>	<i>Grace-Braemar</i> <i>Braemar-Tatum</i> <i>Wisa-Braemar</i> <i>LfL-Grace</i> <i>Wisa-Grace</i>	<i>Barke-Braemar</i> <i>Wisa-Barke</i> <i>Wisa-Tatum</i> <i>LfL-Barke</i> <i>Barke-Tatum</i> <i>Grace-Tatum</i>
<b>Phosphatmangel</b>	<i>LfL-Braemar</i> <i>LfL-Tatum</i> <i>Barke-Grace</i> <i>Barke-Braemar</i> <i>Barke-Tatum</i> <i>Braemar-Tatum</i>	<i>Wisa-LfL</i> <i>Grace-Braemar</i>	<i>LfL-Barke</i> <i>Wisa-Tatum</i> <i>Grace-Tatum</i> <i>Wisa-Braemar</i>	<i>LfL-Grace</i> <i>Wisa-Barke</i> <i>Wisa-Grace</i>
<b>Nitratmangel</b>	<i>Wisa-LfL</i> <i>Wisa-Barke</i> <i>Wisa-Braemar</i> <i>LfL-Braemar</i> <i>LfL-Tatum</i> <i>Barke-Braemar</i> <i>Braemar-Tatum</i>	<i>Wisa-Tatum</i> <i>Barke-Grace</i>	<i>Wisa-Grace</i> <i>Barke-Tatum</i> <i>LfL-Barke</i>	<i>LfL-Grace</i> <i>Grace-Braemar</i> <i>Grace-Tatum</i>

**Tabelle 3.11** Zusammenfassende Darstellung der Ähnlichkeitsgruppen unter den verschiedenen Behandlungen. Die Gerstenpaare wurden, aufgrund der Ergebnisse der Tukey-HSD-Tests, 4 Ähnlichkeitsgruppen zugeordnet. Die Gruppe A beinhaltet Sortenpaare, die keinen signifikant unterschiedlichen Wurzelparameter aufweisen. Die Gruppe B enthält die Gerstenpaare mit 1 bis 2 unterschiedlichen Wurzelparametern. Die Gruppe C enthält Paare, die zwischen 3 und 7 signifikant unterschiedliche Wurzelparameter aufweisen. Die Gruppe D beinhaltet die Gerstenpaare mit mehr als 7 signifikanten Unterschieden.

Die restlichen Sortenpaare zeigten bei mindestens einer Behandlung deutliche Annäherung bzw. Änderung der Wurzelarchitektur im Vergleich zu ihrem Verhalten unter Kontrollbedingungen. So wurde z. B. die Wurzelarchitektur der Sorte *Braemar* unter Kontrollbedingungen den Wurzelsystemen der Sorten *Wisa* und *Tatum* als gut übereinstimmend zugeordnet. Unter osmotischem Stress jedoch traten zwischen den jeweiligen Gerstenpaaren mehr als 2 signifikant unterschiedliche Wurzelparameter

auf. Veränderung der Ähnlichkeitsgruppen-Zugehörigkeit der Paare konnte auch verstärkt unter Phosphat- bzw. Nitratmangel beobachtet werden.

(c) Bei Betrachtung der Anzahl der veränderten Wurzelparameter pro Behandlung konnten einige Unterschiede beobachtet werden. Die Pflanzen unter Kontrollbehandlung wiesen zwischen den Sorten 15 signifikant unterschiedliche Wurzelparameter auf, 7 Sortenpaare zeigten gute Übereinstimmung und 8 Sortenpaare geringe Übereinstimmung in der Wurzelarchitektur. Im Gegensatz dazu wiesen die Pflanzen unter Nitratmangel 13 signifikant unterschiedliche Wurzelparameter zwischen den Sorten auf, jedoch bildeten sich 9 Sortenpaare mit hoher Übereinstimmung der Wurzelarchitektur und 6 Paare mit geringer Übereinstimmung der Wurzelparameter. Unter PEG-Behandlung zeigten sich 18 der 19 Wurzelparameter mit signifikanten Unterschieden zwischen den Sorten, dabei wurden nur noch 4 Gerstenpaare mit hoher Übereinstimmung der Wurzelparameter gefunden, 11 Paare zeigten hohe Diversität der Wurzelsysteme. Tendenziell zeigte sich eine Annäherung der Wurzelarchitektur der verschiedenen Gerstensorten unter Phosphat- und Nitratmangel.

### 3.4 Analysen des Frischgewichts von Wurzel und Spross

Nach 16 Tagen Wachstum erreichten die Gerstenpflanzen auf der BBCH-Skala (**B**iologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, **B**undessortenamt und **C**hemische Industrie) die Entwicklungsstadien 12 bis 13 (Meier, 2001). Die Pflanzen befanden sich bei der Ernte im Makrostadium 1 (Blattentwicklung). Im 2-Blatt-Stadium (Code 12) war das zweite Laubblatt entwickelt und die Spitze des dritten Laubblatts schon sichtbar, bzw. im 3-Blatt-Stadium war das dritte Laubblatt entwickelt und das vierte Laubblatt schon sichtbar (Abbildung 3.13).



**Abbildung 3.13** Kontrollpflanzen im BBCH-Stadium 12 bis 13 der Sorten *Wisa*, *Braemar* und *Barke* (von links nach rechts). Entwicklungsgerechtes Wachstum nach 16 Tagen im axenischen System (Abschnitt 3.1.3) mit normalem Wurzel-Spross-Verhältnis.

Die Pflanzen wurden nach 16 Tagen geerntet und direkt im Anschluss wurde das Frischgewicht von Wurzel und Spross ermittelt (Abschnitt 2.2.6). Die deskriptiven Kennzahlen (Tabelle 3.12) wurden jeweils für das Frischgewicht der Wurzel (FGW) und das Frischgewicht des Sprosses (FGS) ermittelt. In Tabelle 3.12 wurden die deskriptiven Kennzahlen dargestellt.

**Tabelle 3.12** Deskriptive Auswertung des Frischgewichts der Gersten

Sorte	Be- handlung	n	FGW					FGS				
			M	MD	Min	Max	SD	M	MD	Min	Max	SD
<i>Wisa</i>	K	13	122	117	99	152	17	357	344	293	457	53
	PEG	12	128	138	79	159	27	365	366	283	475	55
	PM	12	110	108	69	164	31	346	334	251	447	59
	NM	11	146	148	102	183	26	371	359	263	563	77
	Gesamt	48	126	124	69	183	28	360	353	251	563	60
<i>LfL24727</i>	K	11	122	119	85	169	24	405	409	318	482	55
	PEG	13	118	112	80	192	34	352	350	241	505	72
	PM	11	107	109	89	128	15	361	389	158	506	97
	NM	12	164	165	109	205	32	351	367	225	435	62
	Gesamt	47	128	121	80	205	35	366	371	158	506	74
<i>Barke</i>	K	11	127	134	81	173	26	383	378	291	474	60
	PEG	12	144	138	119	189	21	363	351	276	441	64
	PM	13	121	116	91	167	24	377	378	292	434	47
	NM	12	187	189	113	264	41	379	387	280	446	48
	Gesamt	48	145	137	81	264	38	375	378	276	474	54
<i>Grace</i>	K	12	137	132	96	185	26	401	386	304	523	72
	PEG	11	141	150	48	210	44	301	307	204	417	60
	PM	11	134	143	78	196	35	357	363	310	416	38
	NM	11	166	166	106	241	40	291	294	181	348	48
	Gesamt	45	144	142	48	241	38	339	332	181	523	71

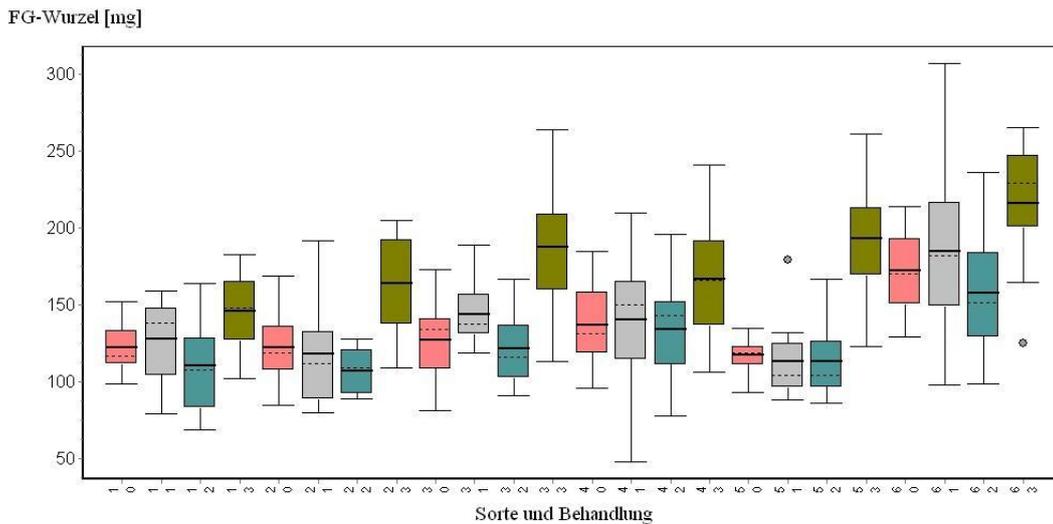
Tabelle 3.12 Fortsetzung

Sorte	Be- handlung	n	FGW					FGS				
			M	MD	Min	Max	SD	M	MD	Min	Max	SD
<i>Braemar</i>	K	11	118	119	93	135	12	338	341	240	421	57
	PEG	11	113	104	88	179	26	284	306	193	362	63
	PM	11	114	104	86	167	24	362	359	304	475	47
	NM	11	193	194	123	261	38	303	310	171	392	65
	Gesamt	44	135	121	86	261	43	322	337	171	475	64
<i>Tatum</i>	K	11	172	170	129	214	28	559	524	418	742	111
	PEG	12	185	182	98	307	56	464	460	240	621	129
	PM	10	158	152	99	236	43	468	463	329	573	83
	NM	10	216	229	125	265	44	495	493	400	595	75
	Gesamt	43	183	185	98	307	48	496	479	240	742	107

Folgende Abkürzungen stellen die deskriptiven Maßzahlen dar: n=Anzahl der Individuen, M=arithmetisches Mittel, SD=Standardabweichung, Min=Minimum, Max=Maximum, R=Spannweite. Die jeweiligen Maßzahlen werden für das Frischgewicht der Wurzel (FGW) und das Frischgewicht des Sprosses (FGS) unter verschiedenen Bedingungen (K=Kontrolle, PEG=PEG-Behandlung, PM=Phosphatmangel, NM=Nitratmangel) dargestellt.

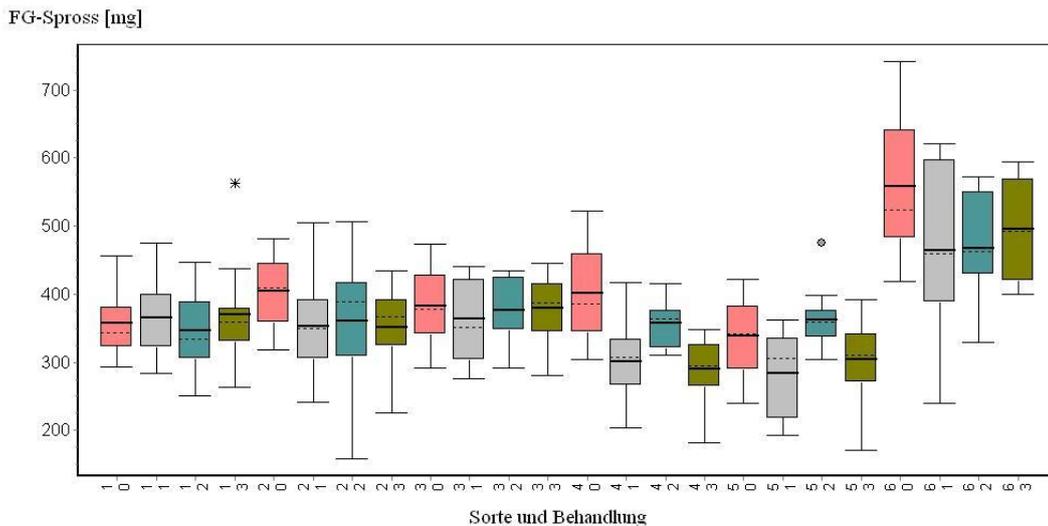
Wie Tabelle 3.12 zu entnehmen ist, wurden für die Sorte *Tatum* jeweils die höchsten Durchschnittswerte für das FGS (496 mg) und für das FGW (183 mg) errechnet. Die weiteren Sorten zeigten Durchschnittswerte für das FGS zwischen 322 und 375 mg bzw. für das FGW zwischen 126 und 145 mg.

Die graphische Darstellung der Verteilungen von FGW (Abbildung 3.14) und FGS (Abbildung 3.15) erfolgt anhand von Box-Plots.



**Abbildung 3.14** Vergleich der Verteilungen des Wurzel-Frischgewichts des Gerstensets unter den verschiedenen Wachstumsbedingungen. Die Box-Plots bilden die Verteilung der Daten der jeweiligen Parameter und Sorten ab. Die Grenzen der Box geben das untere (25%) und obere (75%) Quartil an, der Median (50% Quartil) wird als gestrichelte Linie und das arithmetische Mittel als durchgehende Linie innerhalb der Box dargestellt. Die Antennen markieren das Minimum und Maximum, Extremwerte (Ausreißer) werden als Punkt oder Stern gekennzeichnet. Die Werte der Maßzahlen können Tabelle 3.12 entnommen werden. Die Sorten werden als erste Zahl der x-Achsen Einheiten angezeigt (1=*Wisa*, 2=*LfL24727*, 3=*Barke*, 4=*Grace*, 5=*Braemar* und 6=*Tatum*), die zweite Zahl zeigt die Art der Behandlung an (0=Kontrolle, rot; 1=PEG, grau; 2=Phosphatmangel, türkis, 3=Nitratmangel, oliv).

Aus Abbildung 3.14 ist zu entnehmen, dass das FGW der unterschiedlichen Sorten unter Kontrollbedingungen auf einem Level liegt, nur Sorte *Tatum* zeigt etwas höhere Werte. Weiterhin stellte sich heraus, dass das arithmetische Mittel des FGW aller Sorten unter Nitratmangel deutlich über dem arithmetischen Mittel der Kontrollpflanzen lag. Das FGW aller Sorten unter Phosphatmangel zeigte im Gegensatz dazu einen geringeren Wert des arithmetischen Mittelwertes im Vergleich zur Kontrolle. Die Sorten *Wisa*, *Barke*, *Grace* und *Tatum* wiesen unter PEG-Zusatz einen Anstieg des arithmetischen Mittelwertes des FGW im Vergleich zur Kontrolle auf. Das FGW der Sorten *LfL24727* und *Braemar* ließ einen minimalen Rückgang erkennen.



**Abbildung 3.15** Vergleich der Verteilungen des Spross-Frischgewichts des Gerstensets unter den verschiedenen Wachstumsbedingungen. Die Box-Plots bilden die Verteilung der Daten der jeweiligen Parameter und Sorten ab. Die Grenzen der Box geben das untere (25%) und obere (75%) Quartil an, der Median (50% Quartil) wird als gestrichelte Linie und das arithmetische Mittel als durchgehende Linie innerhalb der Box dargestellt. Die Antennen markieren das Minimum und Maximum, Extremwerte (Ausreißer) werden als Punkt oder Stern gekennzeichnet. Die Werte der Maßzahlen können Tabelle 3.12 entnommen werden. Die Sorten werden als erste Zahl der x-Achsen Einheiten angezeigt (1=Wisa, 2=LfL24727, 3=Barke, 4=Grace, 5=Braemar und 6=Tatum), die zweite Zahl zeigt die Art der Behandlung an (0=Kontrolle, rot; 1=PEG, grau; 2=Phosphatmangel, türkis, 3=Nitratmangel, oliv).

Die Sorte Tatum zeigte auch bei der Auswertung des FGS deutlich höhere Werte als die restlichen Sorten (Abbildung 3.15). Im Gegensatz zu den Ergebnissen des FGW zeigten die Pflanzen, bis auf einige Ausnahmen, unter Nitratmangel, PEG-Zusatz und Phosphatmangel ein niedrigeres FGS als die Kontrollpflanzen.

Weiterhin ist zu bemerken, dass sich die Ergebnisse der oben erwähnten Untersuchungen des FGW und FGS auch mit den Ergebnissen der zweifaktoriellen Varianzanalyse mit einer Irrtumswahrscheinlichkeit von 5% (Tabelle 3.13) decken. Die verschiedenen Behandlungen und auch die verschiedenen Sorten zeigten signifikanten Einfluss auf das FGS sowie auf das FGW, die Interaktionen waren nicht signifikant.

**Tabelle 3.13** Ergebnisse der zweifaktoriellen Varianzanalyse des Frischgewichts von Wurzel und Spross

	Faktor	df	F-Wert	p-Wert	sig.
	Sorte	5	18.529	1.17e-15	**
FGW	Behandlung	3	38.731	< 2.2e-16	**
	Sorte x Behandlung	15	1.256	0.2309	n.s.
	Sorte	5	34.4027	< 2.2e-16	**
FGS	Behandlung	3	7.1971	0.0001184	**
	Sorte x Behandlung	15	1.6697	0.0573368	n.s.

Freiheitsgrade (df), F-Werte, p-Werte und Signifikanz (sig.), mit n.s.= nicht signifikant und \*\*= signifikant ( $\alpha=0,05$ )

Zur Identifizierung der signifikant unterschiedlichen Sorten bzw. Behandlungen erfolgte der paarweise Vergleich mithilfe des Tukey-HSD-Tests (Tabelle 3.14).

Signifikante Unterschiede des FGW zeigten sich bei allen Sorten im Vergleich zur Sorte *Tatum*, zusätzlich zeigten die Sorten *Wisa* und *Barke* einen signifikanten Unterschied des FGW. Signifikante Unterschiede des FGW wurden auch für alle Behandlungsgruppen mit den Pflanzen unter Nitratmangel beobachtet sowie zwischen dem FGW unter PEG-Behandlung im Vergleich zum Phosphatmangel.

Bei der Analyse des FGS zeigten sich signifikante Unterschiede zwischen allen Sorten mit der Sorte *Tatum*. Weitere signifikante Unterschiede des FGS zeigte die Sorte *Braemar* mit den Sorten *Barke* und *LfL24727*. Signifikante Unterschiede wurden zwischen dem FGS der Kontrollpflanzen und den Pflanzen unter PEG-Zusatz sowie unter Nitratmangel festgestellt.

**Tabelle 3.14** Signifikante Ergebnisse aus dem Tukey-HSD-Test von Wurzel- und Spross-Frischgewicht

	Faktor	Gruppen	sig. p-Wert
FGW	Sorte	<i>Wisa-Barke</i>	0.0457414
		<i>Wisa-Tatum</i>	0.0000000
		<i>LfL-Tatum</i>	0.0000000
		<i>Barke-Tatum</i>	0.0000008
		<i>Grace-Tatum</i>	0.0000000
		<i>Braemar-Tatum</i>	0.0000008
	Behandlung	PEG-PM	0.0465605
		K-NM	0.0000000
		PEG-NM	0.0000000
		PM-NM	0.0000000
Sorte x Behandlung			<b>n.s.</b>
FGS	Sorte	<i>LfL-Braemar</i>	0.0312025
		<i>Barke-Braemar</i>	0.0040436
		<i>Wisa-Tatum</i>	0.0000000
		<i>LfL-Tatum</i>	0.0000000
		<i>Barke-Tatum</i>	0.0000000
		<i>Grace-Tatum</i>	0.0000000
		<i>Braemar-Tatum</i>	0.0000000
	Behandlung	K-PEG	0.0029046
		K-NM	0.0001065
	Sorte x Behandlung		

### 3.5 Korrelation des FGW mit dem errechneten Volumen des Wurzelsystem

Um zu überprüfen, ob das errechnete arithmetische Mittel des Wurzelvolumens aus der Bildanalyse mit dem tatsächlichen Gewicht der Wurzel zusammenhängt (Abschnitt 5.6, Tabelle 5.21), wurde der Pearsonsche Korrelationskoeffizient  $r$  berechnet.

Die Beziehung zwischen dem Wurzelvolumen ( $v$ ) und der Wurzelmasse ( $m$ ) ist wie folgt definiert:

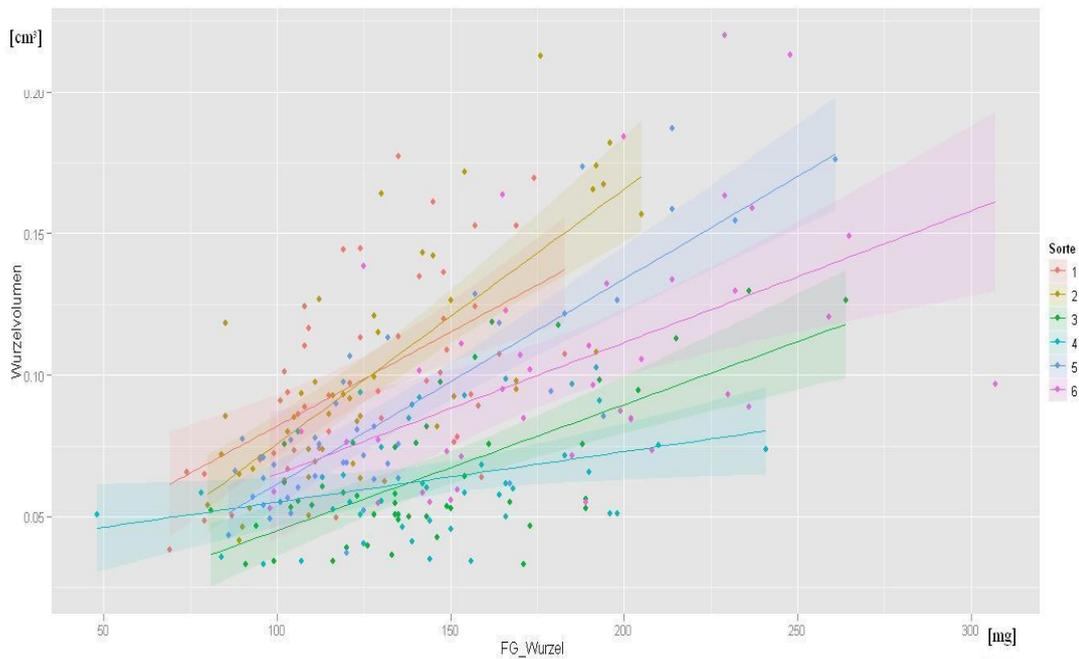
$$V = \frac{1}{\rho} * m,$$

wobei  $\rho$  die Massendichte darstellt.

Ein linearer Zusammenhang zwischen Wurzelvolumen und Wurzelmasse wird erwartet. Dies konnte durch die Ergebnisse der Pearsonschen Korrelation mit einem Korrelationskoeffizienten von  $r=0,51$  bestätigt werden.

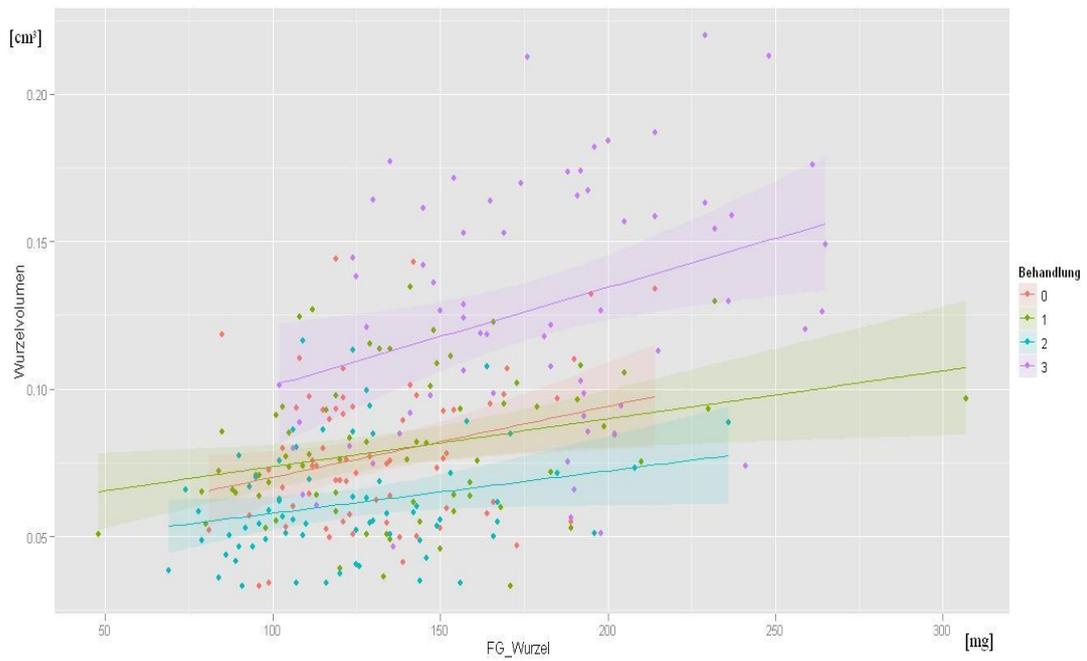
Um den Zusammenhang zwischen dem FGW und dem Wurzelvolumen im Detail, d.h. in Abhängigkeit der Sorten bzw. der verschiedenen Behandlungen, zu betrachten, wurden die Messdaten in den folgenden Grafiken dargestellt.

In Abbildung 3.16 wurde der Zusammenhang des FGW und des Wurzelvolumens anhand der farblich markierten Sorten dargestellt. Tendenziell wurde bei allen Sorten ein positiver linearer Zusammenhang zwischen dem FGW und dem Wurzelvolumen festgestellt, wobei bei Sorte *Grace* nur ein schwach positiver Zusammenhang erkennbar war. Die Sorten *Wisa* und *LfL24727* zeigten ein durchschnittlich größeres Wurzelvolumen bei einem Wurzelgewicht bis 300 mg. Die Sorten *Barke* und *Grace* zeigten im Vergleich ein kleineres Wurzelvolumen bei entsprechendem Wurzelgewicht.



**Abbildung 3.16** Zusammenhang von Wurzel-Frischgewicht und Wurzelvolumen (Abschnitt 5.6, Tabelle 5.21) anhand der Sorten des gesamten Gerstensets. Die Regressionslinien mit dem dazugehörigem 95% Konfidenzintervall sind der jeweiligen Farbe der Sorten zugehörig (1= *Wisa*, rotbraun; 2= *Lfl24727*, oliv; 3= *Barke*, grün; 4= *Grace*, türkis; 5= *Braemar*, blau; 6= *Tatum*, pink).

In Abbildung 3.17 wurde der Zusammenhang zwischen dem FGW und dem Wurzelvolumen in Abhängigkeit der farblich unterlegten 4 Behandlungen dargestellt. Der Zusammenhang von FGW und Wurzelvolumen zeigte deutliche Unterschiede beim Vergleich der Behandlungen. Während sich das Wurzelvolumen unter Phosphatmangel im Bereich zwischen 0,01 cm<sup>3</sup> bis 0,1 cm<sup>3</sup> bewegt, wurden für das Wurzelvolumen unter Nitratmangel bei entsprechendem Wurzelgewicht Werte von 0,1 cm<sup>3</sup> bis 0,25 cm<sup>3</sup> beobachtet. Auffällig ist auch, dass die Werte im Bereich des höheren Wurzelvolumens unter Nitratmangel stärker streuen.



**Abbildung 3.17** Zusammenhang von Wurzel-Frischgewicht und Wurzelvolumen (Abschnitt 5.6, Tabelle 5.21) anhand der Behandlung des gesamten Gerstensets. Die Regressionslinien mit dem dazugehörigem 95% Konfidenzintervall sind der jeweiligen Farbe der Sorten zugehörig (0= Kontrolle, rotbraun; 1= PEG-Behandlung, oliv; 2= Phosphatmangel, türkis, 3= Nitratmangel, lila).

## 4. Diskussion

Ein Ausbau der Kenntnisse über die Entwicklung und Architektur von Getreidewurzeln birgt großes Potential zur Optimierung im Bereich der Pflanzenzüchtungsforschung. Die Wurzelarchitektur von Pflanzen wurde aufgrund der methodischen Schwierigkeiten wenig erforscht und lange als mögliches Selektionskriterium zur verbesserten Pflanzenzucht ignoriert (Smith und De Smet, 2012). Innerhalb der letzten Jahre erfolgte eine "second green revolution" in der die Notwendigkeit zur Entwicklung leistungsfähigerer Pflanzen mit robustem Verhalten auf wechselnde Umweltbedingungen und limitierte Nährstoffangebote festgestellt wurde (Herder *et al.* 2010; Lynch und Brown, 2012). Die Erfassung der Wurzelarchitektur mithilfe von bildverarbeitenden Methoden spielt dabei eine immer wichtigere Rolle. Im Rahmen dieser Arbeit wurden 19 Wurzelarchitekturparameter von 6 deutschen Gerstensorten unter verschiedenen Umweltbedingungen mit GiA Roots berechnet und anschließend statistisch ausgewertet.

## 4.1 *In vitro* Anzucht im axenischen System

Qualitativ hochwertige Digitalbilder sind notwendig, um die Wurzelarchitektur von Gerste mit der in dieser Arbeit verwendeten Methode (Abschnitt 2.2.3 und Abschnitt 2.2.4), zu erfassen. Eine wichtige Voraussetzung dafür ist das Wachstum der Wurzel in einer möglichst transparenten Umgebung. Damit werden bildstörende Artefakte gering gehalten und ein starker Kontrast des feinen Wurzelsystems zum Hintergrund gewährleistet. Um dies zu realisieren, wurden die Gerstensamen zuerst oberflächensterilisiert und vorgekeimt, bevor die 2 Tage jungen Keimlinge in das axenische System umgesetzt wurden (Abschnitt 3.1.3).

Eine effektive Methode zur Oberflächensterilisation von Gerstensamen zu etablieren, stellte sich als große Herausforderung dar (Götz *et al.*, 2007). Die Besiedlung der Gerstensamen mit Mikroorganismen ist vielfältig (Flannigan, 1969). Nur eine Kombination verschiedener Sterilisationsprozesse (Ramakrishna *et al.*, 1991) sichert eine für die produktive Umsetzung der Versuche ausreichend geringe Kontaminationsrate.

Die Keimfähigkeit von Getreide wird in Prozent der Samen, die einen Keimling bilden, angegeben und auch als Keimprozent bezeichnet. Eine Keimfähigkeit von mind. 92 % wird laut dem Bundesverband Deutscher Pflanzenzüchter e.V. (BDP) von zugelassenen Gerstensorten erwartet. Gute Ergebnisse wurden mit der in Abschnitt 3.1.3 beschriebenen Methode zur Oberflächensterilisation erzielt. Keimungsraten der Sorten *Barke*, *Grace* und *Braemar* von über 81%, Überlebensraten von über 50%, entwicklungsgerechtes Wachstum und Kontaminationsraten von unter 15% (Abbildung 3.7) zeigten, dass diese Methode die Samen weit weniger beeinträchtigt als die Methode aus den Vorversuchen. Die in den Vorversuchen angewandte Methode (Abschnitt 3.1.1) zur Oberflächensterilisation wurde nach Auswertung der ersten Testreihe (Abschnitt 3.1.2) verworfen. Trotz guter Keimungsraten der Sorten *Barke*, *Grace* und *Braemar* zwischen 81% und 75% nach dem Sterilisationsprozess, zeigte sich ein massives Absterben der Keimlinge nach 4 Tagen mit einer minimalen Überlebensrate der Sorte *Grace* von nur 8% (Abbildung 3.2). Zusätzlich trat verkümmertes Wachstum an Spross und Wurzel auf (Abbildung 3.3), vermutlich verursacht durch kleine Verletzungen des Embryos während der Entfernung der Spelze. Eine weitere

Erklärung für den Minderwuchs der Pflanzen könnte die geringe Nutzung des Endosperms sein (Abbildung 3.6). Der Grund dafür könnte die Vorbehandlung der Samen sein, die die Samen augenscheinlich sehr stark beeinträchtigte. Auch durch den Einsatz eines für Mikroorganismen bevorzugten Wachstumsmediums zur Vorkeimung (Abschnitt 2.1.2.1) konnten, im Gegensatz zum Wachstum auf MS-Medium in den Vorversuchen, viele Kontaminationen am Keimling frühzeitig erkannt werden. Mit der für die 6 Gerstensorten zur Endanalyse verwendeten Methode (Abschnitt 3.1.3) wurde die Rate der infizierten Keimlinge während des 14-tägigen Wachstums in den Glaszylindern letztendlich von 50% auf 30% vermindert. Da die Methode zur Wurzelanalyse für den Hochdurchsatz konzipiert ist, ist die frühe Detektion von Kontaminationen ein erheblicher Vorteil.

Die Anzucht von Pflanzen in transparenten Wachstumsmedien im Labor sind schon lange Standard (George *et al.*, 2008). Nicht alle Bedingungen der *in vitro* Kultur im axenischen System entsprechen somit dem natürlichem Wachstum in Erde. Die Lichtverhältnisse und die heterogene Beschaffenheit der Erde bzw. die Bodenfestigkeit und der dadurch resultierende Sauerstoffgehalt im Wurzelbereich sowie die fehlende Besiedlung von Mikroorganismen der Rhizosphäre durch die sterile Umgebung im transparenten Wachstumsmedium führen möglicherweise zu Unterschieden im Vergleich zur natürlichen Umgebung auf.

In Yokawa *et al.* (2011) wird das Wachstum von *Arabidopsis thaliana* unter verschiedenen Lichtverhältnissen (in Dunkelheit, in Erde und in transparentem Medium mit einem Tag/Nacht Zyklus von 16/8 h) untersucht. Dabei wurde ein verstärktes Längenwachstum des Wurzelsystems im transparenten Medium im Vergleich zum Wachstum in Erde festgestellt und damit eine Verschiebung des Wurzel-Spross Verhältnisses (in Erde 1:1), welches auf die negativ phototrope Reaktion der Wurzel zurückgeführt wurde. Burbach *et al.* (2012) berichten ebenfalls über einen ausgeprägten negativen Phototropismus der Wurzel von *Zea mays*. In beiden Studien erfolgte die Lichteinwirkung mit Beginn der Keimung. Das Phänomen des verstärkten Längenwachstums sowie eine Verschiebung des normalen Wurzel-Spross Verhältnisses von 1:1 in Richtung der Wurzel wurde bei den Kontrollpflanzen im Rahmen dieser Arbeit nicht beobachtet (Abbildung 3.13). Möglicherweise hat die Vorkeimungsphase von 2 Tagen in Dunkelheit darauf einen

Einfluss. Ob die Wurzel bevorzugt auf Lichteinwirkung im frühen Keimungsstadium (Milberg *et al.*, 1996; Battla und Benech-Arnold, 2014) oder grundsätzlich mit einem verstärktem Längenwachstum reagiert, ist nicht vollständig geklärt. Um aber eine negative bzw. störende Beeinflussung des Wurzelwachstums unter Lichteinwirkung völlig auszuschließen, wäre es sinnvoll, die Wurzelumgebung in zukünftigen Versuchen mit Folie lichtdicht abzudecken.

Munns *et al.* (2010) stellten in ihrem Review verschiedene Möglichkeiten zur Anzucht von Pflanzen in transparenten Medien vor. Möglichkeiten die homogene Festigkeit von gelierten Medien und die dadurch resultierende geringere Sauerstoffzufuhr zu umgehen, bietet der Einsatz von aeroponischen oder hydroponischen Systemen (Pan *et al.*, 2004). Aber weder das Wachstum in einem aeroponischen System, das zwar genügend Sauerstoff aufweist, aber keine natürliche Nährstoffumgebung, noch das Wachstum in belüfteter Hydrokultur, welches ein hohes Verletzungsrisiko durch zu starke Sauerstoffbesprudelung und durch Austauschen der Lösung mit sich bringt (Munns *et al.*, 2010), bieten bessere Alternativen zur Anzucht der Pflanzen. Qualitative Beeinträchtigungen während der Entwicklung der Gerstenpflanzen, bzw. Anzeichen von verminderter Vitalität (wie z.B. Verfärbung oder Absterben von Wurzelgewebe) wurden während der durchgeführten Versuche nicht beobachtet. Vielfach wird aber auch heute noch angenommen, dass ein enger Kontakt zwischen Wurzel und Wachstumsmedium, wie z. B. bei Wachstum in homogenen, festen Wachstumsmedien, die direkte Nährstoffaufnahme verbessert (Mengel, 1979, S. 222). Bedingt durch eine höhere Bodendichte wurden laut Mc Michael und Quisenberry (1993) jedoch eine verlangsamte Elongation der Wurzel und somit ein langsames Wurzelwachstum, das in einem verkürztem Wurzelsystem resultiert, beobachtet. Im Vergleich zu Wachstum in einem Erde-Sand-Gemisch konnte eine Verkürzung des Wurzelsystems in Medium bei gleichem Entwicklungsstadium der Gerstenpflanzen beobachtet werden.

Bisher gibt es noch kein System im Labor das dem Szenario der natürlichen Umgebung in Erde vollständig gerecht wird, jedoch können gezielte, kontrollierte Umgebungen ohne beeinflussende Störfaktoren im Labor simuliert werden (Hargreaves *et al.*, 2009). Eine hohe interne Validität ist deshalb ausschlaggebend für

die Qualität eines Laborexperiments (Deinzer, 2007) und diese war im Rahmen der Arbeit unter den gleichbleibenden Bedingungen im axenischen System und den kontrollierten Änderungen von jeweils nur einer Variablen (PEG, Phosphat oder Nitrat) gegeben. Daher konnten innerhalb des Versuchsdesign im Rahmen dieser Arbeit aussagekräftige Ergebnisse bzgl. der kontrollierten Wachstumsbedingungen im axenischen System erzielt werden. Das System bietet nach dem derzeitigen Stand der Forschung eine sehr gute Möglichkeit, unter Einbeziehungen angemessener Kontrollpflanzen (Roycewicz und Malamy, 2012), das Wachstum von Wurzeln *in vitro* zu beobachten.

## **4.2 Etablierung der Methode zur Analyse der Wurzelarchitektur**

Bedingt durch den Einsatz neuer bildgebender Methoden (Abschnitt 1.6) konnte innerhalb der letzten 15 Jahre ein erheblicher Fortschritt in der Erforschung der Wurzelarchitektur von Monokotylen beobachtet werden (Himmelbauer *et al.*, 2004; Courtois *et al.*, 2013). Im Review von Spalding und Miller (2013) erfolgt ein guter Überblick über die in letzter Zeit verwendeten Methoden zur Erfassung der Wurzelarchitektur. In der von Lobet *et al.* (2013) entwickelten Datenbank sind die verschiedensten Softwarelösungen zur Quantifizierung von Pflanzen- und Wurzelsystemen aufgelistet. Ebenso wurde innerhalb der letzten Jahre eine Verlagerung der Versuche zur Quantifizierung der Wurzelarchitektur vom Feld ins Labor beobachtet. Kontrollierte Bedingungen, nachvollziehbare Reproduktion und hohe Variabilität bei der Auswahl der Wachstumsbedingungen bringen, im Gegensatz zu Feldversuchen mit schwer kontrollierbaren Einflüssen, viele Vorteile mit sich.

Die derzeitigen Techniken zur Erfassung der Wurzelarchitektur im Labor weisen nach wie vor Limitationen auf, sie befinden sich jedoch in einem Prozess der ständigen Verbesserung (Gregory, 2009). Aber auch die Methoden zur Quantifizierung der Wurzelarchitektur in Erde weisen erhebliche Limitationen auf (Topp *et al.*, 2013), haben aber den Vorteil der natürlichen Umgebung.

Die Bildaufnahmeplattform und die dazugehörigen Komponenten sowie die Software GiA Roots 2D (Galkovsky *et al.*, 2012) zur Berechnung der Wurzelparameter wurden nach einer Testserie (Abschnitt 3.1.2) erfolgreich im Labor

etabliert. Die Software GiA Roots bietet im Moment die umfangreichste Lösung zur Berechnung der Wurzelarchitektur von in transparentem Medium angezogenen Wurzelsystemen. Mit der Berechnung von bis zu 19 Wurzelparametern für ganze Bilderserien können die morphometrischen Charakteristiken des Wurzelsystems sehr gut erfasst werden. In Le Marie *et al.* (2014) erfolgte eine Analyse des 2D-Wurzelsystems von Mais unter Verwendung von drei gängigen Programmen zur Berechnung der Wurzelarchitektur. GiA Roots erbrachte die besten Ergebnisse im Segmentierungsprozess für Bilderserien, was die Analyse im Hochdurchsatz erheblich erleichtert, zeigte aber auch eine Überschätzung der Gesamtwurzellänge. In Topp *et al.* (2013) erfolgte eine Auswertung von Reiswurzeln mit GiA Roots 2D und GiA Roots 3D. Die Validierung der Software wurde anhand eines *in silico* Wurzelmodells und an einem 3D-Drucker erstelltem Wurzelmodell überprüft. Im Gegensatz zu Le Marie *et al.* (2014) wurden viele der berechneten Wurzelparameter, z. B. die Gesamtwurzellänge oder die Wurzeloberfläche mit hinreichender Genauigkeit aus den 2D-Bildern berechnet. Einige Parameter aus der Gruppe Netzwerkverteilung (Tabelle 2.5) zeigten aber Ungenauigkeiten bei der Berechnung in 2D. Der Grund dafür ist die steigende Anzahl von Überkreuzung der Wurzeln bei komplexeren Wurzelsystemen. Präzisere Berechnungen dieser Parameter wurden mit der 3D-Version von GiA Roots erzielt. Eine 3D-Pipeline von GiA Roots stand ab Anfang 2014 hier im Labor zur Verfügung, die vollständigen 3D-Analysen der 6 Gerstensorten sind noch in Arbeit und könnten in Zukunft bei einer Weiterführung des Projektes mit den vorhandenen Daten verglichen werden. Die Etablierung des 2D Bildaufnahme- und Bildverarbeitungsprozesses wurde im Rahmen der Arbeit erfolgreich umgesetzt.

### **4.3 Analyse der einzelnen Sorten**

Die Auswertung der Wurzelarchitektur-Parameter der 6 Sommergerstensorten unter 4 verschiedenen Behandlungen (Kontrolle, osmotischer Stress, Phosphatmangel und Nitratmangel) erfolgte in einem ersten Schritt innerhalb der einzelnen Sorten. Um Unterschiede in der Reaktion des Wurzelsystems der Kontrollen einer Sorte auf die jeweilige Behandlung zu erkennen, wurden die 95%-Konfidenzintervalle für jeden

Wurzelparameter berechnet. Bei Überschneidung der Intervalle eines Parameters der Kontrolle mit dem der jeweiligen Behandlung wird kein statistisch signifikanter Unterschied nachgewiesen. Falls sich die jeweiligen Intervalle nicht überschneiden ist ein signifikanter Unterschied auf einem 5% Niveau nachgewiesen. Im Vergleich zu p-Werten hat der Vergleich von Konfidenzintervallen den Vorteil, dass die Vergleiche auf der Ebene der Datenmessung erfolgen. Daher kann ein Rückschluss auf die Dimension und Richtung des untersuchten Effekts gezogen werden (Benesch, 2013).

In den aktuellen Reviews von Yu *et al.* (2014) und Giehl *et al.* (2014) werden die Erkenntnisse über die Zusammenhänge von Wurzelarchitektur und Nährstoffen genauer beschrieben.

#### **4.3.1 Wurzelsystemarchitektur unter osmotischem Stress (PEG)**

Die Suche nach dem perfekten System zur Anzucht von Pflanzen im Labor zur Simulation z. B. von Wassermangel (Trockenstress) beschäftigt die Forscher schon seit Jahrzehnten. Jedes dabei verwendete Medium zeigte charakteristische Einschränkungen bei der Erzeugung von Trockenstress (Munns *et al.*, 2010). Sogar bei Verwendung von Erde in Topfversuchen wurde z. B. durch Wassersättigung am Topfboden ein schlechteres Wachstum der Kontrollpflanzen im Vergleich zu Wachstum unter moderatem Trockenstress beobachtet (Passioura, 2006). Somit ist die Wahl des optimalen Mediums und Osmotikums zur Simulation von Trockenstress auch immer von den jeweiligen Anforderungen an das Versuchsdesign abhängig. Im Rahmen dieser Arbeit wurde für die Versuche zur Simulation von Trockenstress PEG 8000 verwendet, da hochmolekulares PEG nicht in die Pflanzenzellen eindringt (Munns *et al.*, 2010) und bei einer Konzentration von 5% (w/v) keine optische Beeinträchtigung des Mediums sichtbar wurde (Abbildung 3.4). Außerdem zeigten sich leichte Veränderungen am Wurzelsystem, so dass eine Stressreaktion der Gersten auf moderaten osmotischen Stress angenommen wurde (Abschnitt 3.1.2). PEG findet in vielen Studien zur Simulation von Trockenstress Einsatz (Wu und Cosgrove, 2000, Studien an Mais; Biswas *et al.*, 2002, Studien an Reis; Ueda *et al.*, 2004, Studien an Gerste; Szira *et al.*, 2008, Studien an Gerste;

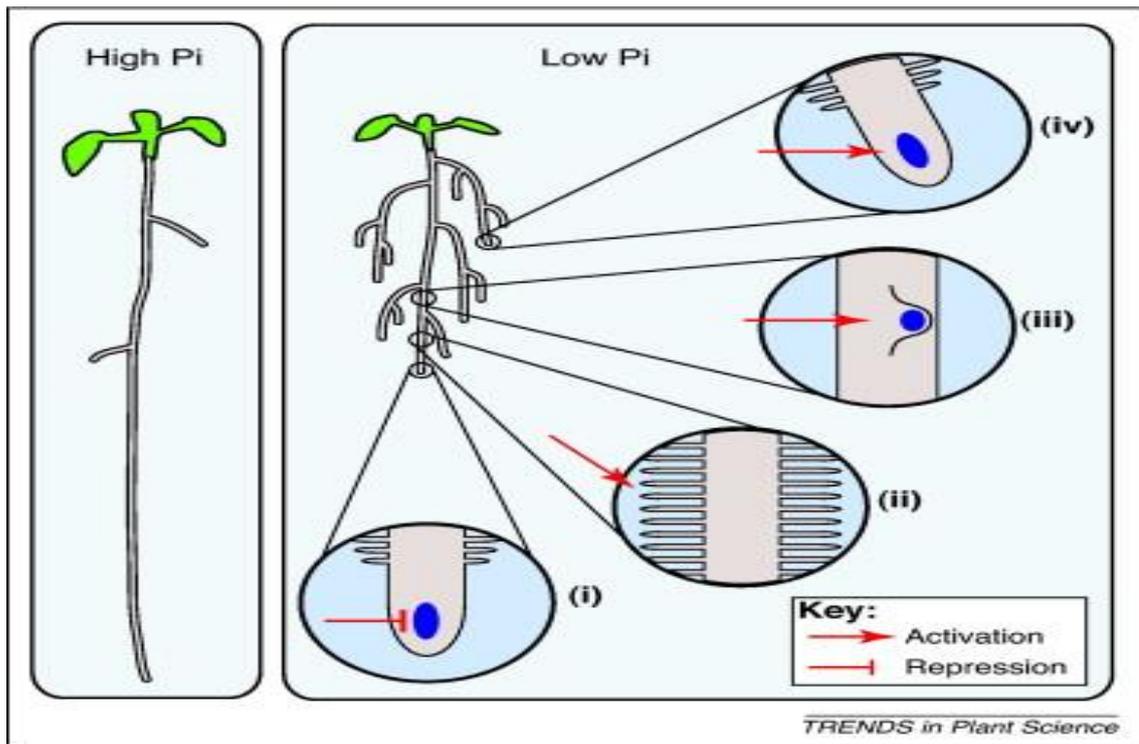
Bengough *et al.*, 2011, Review; Habte *et al.*, 2014, Studien an Gerste). Eine angepasste Reaktion der Wurzelarchitektur auf Wassermangel wird in der Literatur als vielversprechendes Merkmal zur Verbesserung der Trockentoleranz dargestellt. Die Möglichkeit zur Aufnahme von Wasser u. a. aus tieferen Bodenschichten spielt bei der Trockentoleranz eine wichtige Rolle. Pflanzen mit einer Wurzelarchitektur, die ein größeres Bodenvolumen für sich nutzbar machen können, haben daher einen Vorteil unter Trockenstress. Generell zeigen sich diese Anpassungen der Wurzelarchitektur in der Form eines tiefer eindringenden und dichter verteiltem Wurzelsystems zur Vergrößerung der Wurzeloberfläche und zur Detektion von Wasservorräten in tieferen Bodenschichten. Um dieses Verhalten anhand der in dieser Arbeit gemessenen Parameter zu beschreiben, bietet die Betrachtung folgender Parameter eine angemessene Auswahl. Die Parameter Network.Bushiness (2), Maximum.Number.of.Roots (7), Network.Area (11), Network.Perimeter (13), Network.Surface.Area (16) und Network.Volume (18) bedingen durch ihre Erhöhung eine Vergrößerung der Wurzeloberfläche. Die Parameter Network.Depth (3) und Network.Length.Distribution (5) sowie Network.Convex.Area (12) und Network.Solidity (14) charakterisieren das Verhalten des Wurzelsystems bezüglich der Eindringtiefe und Raumforderung (Tabelle 2.5). Auf die Behandlung mit 5% (w/v) PEG zeigten 2 der 6 untersuchten Sommergersten statistisch signifikante Unterschiede einiger dieser Wurzelarchitektur-Parameter im Vergleich mit ihren jeweiligen Kontrollpflanzen (Abschnitt 3.3.1). Die Ergebnisse zeigten, dass diese beiden Sorten (*Grace* und *Braemar*) bei moderatem osmotischem Stress die Fähigkeit besitzen, ihre Wurzelarchitektur anzupassen. Die Sorte *Grace* zeigte eine statistisch signifikante 24,7 %-ige Verminderung und die Sorte *Braemar* eine 31,2 %-ige Verminderung des Parameters Network.Solidity (14), dem Quotienten aus Wurzelnetzwerkfläche und der Fläche der konvexen Netzwerkhülle. Bei beiden Sorten wurde die Minderung der Netzwerkdichte durch den Anstieg des Parameters Network.Convex.Area (12) hervorgerufen, d. h. bei ähnlich großer Fläche des Wurzelnetzwerkes vergrößerte sich die Fläche des Raums, die das Wurzelnetzwerk unter der PEG-Behandlung einnimmt (Tabelle 3.4 und Tabelle 3.5). Eine Ausweitung des Wurzelsystems auf ein größeres Bodenvolumen konnte auch von Manschadi *et al.* (2006) beobachtet werden. Sie verglichen in ihrer Studie

Wurzelsysteme in Erde unter limitierter Wasserzugabe, wobei jeweils eine trockenstressresistente Weizen- und Gerstensorte (*cv. SeriM28* bzw. *cv. Mackay*) und eine trockenstresssensitive Standard-Weizensorte (*cv. Hartog*) verwendet wurde. Das Wurzelsystem von Gerste zeigte im Vergleich die größte Ausdehnung des Wurzelsystems bezüglich des Bodenvolumens. Die trockenstresstolerante Weizensorte zeigte im Vergleich zur Sorte *Hartog* eine höhere Eindringtiefe in den Boden. Eine Erhöhung des Parameters *Network.Depth* (3), also ein tieferes Eindringen in das Wachstumsmedium wurde bei den Sorten *Grace* und *Braemar* festgestellt. Bei *Grace* nahm die Eindringtiefe des Wurzelsystems im Vergleich mit den jeweiligen Kontrollen um 39,9 % und bei *Braemar* um 35,1 % zu. Diese Ergebnisse weisen auf die Fähigkeit der beiden Sorten hin, tiefere Bodenschichten nach Wasserreserven zu erkunden. Bei der Sorte *Grace* wurden zusätzlich die Parameter *Network.Bushiness* (2) um 40,4 % Steigerung und *Network.Length.Distribution* (5) um 54,9 % Steigerung mit statistisch signifikanten Unterschieden zur Kontrolle festgestellt. Dies untermauert zusätzlich das Bestreben der Sorte *Grace*, ein größeres Bodenvolumen auf der Suche nach Wasservorräten einzunehmen. Bei der Sorte *Braemar* wurde hingegen eine signifikante Verminderung der maximalen Wurzelanzahl um 39,3 %, aber ein Anstieg des Parameters *Major.Ellipse.Axis* (6) um 38,2 % festgestellt. Hier erscheint es, dass die Anpassung der Sorte auf osmotischen Stress eher durch die Eroberung eines größeren Bodenvolumens, als durch die Vergrößerung der Wurzeloberfläche realisiert wird. In Comeau *et al.* (2010) wurden verschiedene Getreidearten (u. a. Weizen, Gerste und Hirse) unter unterschiedlichen Bedingungen im Labor (hydroponische Anzucht, festes Wachstumsmedium) unter Zugabe von PEG untersucht. Bei Gerste zeigte sich unter osmotischem Stress eine erhöhte Ausprägung von Seitenwurzeln und Verzweigungen. Bei der visuellen Betrachtung der Reaktion der Gersten auf osmotischen Stress (Abschnitt 3.1.2) konnte dies auch beobachtet werden.

Die Ergebnisse lassen darauf schließen, dass die Sorten *Grace* und *Braemar* ausgeprägte Fähigkeiten besitzen ihre Wurzelarchitektur bei osmotischem Stress an die Bedingungen anzupassen. Die anderen getesteten Sorten *Wisa*, *LfL24727*, *Barke* und *Tatum* zeigten diese adaptierte Reaktion der Wurzelarchitektur nicht.

### 4.3.2 Die Reaktion des Wurzelsystems auf Phosphatmangel

Phosphat ist essentiell für ein optimales Pflanzenwachstum und wird aktiv über die Wurzel aus der Umgebung aufgenommen. Phosphat ist als natürliche Ressource nicht erneuerbar, und laut Aussagen werden die globalen Reserven in etwa 50 bis 100 Jahren erschöpft sein (Cordell *et al.*, 2009). In diesem Kontext ist die Erforschung der Wurzelreaktion auf Phosphatmangel ein wichtiger Aspekt. Phosphat zählt zu den immobilen Nährstoffen im Boden, da es an biologische und chemische Bodenbestandteile gebunden ist. Phosphat wird demnach bevorzugt in den oberen Bodenschichten angetroffen (Teng *et al.*, 2013). Für das Wachstum von Pflanzen ist Phosphatmangel ein limitierender Faktor, und deshalb haben Pflanzen verschiedene Strategien ausgebildet, um Phosphat aufzunehmen. Unter anderem zählt zu diesen Strategien die Anpassung der Wurzelarchitektur, d. h. das Wurzelwachstum wird verstärkt, und mehr Seitenwurzeln und Wurzelhaare werden ausgebildet, um die räumliche Ausbreitung und die Wurzeloberfläche zu vergrößern (Abel *et al.*, 2002). Obwohl die gesteigerte Entwicklung von Wurzelhaaren eine wichtige Rolle bei der Phosphatbeschaffung spielt, wurde dies im Rahmen dieser Arbeit nicht überprüft, da der Fokus auf der Überprüfung der Wurzelarchitektur lag (Abschnitt 1.5). Ein weiterer wichtiger Aspekt bei der Anpassung des Wurzelsystems an ein limitiertes Phosphatangebot ist die Symbiose der Wurzel mit Mykorrhizapilzen (Gutjahr und Paszkowski, 2013). Aufgrund der sterilen Anzucht der Gerstenpflanzen in den Versuchen wird darauf nicht weiter eingegangen. Besonders die Einnahme der oberen Bodenschicht durch das Wurzelsystem wird als typische Reaktion auf ein limitiertes Phosphatangebot beschrieben (Lynch, 2011; Pèret *et al.*, 2011). In Abbildung 4.1 wird die angepasste Reaktion eines Wurzelsystems unter limitiertem Phosphatangebot dargestellt (Pèret *et al.*, 2011).



**Abbildung 4.1** Anpassung der Wurzelarchitektur an das Phosphatangebot (Graphik übernommen aus Pèret *et al.*, 2011). Wachstum der Wurzel unter Phosphatmangel-Bedingungen (Low Pi), (i) stark eingeschränktes Wachstum der Primärwurzel, (ii) Anstieg der Wurzelhaarproduktion und Wurzelhaarlänge, (iii) vermehrte Ausbildung und (iv) gesteigertes Wachstum von Lateralwurzeln. Die Veränderungen der Wurzelarchitektur verbessern die Aufnahme von Phosphat, indem die Wurzeloberfläche zur Absorption vergrößert wird und die oberen Bodenschichten, in denen Phosphat vorkommt, abgetastet werden.

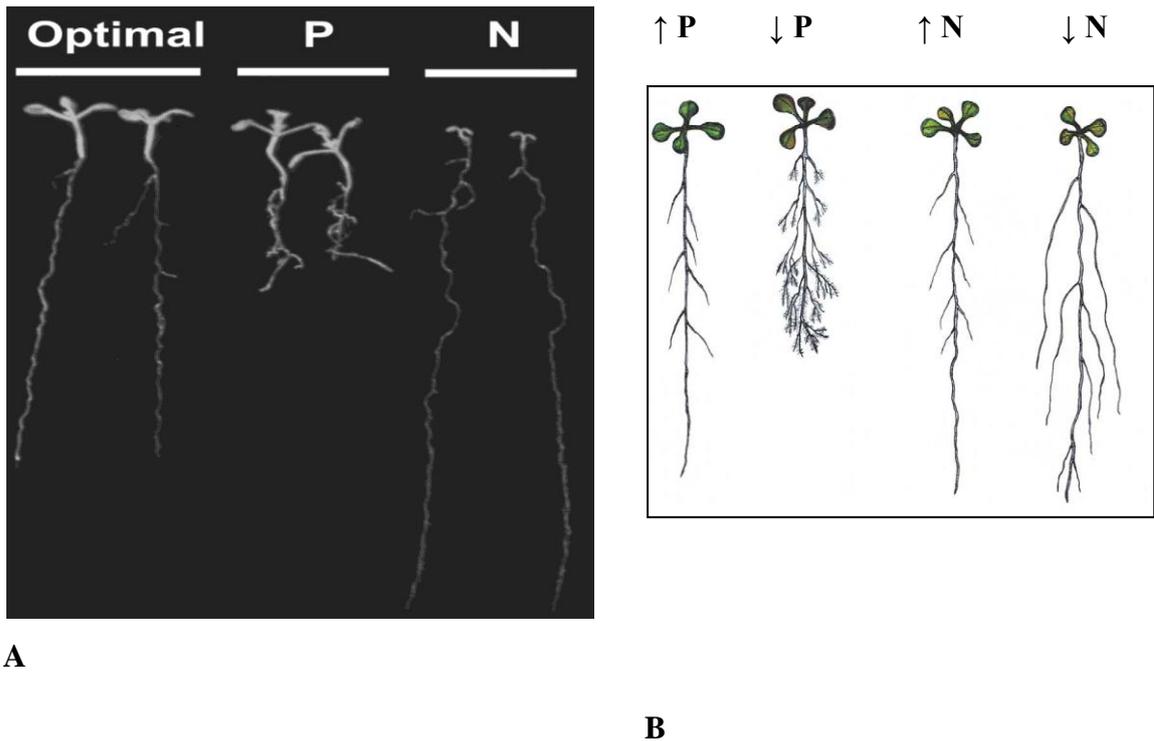
Die Ergebnisse der Versuche unter Phosphatmangel zeigten, dass 4 der 6 Gerstenvarianten mit signifikanten Unterschieden im Vergleich zu den jeweiligen Kontrollpflanzen auf ein limitiertes Angebot von Phosphat reagierten (Abschnitt 3.3.1). Die Sorten *Wisa* und *Barke* wiesen keine statistisch wesentlichen Unterschiede der 19 gemessenen Wurzel-Parameter auf (Abschnitt 3.3.1.1 und Abschnitt 3.3.1.3). Daher ist anzunehmen, dass diese beiden Sorten wenig ausgeprägte Fähigkeiten besitzen ihr Wurzelsystem an eine phosphatarne Umgebung anzupassen. Die Sorten *LjL24727*, *Grace*, *Braemar* und *Tatum* reagierten mit deutlichen Veränderungen ihrer Wurzelarchitektur während des Phosphatmangels. Schon durch Betrachtung der repräsentativen Wurzelbilder (Abbildung 3.8) kann die in der Literatur beschriebene Veränderung der Wurzelarchitektur durch Phosphatmangel (Lynch, 2011; Pèret *et al.*, 2011; Gutjahr

und Paszkowski, 2013) an den "angepassten" Gerstensorten bestätigt werden. Eine mögliche Auswahl an folgenden, mit GiA Roots zu berechnenden Parametern (Tabelle 2.5), kann eine angepasste Reaktion des Wurzelsystems an Phosphatmangel beschreiben: Parameter der Gruppe Netzwerkausdehnung, wie z. B. Network.Depth (3), Major.Ellipse.Axis (6), Minor.Ellipse.Axis (10) und Network.Convex.Hull (12) und weiterhin Parameter aus der Gruppe Netzwerkgröße, wie z. B. Network.Area (11), Network.Perimeter (13), Network.Surface.Area (16), Network.Length (17) und Network.Volume (18). Die Sorten *Grace* und *Tatum* zeigten signifikante Unterschiede an 10 bzw. 9 der 19 Wurzelparameter, interessanterweise handelte es sich dabei um jeweils identische Parameter (Tabelle 3.4 und Tabelle 3.6). Bei der Sorte *Grace* wurde zusätzlich noch eine Verringerung des Parameters Network.Volume (18) festgestellt. Die Verminderung der Parameter Network.Depth (3), Major.Ellipse.Axis (6), Minor.Ellipse.Axis (10) und Network.Convex.Hull (12) der Sorten *LfL24727*, *Grace* und *Tatum* führen zu einer Verschiebung der vom Wurzelsystem genutzten Fläche in Richtung obere Bodenschicht. Zusätzlich bedingt sie eine Begrenzung des Areal, in dem das Wurzelsystem nach Nährstoffen suchen kann. Durch die Minderung der Parameter aus der oben erwähnten Gruppe Netzwerkgröße wird aber auch eine Verkleinerung des gemessenen Wurzelsystems erkennbar, dass der These der Vergrößerung der Wurzeloberfläche nicht gerecht wird. Ob eine tatsächliche Vergrößerung der Wurzeloberfläche durch vermehrtes Wurzelhaarwachstum gebildet wurde, müsste zusätzlich auf mikroskopischer Ebene erfasst werden. Die Sorten *Grace* und *Tatum* zeigen aber durch die Erhöhung des Parameters Network.Solidity (14), vor allem bedingt durch die massive Verringerung des Parameters Network.Convex.Hull (12) eine dichtere Wurzelfläche innerhalb der bewurzelten Bodenfläche. Die Sorte *Braemar* zeigte tendenziell ähnliche Reaktionen, wies aber nur 5 signifikante Unterschiede zu den Kontrollpflanzen auf. Die Ergebnisse aus den Versuchen führen zu folgender Interpretation. Die getesteten Gerstensorten weisen unterschiedliche Fähigkeiten zur Anpassung der Wurzelarchitektur auf Phosphatmangel auf. Die Sorten *Wisa* und *Barke* zeigen keine signifikanten Änderungen in der Wurzelarchitektur, somit lässt sich eine geringe Anpassungsfähigkeit der Sorten auf Phosphatmangel vermuten. Die Sorten *LfL24727*, *Grace*, *Braemar* und *Tatum* zeigen durch ihre während des

Phosphatmangels veränderte Wurzelarchitektur, dass sie sich an die Mangelsituation anpassen können. Es ist anzunehmen, dass bei den Sorten *Grace* und *Tatum* die Fähigkeit zur Anpassung an Phosphatmangel am besten ausgeprägt ist.

#### 4.3.3 Änderungen der Wurzelarchitektur unter Nitratmangel

Stickstoff ist, ebenso wie Phosphat, ein essentieller Nährstoff für Pflanzen (Mengel, 1979, S. 207). In den Versuchen standen zwei verschiedene Stickstoffquellen in Form von Ammoniumnitrat zur Verfügung (Abschnitt 1.4 und Abschnitt 2.1.2.4). Die Fähigkeit einer Pflanze, Stickstoff aus dem Boden aufzunehmen, ist von zwei Eigenschaften abhängig. Die Größe der Wurzeloberfläche, die in Kontakt zu löslichen Nitraten steht, spielt eine wichtige Rolle. Weiterhin ist die Effizienz des Stickstofftransportes innerhalb der Wurzel ausschlaggebend (Roycewicz und Malamy, 2012). Die Anpassung des Wurzelsystems an ein limitiertes Stickstoffangebot wird im Allgemeinen in Form von verstärktem Wachstum von Primär- und Sekundärwurzeln (Roycewicz und Malamy, 2012; Gruber *et al.*, 2013) geschildert. Der Beginn der Adventivwurzelbildung (Kronenwurzeln) beginnt bei Gerste für gewöhnlich mit dem Beginn der Bestockung. Da die Bestockung bei Gerste frühestens ab dem BBCH-Stadium 13 (**B**iologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, **B**undessortenamt und **C**hemische Industrie) beginnt (Meier, 2001), fand die Bildung von Adventivwurzeln in der 16-tägigen Wachstumsphase (BBCH-Stadium 12) während der Versuche noch nicht statt (Abschnitt 3.4). Eine Tendenz zur Verlängerung der Primärwurzeln, um das leicht lösliche, in tieferen Bodenschichten vertretene Nitrat zu erreichen und eine daraus resultierende Verschiebung des Verhältnisses der Wurzel-Spross-Biomasse wird ebenfalls beschrieben (van Vuuren *et al.*, 1996; Lynch, 2011; Sánchez-Calderón *et al.*, 2013). Das oben erwähnte Verhalten des Wurzelsystems am Beispiel von *Arabidopsis* unter verschiedenen Nährstoffbedingungen zeigt Abbildung 4.2.



**Abbildung 4.2** Darstellung der Wurzelarchitektur von *Arabidopsis*. **A:** Wachstum unter optimalen, phosphatarmen und nitratarmen Bedingungen (Graphik übernommen aus Sánchez-Calderón *et al.*, 2013). **B:** Systematische Darstellung der Wurzelarchitektur unter verschiedenen Nährstoffbedingungen (Graphik übernommen aus López-Bucio *et al.*, 2003).

Der Trend zur Verlängerung der Primärwurzeln (Abbildung 4.2 A) wurde während der Versuche mit limitiertem Stickstoffangebot bei allen verwendeten Gerstensorten festgestellt (Abbildung 3.8). Statistisch signifikante Unterschiede in der Wurzelarchitektur wurden für die 6 Sorten im Vergleich zu den jeweiligen Kontrollen nachgewiesen. Die Sorte *Grace* repräsentierte mit 5 veränderten Wurzelparametern die Sorte mit den geringsten Unterschieden. Die Sorten *Barke* und *Braemar* zeigten mit 14 bzw. 13 signifikanten Unterschieden eine stark ausgeprägte Veränderung der Wurzelarchitektur. Die Sorten *Wisa*, *LfL24727* und *Tatum* bildeten das Mittelfeld mit 8 bzw. 10 veränderten Parametern. Überwiegend zeigten sich Unterschiede während des Nitratmangels (Abschnitt 3.3.1) an einem Großteil der in Abschnitt 4.3.2 erwähnten veränderten Parameter unter Phosphatmangel. Jedoch wiesen die signifikanten Parameter unter Nitratmangel die Unterschiede hauptsächlich in einem Anstieg der Werte der gemessenen Parameter auf. Einen enormen Anstieg des Parameters Network.Depth (3) um durchschnittlich 173,8%,

bzw. um 6,19 cm wurde bei der Sorte *Barke* nachgewiesen (Tabelle 3.3). Die weiteren Sorten zeigten ein tiefer reichendes Wurzelwachstum von ca. 3 bis 5,5 cm, bzw. etwa 50 bis 100% Anstieg im Vergleich zu den Kontrollpflanzen. Weiterhin wurde eine massive Verlängerung des Gesamtwurzelsystems nachgewiesen. Der Parameter *Network.Length* (17) stieg um bis zu 129,3%, bzw. 49,2 cm bei Sorte *Barke*. Bis auf Sorte *Grace* reagierten die vier weiteren Sorten mit ebenfalls massiven Verlängerungen des Gesamtwurzelsystems (Tabellen 3.1 bis 3.6). Da dieser massive Anstieg nicht nur durch das verlängerte Wachstum der Primärwurzeln gedeutet werden kann, ist anzunehmen, dass auch die Sekundärwurzeln ein verlängertes Wachstum, wie in Abbildung 4.2 B beschrieben, aufzeigen. Dies kann qualitativ anhand der repräsentativen Bilder (Abbildung 3.8) bestätigt werden. Bedingt durch die Vergrößerung des gesamten Wurzelnetzwerkes erfolgte auch eine Vermehrung der Wurzeloberfläche, nachgewiesen u. a. an den Parametern *Network.Perimeter* (13), *Network.Surface.Area* (16) und *Network.Volume* (18). Aufgrund dieser Ergebnisse kann davon ausgegangen werden, dass bei allen untersuchten Gerstensorten, die wie in der Literatur beschriebene Fähigkeit zur Anpassung des Wurzelsystems an Nitratmangel vorhanden ist. Offensichtlich regt Nitratmangel das Wurzelsystem an, sich in eine bestimmte Richtung zu entwickeln. Da die Mehrheit der signifikanten Parameter den Gruppen Netzwerkausdehnung und Netzwerkgröße zugeordnet werden, bestätigt dies, dass die Wurzelarchitektur unter Nitratmangel mehr Raum einnahm und das Wurzelsystem allgemein an Größe zunahm. Auch bei der Adaption an Nitratmangel zeigen sich unterschiedlich stark ausgeprägte Fähigkeiten der Sorten.

Es ist anzunehmen, dass vor allem die Sorten *Barke* und *Braemar*, gefolgt von den Sorten *LfL24727*, *Tatum* und *Wisa* eine hohe Fähigkeit besitzen, ihre Wurzelarchitektur an nitratarme Umgebungen anzupassen. Die Sorten *Wisa* und *Grace* zeigen die Tendenz zur Anpassungsfähigkeit, jedoch weniger stark ausgeprägt.

#### 4.4 Vergleich zwischen den Gerstensorten

Die Züchtung europäischer Sommergersten wurden laut Hatz (1997) unter Einsatz relativ weniger Landsorten aus Deutschland, Schweden, Tschechoslowakei und England aufgebaut. Die 1973 zugelassene Sorte Triumph war die Grundlage für eine große Anzahl leistungsfähiger Sommergerstensorten. Studien über die genotypische und phänotypische Diversität der deutschen Gerstensorten sind in der Literatur kaum vorhanden. In Pillen (2002) wurden 14 europäische Sommergersten und 2 Nordamerikanische Sommergersten mit 67,7% mittlerer genetischer Ähnlichkeit bewertet. Die in dieser Arbeit untersuchten Sommergersten beinhalten eine ältere Gerstensorte und mehrere moderne Sorten. Die alte Sorte *Wisa* dominierte den Braugerstenanbau von 1955-1967 (Narziß und Back, 2012, S.19). Die Sorte *Barke* erhielt ihre Zulassung 1996, die Sorte *Braemar* 2002, die Sorte *Grace* 2008 und die Sorte *Tatum* im Jahr 2010. Die Sorte LfL24727 ist eine Zuchtsorte des Institutes für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung an der Bayrischen Landesanstalt für Landwirtschaft mit einer Resistenz gegenüber nichtparasitärer Blattverbräunung.

In einer ersten Analyse wurden anhand unifaktorieller Varianzanalysen die unterschiedlichen Wurzelparameter zwischen den Sorten für jede der Behandlungen identifiziert. Die Ergebnisse (Abschnitt 3.3.2) bestätigten die Annahme, dass erhebliche Unterschiede in der Wurzelarchitektur zwischen den Sorten bestehen. Die phänotypischen Unterschiede zeigten sich sowohl beim Vergleich der Kontrollpflanzen als auch beim Vergleich zwischen den Sorten während der drei weiteren Behandlungen (Abbildungen 3.9 bis 3.12). Der im Anschluss folgende paarweise Vergleich diente zur Identifizierung der Sorten mit ähnlicher Wurzelarchitektur (Tabellen 3.7 bis 3.10). Die Sortenpaare wurden anschließend in Ähnlichkeitsgruppen (Abschnitt 3.3.2) eingeteilt (Tabelle 3.11). Beim Vergleich der Kontrollpflanzen fielen die Sortenpaare *Wisa- LfL24727*, *LfL24727-Tatum* und *Barke-Grace* durch eine hohe Übereinstimmung der Wurzelarchitektur auf. Weiterhin war ersichtlich, dass sich die Sorte *Grace* und noch ausgeprägter die Sorte *Barke* von den restlichen Sorten unterschied. Dies ist mit dem im Allgemeinen kleiner und kürzer wachsenden Wurzelsystem von *Barke* und ferner auch von *Grace*

zu erklären (Abbildung 3.8). Somit ist anzunehmen, dass es sich bei den untersuchten Sorten um zwei unterschiedlich stark ausgeprägte Wurzelarchitektur-Phänotypen handelt. Tendenziell wurde die Gruppenzugehörigkeit der Gerstenpaare auch während der verschiedenen Stressbehandlungen beibehalten. Jedoch zeigten sich unter der PEG-Behandlung mehr Sortenpaare in den Ähnlichkeitsgruppen C und D, während unter Phosphat- bzw. Nitratmangel eine Häufung von Sortenpaaren in der Ähnlichkeitsgruppe A erfolgte. Eine mögliche Deutung dieses Verhaltens ist vermutlich die sehr spezifische Veränderung der Wurzelarchitektur zur Adaption an phosphat- oder nitratlimitierte Umgebungen.

Mit der monokotylen Modellpflanze *Brachypodium distachyon* (Watt *et al.*, 2009; Pacheco-Villalobos und Hardtke, 2012) wurden von Ingram *et al.* (2012) zwei Sorten auf Unterschiedlichkeit der Wurzelarchitektur mit GiA Roots untersucht. Deutliche phänotypische Unterschiede des Wurzelsystems wurden dabei festgestellt, wobei sich die Sorten vorrangig in der Anzahl der Verzweigungen und Seitenwurzeln sowie in der räumlichen Ausdehnung unterschieden. In Burton *et al.* (2013) zeigte die Analyse der Wurzelarchitektur von verschiedenen Maissorten ebenfalls phänotypische Unterschiede. Phänotypische Unterschiede der Wurzelsysteme wurden im Rahmen der Versuche zwischen den 6 Gerstensorten festgestellt. Dies entspricht den Beobachtungen von Ingram *et al.* (2012) und Burton *et al.* (2013) und unterstützt die Annahme (Abschnitt 1.5), dass die Sorten unterschiedlich ausgeprägte Wurzelarchitektur besitzen.

Eine Verbindung zwischen spezieller Wurzelarchitektur (am Beispiel der zwei identifizierten Phänotypen unter der Kontrollbehandlung) und einer dadurch zu erklärenden robusteren Verhaltensweise gegenüber den Stressbehandlungen konnte nicht erkannt werden. So zeigten die Sorten *Grace* („kleines“ Wurzelsystem) und *Braemar* („großes“ Wurzelsystem) trotz unterschiedlicher Wurzelarchitektur jeweils das robusteste Verhalten gegenüber den verschiedenen Stressbehandlungen (Abschnitt 4.3.4).

## 4.5 Auswertungen des Frischgewichts

Bei der Ernte der 6 Gerstensorten nach 16 Tagen Wachstum erreichten die Pflanzen (Abbildung 3.13) das BBCH-Entwicklungsstadium 12 bis 13 (Meier, 2001). Zwei prägnante Auffälligkeiten wurden bei der Auswertung des Wurzelfrischgewichts (FGW) festgestellt. Anhand der Box-Plots (Abbildung 3.14) wurde ersichtlich, dass die Sorte *Tatum* unter jeder Behandlung ein höheres FGW im Vergleich zu den restlichen Sorten aufwies und dass eine Erhöhung des FGW unter Nitratmangel für alle 6 Sorten festzustellen war. Das wurde auch mit der zweifaktoriellen ANOVA und dem anschließendem Tukey-HSD-Test statistisch nachgewiesen (Tabelle 3.13 und Tabelle 3.14). Die Sorte *Tatum* gehört zu den langstrohigen Sorten der Braugerste, und vermutlich ist das eine der Erklärungen für die höhere Biomasse der Sorte *Tatum*. Der Anstieg des FGW unter Nitratmangel deckt sich mit den oben erläuterten Ergebnissen aus der Quantifizierung der Wurzelarchitektur unter Nitratmangel (Abschnitt 4.3.3), so dass tatsächlich auch ein höheres FGW für ein gemessenes größeres Wurzelsystem aller Sorten nachgewiesen wurde.

Die Auswertung der zweifaktoriellen ANOVA des Sprossfrischgewichts (FGS) ergab, wie schon die Auswertung des FGW, dass die Faktoren Sorte und Behandlung signifikante Unterschiede auf einem Niveau von 5% aufwiesen. Die Sorte *Tatum* besitzt auch ein signifikant höheres Sprossgewicht unter allen Behandlungen im Vergleich zu den weiteren getesteten Sorten. Neben der Sorte *Tatum* mit durchschnittlich 559 mg FGS, zeigten die Sorten *LfL24727* und *Grace* mit durchschnittlich 405 bzw. 401 mg die höchsten Werte des FGS unter Kontrollbedingungen. Die Sorten *Braemar*, *Wisa* und *Barke* hatten mit 338, 357 und 383 mg niedrigere Durchschnittswerte des Sprossgewichtes (Tabelle 3.12). Weiterhin zeigten sich signifikante Unterschiede des FGS zwischen Nitratmangel bzw. PEG-Behandlung und Kontrollen. Vor allem die Sorte *Grace* reagierte mit einem verminderten Sprossgewicht von durchschnittlich 100 mg auf osmotischen Stress im Vergleich zur Kontrolle. Ob die starke Verminderung des Sprossgewichtes der Sorte *Grace* einen Vorteil bei der Anpassung an osmotischen Stress der juvenilen Pflanze mit sich bringt, ist nicht klar. Jedoch sprechen die Ergebnisse aus der Analyse der Wurzelsystems (Abschnitt 4.3 und Abschnitt 4.4) für ein angepasstes Verhalten. Tendenziell wurde auch bei den restlichen Sorten eine Verringerung des

FGS unter osmotischen Stress beobachtet (Abbildung 3.15 und Tabelle 3.12). Eine Verringerung des FGS von trockenstresstoleranter Gerste unter Wassermangel von bis zu 35% wurde auch von Fayed und Baizad (2013) und Ahmed *et al.* (2013) festgestellt. Auch unter Nitratmangel wurde eine signifikante Verringerung des FGS im Vergleich mit den Kontrollen, im Gegensatz zum FGW, festgestellt (Tabelle 3.14). Eine Verringerung des Sprossgewichts und ein Anstieg des Wurzelgewichts wurden auch in Skobeleva *et al.* (2009) an Gerstenpflanzen von Gerste unter Nitratmangel nachgewiesen. Es ist anzunehmen, dass das verstärkte Wurzelwachstums der juvenilen Gerste unter Nitratmangel ein verringertes Sprosswachstum mit sich bringt.

#### **4.6 Zusammenfassung und Ausblick**

Die in Abschnitt 1.7 beschriebene Zielsetzung der Arbeit wurde erfolgreich umgesetzt. Das 2D-Bildverarbeitungssystem wurde etabliert und an Gerste erstmals eingesetzt, um unter verschiedenen physiologischen Bedingungen die Wurzelarchitektur zu untersuchen. Die Gerstensorten zeigten phänotypische Unterschiede unter Kontrollbedingungen und reagierten unterschiedlich auf die Stressbedingungen. Eine Erfassung von Selektionskriterien zur Identifikation von robusten Gerstensorten im juvenilen Stadium sollte schnell und einfach messbar sein, um einen Hochdurchsatz von Messungen zu ermöglichen. Weiterhin sollen sich auch die Kosten zur Erhebung der Kriterien in einem wirtschaftlich vertretbaren Rahmen bewegen, da die Messungen ein zusätzliches Instrument zur Bewertung von Eigenschaften in der Gerstenzüchtung bieten sollen. Das hier verwendete System kann beides leisten und könnte von den Züchtern als Instrument zur Charakterisierung der Eigenschaften des Wurzelsystems von Gerstenpflanzen im frühen Entwicklungsstadium eingesetzt werden.

Im Idealfall sollten die Ergebnisse aus den Analysen der juvenilen Wurzelarchitektur im Labor mit den Ergebnissen anderer Methoden, z. B. Wurzelanalysen aus Feldversuchen oder Analysen von Wurzelsystemen aus Topfversuchen verglichen werden (Szira *et al.*, 2008; Topp *et al.*, 2013; Postma *et al.*, 2014; Yu *et al.*, 2014). In Kombination mit den Erfahrungen der Züchter über die Eigenschaften der

Gerstensorten im Feld und den Erkenntnissen aus den Sortenversuchen könnten die charakteristischen Eigenschaften der jeweiligen Wurzelsysteme aus den Laborversuchen zu einem tieferen Verständnis über die Robustheit und Anpassungsfähigkeit von Gerstenpflanzen führen.

Die 3D- Analysen des Gerstensets aus dieser Arbeit mit GiA Roots 3D (Zheng *et al.*, 2011; Topp *et al.*, 2013) stehen noch aus, sollen aber in Zukunft fertiggestellt werden, um weitere Erkenntnisse über die Wurzelarchitektur zu liefern. Auch wäre es interessant, weitere Nährstoffversuche durchzuführen bzw. Nährstoffkombination zu testen und diese evtl. in einer heterogenen Umgebung (mit Nährstoffpatches) durchzuführen. Die Beobachtung und Messung der Veränderung der Wurzelarchitektur über ein gewisses Zeitintervall bietet weitere Möglichkeiten für den zukünftigen Einsatz des Bildverarbeitungssystems.

## 5. Anhang

### 5.1 Gerstensortiment

**Tabelle 5.1** Übersicht des relativen Ertragsverlustes des Gerstensortiments (Topf-Trockenstress-versuche in Bonn, INRES, Universität Bonn, Alexandra Bothe; unveröffentlichtes Material).

Nr.	Sorte	relativer Ertragsverlust durch Trockenheit [%]
1	Wisa	-22,47
2	LFL24727	1,32
3	Barke	-17,90
4	Grace	9,41
5	Braemar	12,70
6	Tatum	-11,96
7	Aliciana	-20,34
8	Wiebke	-15,34
9	Calcule	1,62
10	Xanadu	-26,60
11	Kangoo	-15,82
12	NFC Tipple	-12,81
13	Prestige	-10,43
14	Primadonna	-8,18
15	Propino	-7,51
16	Quench	-5,08
17	Sunshine	-11,67
18	Sebastian	-3,34
19	Streif	-9,07
20	SuLilly	-12,15
21	Scarlett	-15,02
22	Morex	-24,72
23	Bojus	-12,97
24	Henrike	-22,74

**Tabelle 5.2** Sortenübersicht und Züchter

<b>Nr.</b>	<b>Sorte</b>	<b>Züchter</b>
1	Wisa	BREU; Saatzucht Josef Breun, Herzogenaurach, Deutschland
2	LFL24727	LFLB; Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Freising, Deutschland
3	Barke	BREU
4	Grace	ACKE; Ackermann Saatzucht GmbH & Co. KG, Irlbach, Deutschland
5	Braemar	SYNG; Syngenta Agro, Bad Salzflen, Deutschland
6	Tatum	NORD; Nordsaat Saatzuchtgesellschaft mbH, Langenstein, Deutschland
7	Aliciana	KWS; KWS Saat AG, Einbeck, Deutschland
8	Wiebke	NORD
9	Calcule	STRE; Saatzucht Streng - Engelen GmbH & Co. KG, Uffenheim, Deutschland
10	Xanadu	NORD
11	Kangoo	LIMA; Limagrain GmbH, Gleven, Deutschland
12	NFC Tipple	SYNG
13	Prestige	DIEK; Diekmann GmbH & Co. KG, Rinteln, Deutschland
14	Primadonna	FIRL; I. G. Pflanzenzucht GmbH, München, Deutschland
15	Propino	SYNG
16	Quench	SYNG
17	Sunshine	BREU
18	Sebastian	STRE
19	Streif	STRE
20	SuLilly	NORD
21	Scarlett	BREU
22	Morex	IPK Gatersleben Kulturpflanzenbank, Stadt Seeland, Deutschland
23	Bojos	LIMA
24	Henrike	NORD

## 5.2 Maßzahlen der deskriptiven Statistik

**Tabelle 5.3** Deskriptive Statistik der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter Kontrollbedingungen.

<b>Parameter (Kontrolle)</b>	<b>Sorte</b>	<b>n</b>	<b>M</b>	<b>SD</b>	<b>MD</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>	<b>R</b>
<b>1. Average.Root.Width. Diameter. [cm]</b>	1	13	0,036	0,003	0,035	0,033	0,042	0,009
	2	11	0,039	0,003	0,038	0,033	0,044	0,011
	3	11	0,039	0,002	0,039	0,037	0,041	0,004
	4	12	0,036	0,002	0,036	0,032	0,038	0,006
	5	11	0,037	0,003	0,038	0,033	0,042	0,009
	6	11	0,037	0,002	0,037	0,032	0,040	0,008
<b>2. Network.Bushiness [n/n]</b>	1	13	2,562	1,273	1,939	1,366	5,563	4,196
	2	11	2,596	1,546	1,973	1,329	6,208	4,880
	3	11	2,416	0,956	2,132	1,365	4,264	2,899
	4	12	1,836	0,332	1,756	1,343	2,437	1,094
	5	11	5,773	3,106	3,173	1,286	19,813	18,526
	6	11	2,496	1,332	1,876	1,347	5,566	4,219
<b>3. Network.Depth [cm]</b>	1	13	6,149	1,767	6,611	3,082	9,004	5,922
	2	11	6,291	2,119	5,770	3,680	9,692	6,012
	3	11	3,561	1,197	3,653	1,633	5,511	3,878
	4	12	3,924	0,822	3,701	2,813	5,244	2,432
	5	11	5,863	1,453	6,341	3,633	8,360	4,727
	6	11	5,481	1,370	6,119	3,292	7,033	3,741
<b>4. Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]</b>	1	13	0,598	0,128	0,579	0,437	0,880	0,443
	2	11	0,653	0,097	0,642	0,489	0,807	0,318
	3	11	0,556	0,114	0,593	0,314	0,704	0,390
	4	12	0,609	0,125	0,614	0,330	0,802	0,472
	5	11	0,560	0,128	0,595	0,385	0,757	0,372
	6	11	0,582	0,111	0,543	0,428	0,785	0,356
<b>5. Network.Length.Distribution [n/n]</b>	1	13	1,804	0,928	1,482	0,557	3,877	3,321
	2	11	1,998	1,131	1,613	0,671	4,271	3,600
	3	11	2,173	0,908	1,786	0,827	3,909	3,082
	4	12	1,444	0,375	1,500	0,953	2,036	1,083
	5	11	3,929	3,092	2,819	1,021	9,992	8,971
	6	11	1,823	1,034	1,553	0,724	4,115	3,391
<b>6. Major.Ellipse.Axis [cm]</b>	1	13	6,379	1,845	6,614	2,824	9,833	7,010
	2	11	6,580	1,402	6,397	4,915	8,970	4,055
	3	11	4,530	0,977	4,124	3,452	6,232	2,780
	4	12	4,961	1,331	5,376	3,191	6,927	3,736
	5	11	6,098	1,438	6,102	3,784	8,575	4,791
	6	11	6,624	0,722	6,530	5,651	7,681	2,030

**Tabelle 5.3** Fortsetzung

<b>Parameter (Kontrolle)</b>	<b>Sorte</b>	<b>n</b>	<b>M</b>	<b>SD</b>	<b>MD</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>	<b>R</b>
<b>7. Maximum.Number.of.Roots [n]</b>	1	13	13,677	3,559	13,167	7,694	20,833	13,139
	2	11	12,034	3,249	11,387	8,194	18,900	10,706
	3	11	10,464	2,447	10,167	7,389	14,028	6,639
	4	12	12,659	3,136	11,639	9,056	20,483	11,427
	5	11	12,464	3,503	11,389	8,306	19,813	11,507
	6	11	12,866	3,074	12,861	7,472	17,667	10,194
<b>8. Network.Width [cm]</b>	1	13	3,992	1,035	3,904	2,474	5,656	3,181
	2	11	4,842	0,602	4,761	3,807	5,677	1,870
	3	11	3,665	1,020	3,698	2,019	5,656	3,637
	4	12	4,189	1,135	3,928	2,634	5,797	3,162
	5	11	4,072	1,282	4,052	2,535	6,283	3,749
	6	11	5,448	0,884	5,307	3,488	6,709	3,221
<b>9. Median.Number.of.Roots [n]</b>	1	13	6,380	3,292	5,639	3,056	14,389	11,333
	2	11	5,976	2,991	6,000	1,778	12,333	10,556
	3	11	4,875	1,750	4,778	2,000	7,472	5,472
	4	12	7,056	1,724	6,764	4,767	10,931	6,164
	5	11	3,660	2,214	3,389	1,000	8,667	7,667
	6	11	6,612	2,860	6,839	1,917	11,722	9,806
<b>10. Minor.Ellipse.Axis [cm]</b>	1	13	3,695	1,000	3,497	2,231	5,624	3,393
	2	11	4,213	0,819	4,209	2,618	5,137	2,519
	3	11	2,512	0,855	2,220	1,272	3,874	2,602
	4	12	2,856	0,623	2,812	2,022	4,317	2,295
	5	11	3,394	1,193	2,858	2,108	6,079	3,971
	6	11	3,797	0,827	3,747	2,797	5,099	2,302
<b>11. Network.Area [cm<sup>2</sup>]</b>	1	13	2,109	0,523	2,037	1,184	3,049	1,865
	2	11	2,174	0,395	2,138	1,625	3,131	1,505
	3	11	1,226	0,303	1,181	0,741	1,790	1,049
	4	12	1,585	0,447	1,554	0,949	2,279	1,329
	5	11	1,734	0,410	1,784	1,294	2,465	1,171
	6	11	2,093	0,447	2,050	1,369	3,013	1,644
<b>12. Network.Convex.Area [cm<sup>2</sup>]</b>	1	13	20,293	9,047	18,846	6,060	37,446	31,386
	2	11	23,757	8,816	23,883	13,939	38,488	24,548
	3	11	9,917	5,035	7,939	4,776	20,266	15,489
	4	12	12,814	4,919	12,516	7,175	22,604	15,429
	5	11	17,907	9,570	15,497	9,080	39,321	30,241
	6	11	21,840	6,305	21,114	14,267	33,126	18,860
<b>13. Network.Perimeter [cm]</b>	1	13	131,777	31,219	139,340	74,437	171,930	97,493
	2	11	129,035	22,597	129,654	86,909	175,845	88,937
	3	11	71,722	18,807	69,788	44,084	107,948	63,865
	4	12	100,235	25,683	104,154	68,457	138,469	70,012
	5	11	108,500	31,355	118,316	69,836	163,762	93,926
	6	11	131,166	29,686	125,130	83,746	197,705	113,958

**Tabelle 5.3** Fortsetzung

<b>Parameter (Kontrolle)</b>	<b>Sorte</b>	<b>n</b>	<b>M</b>	<b>SD</b>	<b>MD</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>	<b>R</b>
<b>14. Network.Solidity [cm<sup>2</sup>/cm<sup>2</sup>]</b>	1	13	0,121	0,044	0,102	0,074	0,203	0,129
	2	11	0,102	0,028	0,091	0,056	0,154	0,097
	3	11	0,139	0,032	0,147	0,091	0,189	0,097
	4	12	0,132	0,027	0,136	0,090	0,186	0,096
	5	11	0,111	0,028	0,119	0,064	0,143	0,079
	6	11	0,103	0,026	0,101	0,071	0,154	0,083
<b>15. Specific.Root.Length [cm/cm<sup>3</sup>]</b>	1	13	832,029	112,546	856,135	610,528	983,836	373,308
	2	11	711,735	115,088	713,118	571,064	940,562	369,499
	3	11	698,540	56,994	709,164	632,174	782,577	150,403
	4	12	812,527	99,598	791,008	694,482	1048,211	353,729
	5	11	781,519	134,980	718,701	604,691	979,119	374,428
	6	11	766,608	136,577	733,487	632,947	1093,663	460,716
<b>16. Network.Surface.Area [cm<sup>2</sup>]</b>	1	13	7,821	1,852	7,442	4,605	11,322	6,717
	2	11	8,129	1,464	8,029	5,972	11,581	5,609
	3	11	4,660	1,081	4,446	2,905	6,748	3,844
	4	12	5,996	1,746	5,706	3,475	8,491	5,016
	5	11	6,527	1,465	6,568	4,890	9,159	4,269
	6	11	7,999	1,849	8,126	5,074	11,468	6,394
<b>17. Network.Length [cm]</b>	1	13	68,692	15,963	69,272	41,908	88,981	47,073
	2	11	66,391	11,724	66,881	43,897	89,268	45,371
	3	11	38,063	8,877	37,088	24,862	56,499	31,637
	4	12	52,615	13,818	52,459	34,614	71,430	36,816
	5	11	56,904	15,069	61,980	38,236	81,466	43,230
	6	11	69,627	16,364	67,711	41,416	102,791	61,375
<b>18. Network.Volume [cm<sup>3</sup>]</b>	1	13	0,085	0,024	0,078	0,050	0,144	0,095
	2	11	0,095	0,021	0,093	0,068	0,143	0,075
	3	11	0,055	0,012	0,053	0,034	0,076	0,042
	4	12	0,067	0,022	0,060	0,033	0,097	0,064
	5	11	0,073	0,014	0,069	0,057	0,107	0,050
	6	11	0,093	0,027	0,095	0,055	0,134	0,079
<b>19. Network.Width.to. Depth.Ratio [cm/cm]</b>	1	13	0,682	0,209	0,592	0,428	1,258	0,829
	2	11	0,844	0,287	0,759	0,549	1,473	0,924
	3	11	1,153	0,532	1,025	0,553	2,299	1,747
	4	12	1,106	0,386	0,981	0,735	1,981	1,246
	5	11	0,717	0,229	0,698	0,396	1,116	0,720
	6	11	1,090	0,354	1,082	0,499	1,779	1,281

Die Spalte **Sorte** repräsentiert die verschiedenen Gerstensorten (1=*Wisa*, 2=*LFL24727*, 3=*Barke*, 4=*Grace*, 5=*Braemar*, 6=*Tatum*). Folgende Abkürzungen stellen die deskriptiven Maßzahlen dar: **n**=Anzahl der Individuen, **M**=arithmetisches Mittel, **SD**=Standardabweichung, **Min**=Minimum, **Max**=Maximum, **R**=Spannweite.

**Tabelle 5.4** Deskriptive Statistik der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter PEG-Behandlung.

<b>Parameter (PEG)</b>	<b>Sorte</b>	<b>n</b>	<b>M</b>	<b>SD</b>	<b>MD</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>	<b>R</b>
<b>1. Average.Root.Width. Diameter.[cm]</b>	1	12	0,036	0,003	0,036	0,032	0,042	0,011
	2	13	0,037	0,003	0,038	0,033	0,044	0,011
	3	12	0,037	0,002	0,038	0,034	0,040	0,007
	4	11	0,036	0,003	0,038	0,032	0,039	0,008
	5	11	0,039	0,002	0,040	0,035	0,042	0,007
	6	12	0,036	0,003	0,034	0,031	0,041	0,009
<b>2. Network.Bushiness [n/n]</b>	1	12	2,313	0,812	2,069	1,548	4,189	2,642
	2	13	2,151	1,210	1,835	1,186	5,857	4,671
	3	12	2,420	0,720	2,331	1,516	4,005	2,488
	4	11	2,576	0,740	2,581	1,298	4,228	2,929
	5	11	2,294	0,861	2,039	1,507	4,181	2,674
	6	12	3,656	1,438	3,455	1,681	7,292	5,611
<b>3. Network.Depth [cm]</b>	1	12	7,182	1,441	6,897	5,088	9,734	4,646
	2	13	7,129	1,643	6,645	4,377	9,598	5,221
	3	12	4,308	1,567	4,571	1,975	7,175	5,201
	4	11	5,492	1,316	5,818	3,155	7,819	4,664
	5	11	7,919	0,782	7,937	6,672	9,282	2,610
	6	12	6,785	1,345	6,819	3,974	8,842	4,868
<b>4. Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]</b>	1	12	0,645	0,173	0,710	0,278	0,828	0,550
	2	13	0,631	0,105	0,601	0,493	0,848	0,354
	3	12	0,595	0,098	0,596	0,444	0,730	0,286
	4	11	0,572	0,117	0,595	0,318	0,713	0,395
	5	11	0,507	0,191	0,513	0,234	0,858	0,623
	6	12	0,618	0,080	0,630	0,498	0,713	0,215
<b>5. Network.Length. Distribution [n/n]</b>	1	12	1,791	0,783	1,674	0,655	3,335	2,680
	2	13	1,686	0,823	1,521	0,872	4,148	3,276
	3	12	1,973	0,455	2,028	1,162	2,626	1,464
	4	11	2,238	0,853	2,064	0,851	3,489	2,638
	5	11	1,932	0,483	1,851	1,304	2,686	1,381
	6	12	3,116	1,202	2,769	1,696	6,281	4,585
<b>6. Major.Ellipse.Axis [cm]</b>	1	12	7,146	1,349	6,873	5,490	9,281	3,790
	2	13	7,658	1,605	7,380	5,131	10,561	5,429
	3	12	5,009	1,257	5,080	2,653	6,929	4,276
	4	11	5,748	1,102	5,840	3,595	7,334	3,740
	5	11	8,428	0,829	8,646	6,970	9,909	2,938
	6	12	7,075	1,303	7,060	5,353	9,378	4,025

**Tabelle 5.4** Fortsetzung

<b>Parameter (PEG)</b>	<b>Sorte</b>	<b>n</b>	<b>M</b>	<b>SD</b>	<b>MD</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>	<b>R</b>
<b>7. Maximum.Number.of.Roots [n]</b>	1	12	12,557	3,866	12,042	7,036	19,760	12,724
	2	13	9,307	2,748	8,708	6,407	16,278	9,870
	3	12	9,825	1,853	10,016	7,417	12,917	5,500
	4	11	9,977	2,513	9,036	7,652	16,375	8,723
	5	11	7,569	1,332	7,861	5,190	9,750	4,560
	6	12	12,109	2,462	12,417	7,167	15,583	8,417
<b>8. Network.Width [cm]</b>	1	12	4,742	1,022	5,063	2,766	6,136	3,370
	2	13	5,227	0,846	5,437	3,874	6,432	2,558
	3	12	4,049	0,888	4,198	2,344	5,361	3,018
	4	11	4,032	0,958	3,658	2,755	5,823	3,068
	5	11	4,364	1,544	4,188	1,808	7,228	5,420
	6	12	5,371	0,949	5,548	2,975	6,754	3,779
<b>9. Median.Number.of.Roots [n]</b>	1	12	6,151	2,701	6,045	2,000	10,667	8,667
	2	13	4,827	1,021	4,879	3,630	6,833	3,204
	3	12	4,343	0,936	4,348	3,000	6,167	3,167
	4	11	4,520	2,870	3,833	2,033	12,625	10,592
	5	11	3,721	1,380	3,889	2,000	6,194	4,194
	6	12	3,884	1,346	3,986	2,194	7,194	5,000
<b>10. Minor.Ellipse.Axis [cm]</b>	1	12	4,449	1,085	4,353	2,582	6,241	3,659
	2	13	4,723	0,806	4,862	3,443	5,874	2,431
	3	12	2,937	0,927	3,041	1,446	4,350	2,904
	4	11	3,187	0,591	3,183	2,322	4,143	1,821
	5	11	4,221	1,510	4,165	1,941	7,398	5,457
	6	12	4,331	0,972	4,284	2,728	6,295	3,567
<b>11. Network.Area [cm<sup>2</sup>]</b>	1	12	2,381	0,547	2,446	1,424	3,131	1,706
	2	13	2,099	0,421	2,178	1,365	2,710	1,345
	3	12	1,306	0,406	1,260	0,727	1,935	1,208
	4	11	1,516	0,292	1,536	1,145	2,216	1,071
	5	11	1,867	0,398	1,737	1,472	2,602	1,130
	6	12	2,135	0,472	2,078	1,243	2,908	1,666
<b>12. Network.Convex.Area [cm<sup>2</sup>]</b>	1	12	25,840	8,264	23,501	15,450	42,425	26,975
	2	13	28,961	9,504	28,720	13,325	44,083	30,759
	3	12	13,342	6,469	13,995	3,278	22,984	19,706
	4	11	16,065	3,866	15,950	7,898	20,988	13,090
	5	11	26,681	9,547	22,602	14,281	46,715	32,433
	6	12	26,534	9,283	24,979	12,080	46,357	34,277
<b>13. Network.Perimeter [cm]</b>	1	12	152,020	42,551	151,963	81,562	223,591	142,029
	2	13	128,029	25,119	131,299	87,881	160,043	72,162
	3	12	79,807	26,313	74,196	45,588	119,458	73,870
	4	11	96,784	25,823	92,199	70,017	164,836	94,820
	5	11	108,481	26,110	105,523	81,135	164,167	83,032
	6	12	136,493	33,580	132,227	69,725	194,782	125,057

**Tabelle 5.4** Fortsetzung

<b>Parameter (PEG)</b>	<b>Sorte</b>	<b>n</b>	<b>M</b>	<b>SD</b>	<b>MD</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>	<b>R</b>
<b>14. Network.Solidity [cm<sup>2</sup>/cm<sup>2</sup>]</b>	1	12	0,098	0,021	0,098	0,063	0,132	0,069
	2	13	0,078	0,014	0,077	0,050	0,107	0,057
	3	12	0,116	0,041	0,100	0,074	0,224	0,150
	4	11	0,099	0,022	0,098	0,076	0,149	0,073
	5	11	0,076	0,019	0,073	0,056	0,116	0,060
	6	12	0,088	0,019	0,091	0,057	0,114	0,057
<b>15. Specific.Root.Length [cm/cm<sup>3</sup>]</b>	1	12	833,065	139,275	815,712	603,539	1046,880	443,341
	2	13	782,711	122,423	776,227	571,142	974,565	403,423
	3	12	755,459	84,758	747,581	666,535	928,091	261,556
	4	11	820,193	128,784	755,112	689,302	1073,676	384,374
	5	11	710,894	99,532	696,637	605,215	904,042	298,826
	6	12	817,464	132,433	810,382	655,944	1093,663	437,719
<b>16. Network.Surface.Area [cm<sup>2</sup>]</b>	1	12	9,023	2,030	9,249	5,516	11,967	6,451
	2	13	7,858	1,563	7,831	5,095	10,023	4,928
	3	12	4,904	1,466	4,694	2,904	7,222	4,317
	4	11	5,653	1,033	5,894	4,291	8,006	3,716
	5	11	6,928	1,380	6,558	5,671	9,544	3,873
	6	12	8,335	1,991	8,339	4,553	11,729	7,176
<b>17. Network.Length [cm]</b>	1	12	81,341	21,779	82,670	45,250	120,267	75,017
	2	13	67,200	13,682	64,621	46,028	91,520	45,492
	3	12	41,911	12,955	38,680	25,961	61,795	35,834
	4	11	50,254	12,257	49,190	37,104	80,733	43,629
	5	11	56,442	12,104	56,004	43,227	79,536	36,309
	6	12	75,948	20,848	77,507	35,499	113,845	78,346
<b>18. Network.Volume [cm<sup>3</sup>]</b>	1	12	0,098	0,023	0,097	0,064	0,135	0,071
	2	13	0,088	0,020	0,085	0,054	0,127	0,073
	3	12	0,056	0,016	0,052	0,033	0,082	0,049
	4	11	0,061	0,009	0,062	0,046	0,075	0,030
	5	11	0,080	0,016	0,077	0,064	0,113	0,050
	6	12	0,094	0,024	0,096	0,053	0,130	0,077
<b>19. Network.Width.to.Depth. Ratio [cm/cm]</b>	1	12	0,692	0,212	0,737	0,284	1,056	0,772
	2	13	0,765	0,182	0,713	0,555	1,081	0,526
	3	12	1,020	0,290	0,989	0,485	1,679	1,194
	4	11	0,789	0,296	0,629	0,352	1,281	0,929
	5	11	0,560	0,213	0,565	0,231	0,904	0,673
	6	12	0,836	0,233	0,757	0,537	1,393	0,856

Die Spalte Sorte repräsentiert die verschiedenen Gerstensorten (1=*Wisa*, 2=*LFL24727*, 3=*Barke*, 4=*Grace*, 5=*Braemar*, 6=*Tatum*). Folgende Abkürzungen stellen die deskriptiven Maßzahlen dar: n=Anzahl der Individuen, M=arithmetisches Mittel, SD=Standardabweichung, Min=Minimum, Max=Maximum, R=Spannweite.

**Tabelle 5.5** Deskriptive Statistik der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter Phosphatmangel.

<b>Parameter (Phosphatmangel)</b>	<b>Sorte</b>	<b>n</b>	<b>M</b>	<b>SD</b>	<b>MD</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>	<b>R</b>
<b>1. Average.Root.Width.Diameter [cm]</b>	1	12	0,039	0,003	0,039	0,034	0,044	0,010
	2	11	0,037	0,003	0,036	0,032	0,045	0,012
	3	13	0,039	0,002	0,039	0,033	0,041	0,008
	4	11	0,036	0,002	0,036	0,034	0,040	0,006
	5	11	0,037	0,002	0,037	0,034	0,042	0,008
	6	10	0,038	0,002	0,038	0,036	0,042	0,006
<b>2. Network.Bushiness [n/n]</b>	1	12	2,961	2,486	2,007	1,306	9,181	7,874
	2	11	2,186	0,881	1,914	1,347	4,428	3,081
	3	13	1,684	0,274	1,581	1,274	2,172	0,898
	4	11	1,716	0,633	1,488	1,324	3,542	2,218
	5	11	4,177	4,853	2,595	1,318	18,500	17,182
	6	10	2,178	1,830	1,607	1,282	7,333	6,052
<b>3. Network.Depth [cm]</b>	1	12	5,611	1,200	5,566	3,460	7,275	3,815
	2	11	3,930	1,258	3,871	1,917	5,933	4,016
	3	13	2,866	0,962	2,531	2,010	5,590	3,581
	4	11	2,403	0,522	2,356	1,706	3,531	1,824
	5	11	3,523	0,948	3,914	1,927	4,607	2,680
	6	10	3,564	0,915	3,416	2,307	5,460	3,153
<b>4. Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]</b>	1	12	0,633	0,130	0,659	0,258	0,795	0,537
	2	11	0,638	0,126	0,653	0,410	0,800	0,389
	3	13	0,582	0,142	0,535	0,403	0,849	0,445
	4	11	0,547	0,133	0,577	0,337	0,715	0,378
	5	11	0,530	0,120	0,529	0,328	0,722	0,394
	6	10	0,555	0,138	0,581	0,278	0,704	0,425
<b>5. Network.Length.Distribution [n/n]</b>	1	12	2,054	1,507	1,640	0,602	5,556	4,954
	2	11	1,643	0,682	1,628	0,568	2,657	2,089
	3	13	1,509	0,413	1,534	0,856	2,269	1,413
	4	11	1,515	0,881	1,258	0,866	4,020	3,153
	5	11	3,326	3,362	2,384	1,246	13,186	11,940
	6	10	1,759	1,090	1,399	0,646	4,341	3,694
<b>6. Major.Ellipse.Axis [cm]</b>	1	12	5,707	1,218	5,541	3,552	7,590	4,037
	2	11	4,622	1,111	4,481	2,204	6,035	3,831
	3	13	3,942	0,916	3,764	2,327	5,885	3,558
	4	11	3,590	0,649	3,345	2,881	4,987	2,106
	5	11	4,615	0,783	4,625	3,028	5,592	2,564
	6	10	4,909	0,955	4,877	3,614	6,825	3,211
<b>7. Maximum.Number.of.Roots [n]</b>	1	12	11,302	2,780	11,111	7,444	16,389	8,944
	2	11	12,874	2,253	12,750	8,667	15,833	7,167
	3	13	10,345	2,146	10,139	8,222	16,444	8,222
	4	11	12,293	3,247	11,806	7,083	19,306	12,222
	5	11	12,473	3,517	10,833	8,885	19,034	10,150
	6	10	12,522	3,760	11,611	8,278	18,250	9,972

**Tabelle 5.5** Fortsetzung

<b>Parameter (Phosphatmangel)</b>	<b>Sorte</b>	<b>n</b>	<b>M</b>	<b>SD</b>	<b>MD</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>	<b>R</b>
<b>8. Network.Width [cm]</b>	1	12	3,806	0,805	4,010	2,039	4,746	2,707
	2	11	3,874	0,930	4,133	1,986	5,258	3,272
	3	13	3,527	0,749	3,724	2,201	4,747	2,546
	4	11	3,468	0,880	3,420	1,594	5,051	3,458
	5	11	3,997	1,115	3,720	2,474	5,923	3,449
	6	10	4,312	1,340	4,166	2,607	6,414	3,807
<b>9. Median.Number.of.Roots [n]</b>	1	12	5,537	2,839	5,870	1,056	10,083	9,028
	2	11	6,692	2,466	6,250	3,028	10,056	7,028
	3	13	6,306	1,324	6,361	4,028	8,500	4,472
	4	11	7,417	1,418	7,333	5,111	9,806	4,694
	5	11	4,692	2,645	4,269	1,028	9,310	8,283
	6	10	7,733	3,626	7,417	1,222	12,778	11,556
<b>10. Minor.Ellipse.Axis [cm]</b>	1	12	3,541	0,928	3,559	1,758	5,002	3,243
	2	11	2,831	0,594	2,681	1,756	3,940	2,184
	3	13	2,223	0,694	1,973	1,371	4,078	2,707
	4	11	1,876	0,407	1,911	1,370	2,784	1,415
	5	11	2,385	0,618	2,418	1,511	3,416	1,905
	6	10	2,588	0,383	2,684	1,897	3,001	1,103
<b>11. Network.Area [cm<sup>2</sup>]</b>	1	12	1,804	0,538	1,792	0,992	2,486	1,494
	2	11	1,533	0,481	1,506	0,721	2,414	1,692
	3	13	1,116	0,277	1,153	0,697	1,777	1,080
	4	11	1,025	0,233	1,066	0,705	1,439	0,735
	5	11	1,231	0,239	1,210	0,793	1,581	0,788
	6	10	1,515	0,270	1,529	1,185	1,997	0,812
<b>12. Network.Convex.Area [cm<sup>2</sup>]</b>	1	12	16,566	6,503	14,807	7,730	28,092	20,362
	2	11	11,628	4,031	11,025	3,522	18,566	15,044
	3	13	8,101	4,261	7,739	4,208	20,813	16,605
	4	11	6,340	1,701	6,240	4,261	9,824	5,564
	5	11	10,049	3,473	8,773	5,474	14,682	9,208
	6	10	10,999	1,986	10,788	7,183	14,119	6,936
<b>13. Network.Perimeter [cm]</b>	1	12	104,796	31,224	98,541	64,968	146,849	81,881
	2	11	95,953	31,602	94,697	35,353	144,500	109,147
	3	13	65,170	17,054	63,250	39,038	105,314	66,276
	4	11	63,298	15,574	59,795	41,254	90,809	49,555
	5	11	75,096	15,554	74,234	47,335	100,599	53,265
	6	10	90,704	18,450	85,582	68,905	126,407	57,503

**Tabelle 5.5** Fortsetzung

<b>Parameter (Phosphatmangel)</b>	<b>Sorte</b>	<b>n</b>	<b>M</b>	<b>SD</b>	<b>MD</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>	<b>R</b>
<b>14. Network.Solidity [cm<sup>2</sup>/cm<sup>2</sup>]</b>	1	12	0,118	0,027	0,122	0,083	0,171	0,088
	2	11	0,139	0,030	0,133	0,104	0,205	0,102
	3	13	0,155	0,029	0,162	0,088	0,209	0,122
	4	11	0,167	0,019	0,159	0,143	0,196	0,054
	5	11	0,132	0,028	0,132	0,099	0,200	0,101
	6	10	0,143	0,021	0,140	0,117	0,181	0,064
<b>15. Specific.Root.Length [cm/cm<sup>2</sup>]</b>	1	12	719,908	117,849	701,367	547,225	920,653	373,428
	2	11	793,830	131,224	809,218	475,530	956,621	481,091
	3	13	704,175	80,620	682,586	616,223	888,537	272,315
	4	11	779,408	78,760	778,037	623,218	922,638	299,420
	5	11	747,702	91,912	753,504	582,962	904,588	321,625
	6	10	694,935	60,102	692,206	611,305	808,798	197,493
<b>16. Network.Surface.Area [cm<sup>2</sup>]</b>	1	12	6,823	2,015	6,807	3,775	9,474	5,699
	2	11	5,919	1,786	5,892	3,062	8,805	5,743
	3	13	4,290	0,997	4,367	2,717	6,523	3,805
	4	11	4,000	0,879	4,238	2,880	5,389	2,510
	5	11	4,780	0,930	4,640	3,091	6,254	3,164
	6	10	5,792	1,028	5,821	4,508	7,432	2,924
<b>17. Network.Length [cm]</b>	1	12	55,769	16,151	52,024	35,097	77,171	42,074
	2	11	52,460	17,142	52,702	21,902	81,959	60,058
	3	13	35,460	8,479	33,653	21,651	53,089	31,438
	4	11	35,232	7,963	34,454	24,493	46,837	22,343
	5	11	41,354	8,253	41,188	26,419	54,955	28,536
	6	10	48,183	9,560	46,286	36,507	63,932	27,425
<b>18. Network.Volume [cm<sup>3</sup>]</b>	1	12	0,080	0,026	0,085	0,038	0,116	0,078
	2	11	0,066	0,018	0,063	0,042	0,099	0,058
	3	13	0,051	0,012	0,054	0,033	0,076	0,042
	4	11	0,046	0,010	0,048	0,034	0,060	0,026
	5	11	0,056	0,011	0,054	0,037	0,077	0,040
	6	10	0,070	0,012	0,071	0,055	0,089	0,034
<b>19. Network.Width.to.Depth.Ratio [cm/cm]</b>	1	12	0,709	0,215	0,676	0,302	1,242	0,940
	2	11	1,073	0,431	0,916	0,684	1,871	1,187
	3	13	1,287	0,295	1,279	0,850	1,736	0,886
	4	11	1,496	0,410	1,537	0,522	2,025	1,503
	5	11	1,242	0,528	1,184	0,541	2,389	1,848
	6	10	1,359	0,724	1,178	0,523	2,805	2,282

Die Spalte Sorte repräsentiert die verschiedenen Gerstensorten (1=*Wisa*, 2=*LFL24727*, 3=*Barke*, 4=*Grace*, 5=*Braemar*, 6=*tatum*). Folgende Abkürzungen stellen die deskriptiven Maßzahlen dar: n=Anzahl der Individuen, M=arithmetisches Mittel, SD=Standardabweichung, Min=Minimum, Max=Maximum, R=Spannweite.

**Tabelle 5.6** Deskriptive Statistik der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter Nitratmangel.

<b>Parameter (Nitratmangel)</b>	<b>Sorte</b>	<b>n</b>	<b>M</b>	<b>SD</b>	<b>MD</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>	<b>R</b>
<b>1. Average.Root.Width. Diameter. [cm]</b>	1	11	0,037	0,004	0,038	0,031	0,043	0,012
	2	12	0,035	0,004	0,033	0,030	0,043	0,013
	3	12	0,036	0,003	0,036	0,030	0,040	0,011
	4	11	0,034	0,002	0,034	0,031	0,037	0,006
	5	11	0,036	0,003	0,036	0,031	0,040	0,009
	6	10	0,034	0,003	0,033	0,031	0,039	0,008
<b>2. Network.Bushiness [n/n]</b>	1	11	2,556	0,786	2,589	1,474	3,866	2,392
	2	12	2,244	0,612	2,249	1,310	3,121	1,812
	3	12	2,979	1,419	2,503	1,311	6,139	4,828
	4	11	2,307	1,037	1,874	1,300	4,558	3,259
	5	11	3,061	1,277	2,739	1,256	5,983	4,727
	6	10	2,550	1,074	2,593	1,282	5,042	3,760
<b>3. Network.Depth [cm]</b>	1	11	10,096	1,598	9,655	8,028	12,583	4,555
	2	12	9,353	1,247	9,069	7,515	11,344	3,829
	3	12	9,752	2,224	10,548	4,311	12,063	7,752
	4	11	7,933	2,898	8,871	3,496	11,921	8,424
	5	11	11,319	0,896	11,240	9,380	12,545	3,165
	6	10	10,692	2,902	11,696	2,962	12,794	9,833
<b>4. Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]</b>	1	11	0,464	0,132	0,457	0,313	0,702	0,389
	2	12	0,602	0,124	0,607	0,347	0,789	0,442
	3	12	0,494	0,108	0,480	0,330	0,697	0,367
	4	11	0,552	0,191	0,522	0,262	0,876	0,614
	5	11	0,486	0,085	0,467	0,308	0,597	0,289
	6	10	0,526	0,078	0,507	0,432	0,692	0,260
<b>5. Network.Length. Distribution [n/n]</b>	1	11	1,712	0,712	1,740	0,802	3,194	2,392
	2	12	1,513	0,555	1,526	0,770	2,535	1,765
	3	12	2,112	0,714	1,960	1,167	3,434	2,267
	4	11	1,946	1,008	1,651	1,003	4,139	3,136
	5	11	2,374	0,831	2,239	1,231	3,913	2,682
	6	10	2,065	0,914	2,256	0,646	3,186	2,539
<b>6. Major.Ellipse.Axis [cm]</b>	1	11	10,035	1,443	9,429	7,678	12,265	4,587
	2	12	9,487	1,577	9,647	6,348	11,809	5,461
	3	12	9,855	2,489	10,929	4,688	12,294	7,606
	4	11	7,291	2,663	7,563	3,650	11,128	7,479
	5	11	11,156	1,052	11,137	8,687	12,433	3,746
	6	10	10,879	2,287	11,325	5,118	12,855	7,736

**Tabelle 5.6** Fortsetzung

<b>Parameter (Nitratmangel)</b>	<b>Sorte</b>	<b>n</b>	<b>M</b>	<b>SD</b>	<b>MD</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>	<b>R</b>
<b>7. Maximum.Number.of. Roots [n]</b>	1	11	13,815	3,224	13,167	9,194	18,000	8,806
	2	12	16,871	5,056	16,701	8,194	25,556	17,361
	3	12	10,955	2,059	10,583	8,556	15,960	7,404
	4	11	11,929	2,633	13,050	8,056	15,778	7,722
	5	11	13,234	3,913	13,900	7,333	18,028	10,694
	6	10	15,056	5,333	14,236	8,194	25,222	17,028
<b>8. Network.Width [cm]</b>	1	11	4,811	0,825	4,751	3,349	6,211	2,863
	2	12	5,778	0,930	5,902	4,143	6,892	2,750
	3	12	5,172	0,708	5,269	3,881	5,946	2,065
	4	11	4,327	0,866	4,129	2,843	6,080	3,237
	5	11	5,782	1,019	5,933	4,031	7,274	3,242
	6	10	6,484	0,445	6,488	5,790	7,287	1,497
<b>9. Median.Number.of.Roots [n]</b>	1	11	5,877	2,195	4,972	2,972	10,528	7,556
	2	12	7,658	1,650	7,472	4,889	10,556	5,667
	3	12	4,366	1,918	3,899	2,000	7,880	5,880
	4	11	6,158	2,811	5,833	2,111	10,111	8,000
	5	11	4,860	1,879	4,613	2,394	8,412	6,018
	6	10	7,061	3,847	6,694	2,889	12,778	9,889
<b>10. Minor.Ellipse.Axis [cm]</b>	1	11	4,526	0,891	4,344	3,551	6,382	2,832
	2	12	5,629	1,153	5,878	3,582	7,268	3,686
	3	12	4,649	0,868	4,720	3,213	6,099	2,886
	4	11	3,603	0,715	3,533	2,544	5,092	2,547
	5	11	5,423	1,115	5,396	3,631	7,402	3,771
	6	10	5,622	1,110	5,803	3,001	7,258	4,257
<b>11. Network.Area [cm<sup>2</sup>]</b>	1	11	3,489	0,788	3,482	2,446	5,015	2,569
	2	12	4,008	0,893	4,035	1,957	5,062	3,106
	3	12	2,681	0,703	2,640	1,471	3,769	2,298
	4	11	2,181	0,571	2,104	1,221	2,905	1,684
	5	11	3,589	0,972	3,841	2,104	4,952	2,848
	6	10	4,113	1,281	3,878	1,997	6,038	4,041
<b>12. Network.Convex.Area [cm<sup>2</sup>]</b>	1	11	37,771	6,956	36,690	27,317	47,285	19,968
	2	12	45,442	12,295	45,371	24,609	67,537	42,928
	3	12	39,752	12,537	43,111	13,717	54,017	40,300
	4	11	25,141	9,904	26,451	9,248	39,208	29,960
	5	11	50,664	13,034	48,569	27,324	71,722	44,398
	6	10	54,761	16,826	56,089	14,119	72,779	58,661

**Tabelle 5.6** Fortsetzung

<b>Parameter (Nitratmangel)</b>	<b>Sorte</b>	<b>n</b>	<b>M</b>	<b>SD</b>	<b>MD</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>	<b>R</b>
<b>13. Network.Perimeter [cm]</b>	1	11	222,551	68,632	201,980	144,780	374,125	229,344
	2	12	272,068	75,075	270,047	148,750	395,225	246,475
	3	12	180,160	52,676	172,284	86,513	274,967	188,454
	4	11	152,896	46,432	142,701	79,261	224,646	145,385
	5	11	239,674	80,261	246,425	133,277	365,182	231,905
	6	10	289,907	107,186	278,386	126,407	452,158	325,751
<b>14. Network.Solidity [cm<sup>2</sup>/cm<sup>2</sup>]</b>	1	11	0,094	0,015	0,095	0,070	0,114	0,044
	2	12	0,091	0,014	0,093	0,066	0,112	0,045
	3	12	0,072	0,016	0,069	0,048	0,108	0,060
	4	11	0,096	0,026	0,090	0,065	0,136	0,071
	5	11	0,072	0,010	0,067	0,062	0,090	0,028
	6	10	0,081	0,026	0,077	0,058	0,142	0,084
<b>15. Specific.Root.Length [cm/cm<sup>2</sup>]</b>	1	11	815,783	168,578	733,735	594,201	1112,223	518,022
	2	12	918,556	181,835	944,712	602,103	1156,851	554,747
	3	12	882,537	157,032	857,767	689,543	1236,945	547,402
	4	11	944,680	110,018	925,549	806,107	1159,044	352,937
	5	11	860,817	139,108	822,816	691,696	1083,092	391,396
	6	10	909,149	134,936	934,695	675,636	1072,994	397,358
<b>16. Network.Surface.Area [cm<sup>2</sup>]</b>	1	11	12,714	2,841	12,584	8,996	18,182	9,186
	2	12	14,793	3,360	15,532	7,031	18,490	11,459
	3	12	9,651	2,496	9,519	5,328	13,520	8,192
	4	11	7,877	2,033	7,620	4,470	10,410	5,941
	5	11	13,035	3,529	13,737	7,588	17,823	10,235
	6	10	15,340	4,667	14,619	7,432	22,176	14,744
<b>17. Network.Length [cm]</b>	1	11	111,380	33,653	100,749	73,955	185,669	111,714
	2	12	137,808	37,265	141,892	71,083	191,253	120,170
	3	12	87,275	25,229	84,566	41,955	132,864	90,909
	4	11	74,104	21,566	68,792	39,651	105,066	65,415
	5	11	118,057	37,861	125,621	65,743	176,635	110,892
	6	10	147,411	52,758	140,373	63,932	227,975	164,043
<b>18. Network.Volume [cm<sup>3</sup>]</b>	1	11	0,138	0,029	0,145	0,089	0,177	0,088
	2	12	0,154	0,037	0,165	0,064	0,212	0,148
	3	12	0,099	0,024	0,102	0,056	0,130	0,073
	4	11	0,078	0,018	0,080	0,046	0,103	0,056
	5	11	0,137	0,036	0,129	0,081	0,187	0,106
	6	10	0,159	0,041	0,161	0,085	0,220	0,135

**Tabelle 5.6** Fortsetzung

<b>Parameter (Nitratmangel)</b>	<b>Sorte</b>	<b>n</b>	<b>M</b>	<b>SD</b>	<b>MD</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>	<b>R</b>
19. Network.Width.to.Depth. Ratio [cm/cm]	1	11	0,489	0,126	0,483	0,348	0,726	0,379
	2	12	0,621	0,087	0,624	0,477	0,749	0,272
	3	12	0,561	0,173	0,531	0,388	1,068	0,680
	4	11	0,615	0,244	0,629	0,319	1,138	0,819
	5	11	0,510	0,075	0,504	0,377	0,666	0,289
	6	10	0,712	0,444	0,545	0,513	1,955	1,443

Die Spalte Sorte repräsentiert die verschiedenen Gerstensorten (1=*Wisa*, 2=*LFL24727*, 3=*Barke*, 4=*Grace*, 5=*Braemar*, 6=*Tatum*). Folgende Abkürzungen stellen die deskriptiven Maßzahlen dar: n=Anzahl der Individuen, M=arithmetisches Mittel, SD=Standardabweichung, Min=Minimum, Max=Maximum, R=Spannweite.

## 5.3 Konfidenzintervall-Grenzen der 6 Gerstensorten für alle Wurzelparameter

**Tabelle 5.7** Auflistung der unteren und oberen 95% Konfidenzintervall-Grenzen pro Wurzelparameter der Sorte *Wisa* unter den verschiedenen Stressbehandlungen. Berechnung siehe Abschnitt 2.2.5.

Wisa / Parameter	Kontrolle		PEG		Phosphatmangel		Nitratmangel	
	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze
Average.Root.								
Width.Diameter. [cm]	0,035	0,038	0,034	0,038	0,037	0,041	0,034	0,040
Network.Bushiness [n/n]	1,792	3,331	1,798	2,829	1,382	4,540	2,028	3,084
Network.Depth [cm]	5,082	7,217	6,267	8,098	4,849	6,373	9,023	11,169
Ellipse.Axes.								
Ratio [cm/cm]	0,521	0,676	0,535	0,754	0,551	0,716	0,376	0,553
Network.Length.								
Distribution [n/n]	1,243	2,364	1,293	2,289	1,096	3,012	1,234	2,190
Major.Ellipse.								
Axis [cm]	5,265	7,494	6,289	8,003	4,933	6,481	9,066	11,005
Maximum.Number.of.								
Roots [n]	11,527	15,828	10,101	15,013	9,536	13,068	11,649	15,981
Network.Width [cm]	3,366	4,618	4,093	5,391	3,295	4,318	4,257	5,366
Median.Number.of.								
Roots [n]	4,390	8,369	4,435	7,868	3,733	7,341	4,402	7,352
Minor.Ellipse.								
Axis [cm]	3,091	4,299	3,759	5,139	2,952	4,130	3,928	5,125
Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	1,793	2,425	2,034	2,728	1,462	2,146	2,959	4,018
Network.Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]	14,825	25,760	20,589	31,091	12,434	20,698	33,098	42,445
Network.Perimeter [cm]	112,911	150,642	124,984	179,055	84,957	124,635	176,443	268,658
Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]	0,095	0,147	0,084	0,111	0,101	0,135	0,084	0,104
Specific.Root.								
Length [cm/cm <sup>3</sup> ]	764,018	900,040	744,574	921,556	645,030	794,786	702,531	929,035
Network.Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	6,701	8,940	7,733	10,313	5,543	8,104	10,805	14,622
Network.Length [cm]	59,046	78,339	67,503	95,179	45,507	66,030	88,772	133,988
Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]	0,070	0,099	0,084	0,113	0,064	0,097	0,118	0,157
Network.Width.to.								
Depth.Ratio [cm/cm]	0,555	0,808	0,557	0,827	0,572	0,846	0,405	0,574

**Tabelle 5.8** Auflistung der unteren und oberen 95% Konfidenzintervall-Grenzen pro Wurzelparameter der Sorte *LFL24727* unter den verschiedenen Stressbehandlungen. Berechnung siehe Abschnitt 2.2.5.

LFL24727 / Parameter	Kontrolle		PEG		Phosphatmangel		Nitratmangel	
	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze
Average.Root.								
Width.Diameter. [cm]	0,037	0,041	0,035	0,039	0,034	0,039	0,032	0,037
Network.Bushiness [n/n]	1,558	3,635	1,420	2,882	1,594	2,778	1,855	2,633
Network.Depth [cm]	4,867	7,714	6,136	8,122	3,085	4,775	8,561	10,145
Ellipse.Axes. Ratio [cm/cm]	0,588	0,718	0,568	0,695	0,553	0,723	0,524	0,681
Network.Length. Distribution [n/n]	1,239	2,758	1,188	2,183	1,185	2,101	1,160	1,865
Major.Ellipse. Axis [cm]	5,638	7,522	6,688	8,628	3,876	5,369	8,485	10,488
Maximum.Number.of. Roots [n]	9,851	14,217	7,647	10,968	11,360	14,387	13,658	20,083
Network.Width [cm]	4,438	5,247	4,716	5,739	3,249	4,498	5,187	6,369
Median.Number.of. Roots [n]	3,966	7,985	4,210	5,444	5,035	8,348	6,610	8,706
Minor.Ellipse. Axis [cm]	3,662	4,763	4,236	5,210	2,432	3,230	4,896	6,361
Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	1,908	2,439	1,844	2,354	1,209	1,856	3,440	4,575
Network.Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]	17,834	29,679	23,218	34,705	8,919	14,336	37,630	53,253
Network.Perimeter [cm]	113,854	144,215	112,849	143,208	74,722	117,183	224,367	319,768
Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]	0,083	0,121	0,070	0,087	0,119	0,160	0,082	0,100
Specific.Root. Length [cm/cm <sup>3</sup> ]	634,418	789,052	708,732	856,691	705,673	881,988	803,023	1034,089
Network.Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	7,146	9,113	6,913	8,803	4,719	7,119	12,658	16,928
Network.Length [cm]	58,515	74,267	58,932	75,468	40,944	63,976	114,131	161,486
Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]	0,082	0,109	0,075	0,100	0,054	0,078	0,130	0,178
Network.Width. to.Depth.Ratio [cm/cm]	0,651	1,036	0,655	0,875	0,783	1,363	0,565	0,676

**Tabelle 5.9** Auflistung der unteren und oberen 95% Konfidenzintervall-Grenzen pro Wurzelparameter der Sorte *Barke* unter den verschiedenen Stressbehandlungen. Berechnung siehe Abschnitt 2.2.5.

Barke / Parameter	Kontrolle		PEG		Phosphatmangel		Nitratmangel	
	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze
Average.Root.Width.Diameter. [cm]	0,038	0,040	0,036	0,039	0,037	0,040	0,034	0,038
Network.Bushiness [n/n]	1,774	3,058	1,962	2,877	1,518	1,849	2,077	3,880
Network.Depth [cm]	2,757	4,365	3,312	5,303	2,285	3,447	8,339	11,165
Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]	0,480	0,633	0,533	0,657	0,495	0,668	0,425	0,563
Network.Length.Distribution [n/n]	1,562	2,783	1,684	2,262	1,259	1,759	1,658	2,565
Major.Ellipse.Axis [cm]	3,874	5,187	4,210	5,808	3,389	4,495	8,274	11,437
Maximum.Number.of.Roots [n]	8,820	12,108	8,647	11,002	9,048	11,641	9,647	12,263
Network.Width [cm]	2,980	4,351	3,485	4,613	3,075	3,980	4,722	5,622
Median.Number.of.Roots [n]	3,699	6,050	3,748	4,937	5,506	7,106	3,147	5,585
Minor.Ellipse.Axis [cm]	1,937	3,086	2,348	3,526	1,804	2,642	4,098	5,200
Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	1,023	1,430	1,048	1,565	0,948	1,283	2,234	3,127
Network.Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]	6,534	13,300	9,232	17,453	5,526	10,676	31,787	47,717
Network.Perimeter [cm]	59,087	84,356	63,089	96,525	54,865	75,476	146,692	213,629
Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]	0,117	0,160	0,090	0,142	0,137	0,173	0,062	0,082
Specific.Root.Length [cm/cm <sup>3</sup> ]	660,251	736,830	701,606	809,312	655,456	752,893	782,763	982,311
Network.Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	3,934	5,386	3,972	5,836	3,688	4,893	8,065	11,237
Network.Length [cm]	32,100	44,027	33,680	50,142	30,336	40,584	71,246	103,305
Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]	0,047	0,063	0,045	0,066	0,044	0,058	0,451	0,671
Network.Width.to.Depth.Ratio [cm/cm]	0,796	1,510	0,836	1,204	1,108	1,465	0,084	0,115

**Tabelle 5.10** Auflistung der unteren und oberen 95% Konfidenzintervall-Grenzen pro Wurzelparameter der Sorte *Grace* unter den verschiedenen Stressbehandlungen. Berechnung siehe Abschnitt 2.2.5.

Grace / Parameter	Kontrolle		PEG		Phosphatmangel		Nitratmangel	
	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze
Average.Root.Width.Diameter. [cm]	0,035	0,037	0,034	0,038	0,035	0,037	0,033	0,035
Network.Bushiness [n/n]	1,625	2,047	2,079	3,074	1,291	2,142	1,610	3,004
Network.Depth [cm]	3,402	4,447	4,608	6,376	2,052	2,754	5,986	9,880
Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]	0,530	0,688	0,493	0,650	0,458	0,636	0,424	0,680
Network.Length.Distribution [n/n]	1,206	1,683	1,665	2,811	0,923	2,106	1,269	2,623
Major.Ellipse.Axis [cm]	4,115	5,807	5,008	6,489	3,154	4,027	5,502	9,079
Maximum.Number.of.Roots [n]	10,667	14,651	8,289	11,665	10,111	14,474	10,160	13,698
Network.Width [cm]	3,468	4,910	3,388	4,676	2,877	4,059	3,745	4,909
Median.Number.of.Roots [n]	5,960	8,151	2,592	6,448	6,464	8,369	4,269	8,046
Minor.Ellipse.Axis [cm]	2,460	3,252	2,790	3,584	1,603	2,149	3,122	4,083
Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	1,302	1,869	1,320	1,712	0,869	1,182	1,797	2,564
Network.Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]	9,688	15,940	13,467	18,662	5,198	7,483	18,487	31,794
Network.Perimeter [cm]	83,917	116,554	79,436	114,131	52,835	73,761	121,703	184,090
Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]	0,115	0,149	0,085	0,114	0,154	0,180	0,079	0,113
Specific.Root.Length [cm/cm <sup>3</sup> ]	749,246	875,809	733,675	906,711	726,497	832,320	870,769	1018,591
Network.Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	4,887	7,106	4,959	6,347	3,410	4,591	6,512	9,243
Network.Length [cm]	43,836	61,395	42,019	58,488	29,883	40,581	59,616	88,592
Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]	0,053	0,081	0,055	0,067	0,039	0,052	0,066	0,090
Network.Width.to.Depth.Ratio [cm/cm]	0,861	1,351	0,590	0,988	1,220	1,772	0,451	0,779

**Tabelle 5.11** Auflistung der unteren und oberen 95% Konfidenzintervall-Grenzen pro Wurzelparameter der Sorte *Braemar* unter den verschiedenen Stressbehandlungen. Berechnung siehe Abschnitt 2.2.5.

Braemar / Parameter	Kontrolle		PEG		Phosphatmangel		Nitratmangel	
	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze
Average.Root.Width.Diameter. [cm]	0,035	0,039	0,038	0,041	0,035	0,039	0,034	0,038
Network.Bushiness [n/n]	1,671	9,875	1,715	2,872	0,917	7,438	2,203	3,919
Network.Depth [cm]	4,887	6,839	7,393	8,444	2,886	4,159	10,717	11,920
Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]	0,474	0,646	0,379	0,636	0,449	0,610	0,429	0,543
Network.Length.Distribution [n/n]	1,851	6,006	1,607	2,257	1,067	5,585	1,816	2,933
Major.Ellipse.Axis [cm]	5,131	7,064	7,871	8,985	4,089	5,141	10,449	11,863
Maximum.Number.of.Roots [n]	10,111	14,817	6,674	8,464	10,110	14,835	10,606	15,863
Network.Width [cm]	3,211	4,933	3,326	5,401	3,248	4,747	5,098	6,467
Median.Number.of.Roots [n]	2,172	5,147	2,794	4,648	2,915	6,469	3,598	6,122
Minor.Ellipse.Axis [cm]	2,592	4,195	3,207	5,236	1,970	2,800	4,674	6,172
Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	1,458	2,009	1,600	2,134	1,071	1,392	2,936	4,242
Network.Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]	11,477	24,336	20,268	33,095	7,716	12,383	41,907	59,420
Network.Perimeter [cm]	87,435	129,565	90,941	126,022	64,646	85,545	185,754	293,594
Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]	0,092	0,129	0,063	0,089	0,113	0,151	0,065	0,079
Specific.Root.Length [cm/cm <sup>3</sup> ]	690,839	872,200	644,028	777,761	685,955	809,449	767,363	954,271
Network.Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	5,543	7,512	6,001	7,854	4,155	5,405	10,664	15,405
Network.Length [cm]	46,781	67,028	48,310	64,573	35,810	46,899	92,622	143,493
Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]	0,063	0,083	0,070	0,091	0,048	0,064	0,113	0,161
Network.Width.to.Depth.Ratio [cm/cm]	0,563	0,871	0,417	0,703	0,887	1,597	0,459	0,560

**Tabelle 5.12** Auflistung der unteren und oberen 95% Konfidenzintervall-Grenzen pro Wurzelparameter der Sorte *Tatum* unter den verschiedenen Stressbehandlungen. Berechnung siehe Abschnitt 2.2.5.

Tatum / Parameter	Kontrolle		PEG		Phosphatmangel		Nitratmangel	
	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze	untere Grenze	obere Grenze
Average.Root.Width.Diameter. [cm]	0,035	0,038	0,033	0,038	0,037	0,040	0,032	0,036
Network.Bushiness [n/n]	1,601	3,391	2,743	4,570	0,869	3,486	1,782	3,319
Network.Depth [cm]	4,561	6,402	5,931	7,640	2,909	4,218	8,616	12,768
Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]	0,507	0,657	0,567	0,669	0,456	0,654	0,470	0,582
Network.Length.Distribution [n/n]	1,129	2,518	2,353	3,880	0,979	2,539	1,411	2,719
Major.Ellipse.Axis [cm]	6,139	7,109	6,247	7,903	4,226	5,592	9,243	12,515
Maximum.Number.of.Roots [n]	10,801	14,932	10,544	13,673	9,832	15,212	11,240	18,871
Network.Width [cm]	4,854	6,042	4,768	5,974	3,353	5,270	6,166	6,802
Median.Number.of.Roots [n]	4,690	8,533	3,029	4,739	5,139	10,327	4,309	9,813
Minor.Ellipse.Axis [cm]	3,241	4,352	3,713	4,949	2,314	2,862	4,828	6,416
Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	1,792	2,393	1,835	2,436	1,322	1,708	3,197	5,029
Network.Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]	17,604	26,075	20,636	32,432	9,578	12,420	42,725	66,798
Network.Perimeter [cm]	111,223	151,110	115,157	157,829	77,505	103,903	213,231	366,583
Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]	0,086	0,121	0,076	0,100	0,128	0,158	0,063	0,099
Specific.Root.Length [cm/cm <sup>3</sup> ]	674,854	858,361	733,320	901,608	651,940	737,929	812,622	1005,67
Network.Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	6,756	9,241	7,071	9,600	5,057	6,528	12,001	18,678
Network.Length [cm]	58,634	80,620	62,702	89,195	41,344	55,022	109,670	185,152
Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]	0,076	0,111	0,079	0,109	0,061	0,079	0,130	0,188
Network.Width.to.Depth.Ratio [cm/cm]	0,852	1,327	0,688	0,984	0,841	1,877	0,395	1,030

## 5.4 Ergebnisse der unifaktoriellen Varianzanalysen

**Tabelle 5.13** Ergebnisse der unifaktoriellen Varianzanalysen ( $\alpha=0,05$ ) pro Wurzelparameter der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter Kontrollbedingungen.

	Parameter (Kontrolle)	df	F-Wert	p-Wert	sig.
1.	Average.Root.Width.Diameter. [cm]	5	3.0755	0.05112	n.s.
2.	Network.Bushiness [n/n]	5	3.1541	0.01326	**
3.	Network.Depth [cm]	5	6.9614	3.122e-05	**
4.	Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]	5	1.0183	0.4145	n.s.
5.	Network.Length.Distribution [n/n]	5	3.9578	0.003483	**
6.	Major.Ellipse.Axis [cm]	5	4.9555	0.0006881	**
7.	Maximum.Number.of.Roots [n]	5	1.3165	0.2686	n.s.
8.	Network.Width [cm]	5	4.6107	0.001198	**
9.	Median.Number.of.Roots [n]	5	2.7621	0.02556	**
10.	Minor.Ellipse.Axis [cm]	5	5.4811	0.0002992	**
11.	Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	5	8.5544	3.163e-06	**
12.	Network.Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]	5	5.7256	0.0002042	**
13.	Network.Perimeter [cm]	5	8.7045	2.568e-06	**
14.	Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>3</sup> ]	5	2.5937	0.03389	**
15.	Specific.Root.Length [cm/cm <sup>3</sup> ]	5	2.6446	0.03112	**
16.	Network.Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	5	8.2784	4.654e-06	**
17.	Network.Length [cm]	5	8.6503	2.768e-06	**
18.	Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]	5	6.6603	4.892e-05	**
19.	Network.Width.to.Depth.Ratio [cm/cm]	5	4.2846	0.002037	**

Pro Zeile werden die Freiheitsgrade (df), F-Werte, p-Werte und Ergebnisse (n.s.= nicht signifikant, \*\*= signifikant) der einfaktoriellen ANOVA, pro Parameter bei Vergleich der 6 Gerstensorten dargestellt.

**Tabelle 5.14** Ergebnisse der unifaktoriellen Varianzanalysen ( $\alpha=0,05$ ) pro Wurzelparameter der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter PEG-Behandlung.

	Parameter (PEG)	df	F-Wert	p-Wert	sig.
1.	Average.Root.Width.Diameter. [cm]	5	2.5813	0.03427	**
2.	Network.Bushiness [n/n]	5	3.6037	0.006139	**
3.	Network.Depth [cm]	5	10.624	1.74e-07	**
4.	Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]	5	1.638	0.1625	n.s.
5.	Network.Length.Distribution [n/n]	5	5.0146	0.000603	**
6.	Major.Ellipse.Axis [cm]	5	11.226	8.012e-08	**
7.	Maximum.Number.of.Roots [n]	5	5.8715	0.0001548	**
8.	Network.Width [cm]	5	3.6456	0.005723	**
9.	Median.Number.of.Roots [n]	5	2.6175	0.03224	**
10.	Minor.Ellipse.Axis [cm]	5	6.1998	9.3e-05	**
11.	Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	5	10.526	1.979e-07	**
12.	Network.Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]	5	7.5681	1.188e-05	**
13.	Network.Perimeter [cm]	5	9.1083	1.329e-06	**
14.	Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>3</sup> ]	5	4.4902	0.001413	**
15.	Specific.Root.Length [cm/cm <sup>3</sup> ]	5	1.7417	0.1376	n.s.
16.	Network.Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	5	11.451	6.021e-08	**
17.	Network.Length [cm]	5	10.561	1.892e-07	**
18.	Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]	5	10.261	2.803e-07	**
19.	Network.Width.to.Depth.Ratio [cm/cm]	5	4.7078	0.0009909	**

Pro Zeile werden die Freiheitsgrade (df), F-Werte, p-Werte und Ergebnisse (n.s.= nicht signifikant, \*\*= signifikant) der einfaktoriellen ANOVA, pro Parameter bei Vergleich der 6 Gerstensorten dargestellt.

**Tabelle 5.15** Ergebnisse der unifaktoriellen Varianzanalysen ( $\alpha=0,05$ ) pro Wurzelparameter der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter Phosphatmangel.

Parameter (Phosphatmangel)	df	F-Wert	p-Wert	sig.
1. Average.Root.Width..Diameter. [cm]	5	2.4726	0.05668	n.s.
2. Network.Bushiness [n/n]	5	1.8258	0.1209	n.s.
3. Network.Depth [cm]	5	14.474	2.187e-09	**
4. Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]	5	1.3436	0.258	n.s.
5. Network.Length.Distribution [n/n]	5	2.0485	0.08407	n.s.
6. Major.Ellipse.Axis [cm]	5	7.0084	3.016e-05	**
7. Maximum.Number.of.Roots [n]	5	1.2539	0.2953	n.s.
8. Network.Width [cm]	5	1.1108	0.3639	n.s.
9. Median.Number.of.Roots [n]	5	2.328	0.053	**
10. Minor.Ellipse.Axis [cm]	5	9.3666	1.099e-06	**
11. Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	5	7.7543	1.023e-05	**
12. Network.Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]	5	8.7148	2.662e-06	**
13. Network.Perimeter [cm]	5	6.6368	5.233e-05	**
14. Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]	5	4.8993	0.0007671	**
15. Specific.Root.Length [cm/cm <sup>3</sup> ]	5	1.9477	0.09914	n.s.
16. Network.Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	5	7.4956	1.483e-05	**
17. Network.Length [cm]	5	6.2956	1.483e-05	**
18. Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]	5	7.4791	1.518e-05	**
19. Network.Width.to.Depth.Ratio [cm/cm]	5	4.3187	0.001955	**

Pro Zeile werden die Freiheitsgrade (df), F-Werte, p-Werte und Ergebnisse (n.s.= nicht signifikant, \*\*= signifikant) der einfaktoriellen ANOVA, pro Parameter bei Vergleich der 6 Gerstensorten dargestellt.

**Tabelle 5.16** Ergebnisse der unifaktoriellen Varianzanalysen ( $\alpha=0,05$ ) pro Wurzelparameter der 6 Gerstensorten bei Wachstum unter Nitratmangel.

Parameter (Nitratmangel)	df	F-Wert	p-Wert	sig.
1. Average.Root.Width..Diameter. [cm]	5	1.3806	0.2441	n.s.
2. Network.Bushiness [n/n]	5	1.1434	0.3475	n.s.
3. Network.Depth [cm]	5	3.4538	0.008191	**
4. Ellipse.Axes.Ratio [cm/cm]	5	1.873	0.1122	n.s.
5. Network.Length.Distribution [n/n]	5	1.686	0.1515	n.s.
6. Major.Ellipse.Axis [cm]	5	5.1146	0.0005562	**
7. Maximum.Number.of.Roots [n]	5	3.5673	0.006789	**
8. Network.Width [cm]	5	9.449	1.043e-06	**
9. Median.Number.of.Roots [n]	5	3.0325	0.01649	**
10. Minor.Ellipse.Axis [cm]	5	7.2588	2.172e-05	**
11. Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	5	8.2175	5.562e-06	**
12. Network.Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]	5	8.0143	7.391e-06	**
13. Network.Perimeter [cm]	5	5.6535	0.0002399	**
14. Network.Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]	5	3.8451	0.004296	**
15. Specific.Root.Length [cm/cm <sup>3</sup> ]	5	1.02	0.4139	n.s.
16. Network.Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	5	9.0895	1.686e-06	**
17. Network.Length [cm]	5	6.9253	3.532e-05	**
18. Network.Volume [cm <sup>3</sup> ]	5	11.333	9.397e-08	**
19. Network.Width.to.Depth.Ratio [cm/cm]	5	1.4585	0.2166	n.s.

Pro Zeile werden die Freiheitsgrade (df), F-Werte, p-Werte und Ergebnisse (n.s.= nicht signifikant, \*\*= signifikant) der einfaktoriellen ANOVA, pro Parameter bei Vergleich der 6 Gerstensorten dargestellt.

## 5.5 Signifikante Ergebnisse der Tukey-HSD-Tests aus der Analyse zwischen den Gerstensorten

**Tabelle 5.17** Zusammenfassung der signifikanten Ergebnisse des paarweisen Vergleichs (Tukey-HSD,  $\alpha=0,05$ ) nach Berechnung der univariaten Varianzanalyse bei Wachstum unter Kontrollbedingungen.

Wurzelparameter	Gerstenpaar	diff	lwr	upr	p.adjusted
2. Network. Bushiness [n/n]	5-1	3.21104026	0.01328568	6.40879484	0.0484711
	5-3	3.35647968	0.02815119	6.68480817	0.0469306
	5-4	3.93701404	0.67876347	7.19526461	0.0091360
3. Network.Depth [cm]	3-1	-2.5880381	-4.40834590	-0.7677304	0.0012442
	4-1	-2.2249691	-4.00371916	-0.4462191	0.0062523
	3-2	-2.7295896	-4.62422599	-0.8349532	0.0010321
	4-2	-2.3665206	-4.22126541	-0.5117758	0.0049777
	5-3	2.3013225	0.40668607	4.1959588	0.0086401
	6-3	1.9200639	0.02542754	3.8147003	0.0452071
	5-4	1.9382534	0.08350860	3.7929983	0.0354766
5. Network.Length. Distribution [n/n]	5-1	2.12530310	0.33517832	3.9154279	0.0109845
	5-2	1.93038634	0.06716539	3.7936073	0.0380321
	5-4	2.48433324	0.66034239	4.3083241	0.0022213
	6-5	-2.10565748	-3.96887843	-0.2424365	0.0178614
6. Major.Ellipse.Axis [cm]	3-1	-1.84914102	-3.479156223	-0.21912582	0.0172292
	3-2	-2.04994858	-3.746522185	-0.35337497	0.0091387
	6-3	2.09351831	0.396944703	3.79009192	0.0072771
	6-4	1.66299573	0.002143459	3.32384800	0.0495207
8. Network.Width [cm]	6-1	1.45554739	0.229563254	2.6815315	0.0109834
	6-3	1.78213997	0.506095230	3.0581847	0.0015911
	6-4	1.25835414	0.009176507	2.5075318	0.0473245
	6-5	1.37558042	0.099535681	2.6516252	0.0273460
9. Median.Number.of. Roots [n]	5-4	-3.3962109	-6.5401529	-0.2522689	0.0268604
10. Minor.Ellipse. Axis [cm]	3-1	-1.1834373	-2.2707261	-0.0961485	0.0251475
	3-2	-1.7009851	-2.8326712	-0.5692991	0.0005521
	4-2	-1.3562792	-2.4641376	-0.2484208	0.0079367
	6-3	1.2848837	0.1531977	2.4165698	0.0170943
11. Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	3-1	-0.88257825	-1.39991420	-0.36524229	0.0000657
	4-1	-0.52330608	-1.02883124	-0.01778093	0.0382897
	3-2	-0.94732783	-1.48578817	-0.40886750	0.0000368
	4-2	-0.58805567	-1.11517873	-0.06093261	0.0201474
	6-3	0.86645933	0.32799899	1.40491967	0.0001845
	6-4	0.50718717	-0.01993589	1.03431023	0.0659447
12. Network. Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]	3-1	-10.375716	-19.4685769	-1.282854	0.0162945
	3-2	-13.839744	-23.3038946	-4.375594	0.0008321
	4-2	-10.942556	-20.2074390	-1.677674	0.0115863
	6-3	11.922867	2.4587169	21.387017	0.0057667
	6-4	9.025679	-0.2392036	18.290562	0.0604698
13. Network. Perimeter [cm]	3-1	-60.0547979	-92.676375	-27.433221	0.0000150
	3-2	-57.3128093	-91.266424	-23.359195	0.0000798
	5-3	36.7782612	2.824647	70.731875	0.0262314
	6-3	59.4447490	25.491135	93.398363	0.0000404

**Tabelle 5.17** Fortsetzung

<b>Wurzelparameter</b>	<b>Gerstenpaar</b>	<b>diff</b>	<b>lwr</b>	<b>upr</b>	<b>p.adjusted</b>
13. Network. Perimeter [cm]	3-1	-60.0547979	-92.676375	-27.433221	0.0000150
	3-2	-57.3128093	-91.266424	-23.359195	0.0000798
	5-3	36.7782612	2.824647	70.731875	0.0262314
	6-3	59.4447490	25.491135	93.398363	0.0000404
15. Specific.Root. Length [cm/cm <sup>2</sup> ]	3-1	-133.48830	-268.73454	1.757932	0.0550564
16. Network. Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	3-1	-3.1611048	-5.10072905	-1.22148061	0.0001484
	3-2	-3.4696739	-5.48849881	-1.45084902	0.0000573
	4-2	-2.1329547	-4.10927328	-0.15663616	0.0270729
	6-3	3.3390010	1.32017607	5.35782586	0.0001148
	6-4	2.0022818	0.02596321	3.97860033	0.0453041
17. Network. Length [cm]	3-1	-30.6289170	-47.4327410	-13.8250931	0.0000183
	3-2	-28.3276387	-45.8176132	-10.8376642	0.0001651
	5-3	18.8406524	1.3506779	36.3306269	0.0275166
	6-3	31.5635679	14.0735934	49.0535424	0.0000224
	6-4	17.0116144	-0.1101089	34.1333377	0.0524491
18. Network. Volume [cm <sup>3</sup> ]	3-1	-0.030085910	-0.055118917	-0.005052903	0.0096702
	3-2	-0.040797430	-0.066852610	-0.014742251	0.0002900
	4-2	-0.028770904	-0.054277492	-0.003264316	0.0181823
	6-3	0.038824085	0.012768905	0.064879265	0.0006297
	6-4	0.026797559	0.001290970	0.052304147	0.0339633
19. Network. Width.to.Depth.Ratio [cm/cm]	3-1	0.47149400	0.05340110	0.8895868865	0.0182208
	4-1	0.42462307	0.01607526	0.8331708775	0.0370745
	5-3	-0.43599750	-0.87116237	-0.000832617	0.0492908

Die Gerstenpaare wurden wie folgt codiert: 1= Wisa, 2 = LFL24727, 3= Barke, 4= Grace, 5= Braemar, 6= Tatum. Die Abkürzungen diff = Differenz der arithmetischen Mittelwerte, lwr = untere Grenze des 95% Konfidenzintervalls, upr = obere Grenze des 95% Konfidenzintervalls und p.adjusted= p-Wert nach Korrektur wurden zur Darstellung der Ergebnisse verwendet.

**Tabelle 5.18** Zusammenfassung der signifikanten Ergebnisse des paarweisen Vergleichs (Tukey-HSD,  $\alpha=0,05$ ) nach Berechnung der univariablen Varianzanalyse bei Wachstum unter PEG-Zusatz.

Parameter	Gerstenpaar	diff	lwr	upr	p.adjusted
1. Average.Root.Width..Diameter. [cm]	6-5	-3.799620e-03	-0.007418038	-0.000181202	0.0340739
2. Network.Bushiness [n/n]	6-1	1.34267689	0.13337187	2.5519819	0.0209981
	6-2	1.50477027	0.31894913	2.6905914	0.0052651
	6-3	1.23658991	0.02728488	2.4458949	0.0421601
	6-5	1.36256205	0.12607824	2.5990459	0.0224835
3. Network.Depth [cm]	3-1	-2.87452948	-4.5409026	-1.20815639	0.0000516
	4-1	-1.69027935	-3.3941037	0.01354501	0.0530493
	3-2	-2.82147310	-4.4554863	-1.18745985	0.0000507
	5-3	3.61100197	1.9071776	5.31482633	0.0000006
	6-3	2.47759294	0.8112199	4.14396603	0.0006388
	5-4	2.42675184	0.6862819	4.16722177	0.0016057
5. Network.Length.Distribution [n/n]	6-1	1.32495954	0.3538282	2.2960909	0.0021473
	6-2	1.43017895	0.4779063	2.3824516	0.0005481
	6-3	1.14334448	0.1722131	2.1144759	0.0119167
	6-5	1.18388865	0.1909314	2.1768459	0.0104634
6. Major.Ellipse.Axis [cm]	3-1	-2.13670499	-3.6678500	-0.6055599	0.0015872
	3-2	-2.64933019	-4.1507414	-1.1479189	0.0000334
	4-2	-1.91017573	-3.4466651	-0.3736864	0.0066553
	5-3	3.41909034	1.8535332	4.9846474	0.0000003
	6-3	2.06583180	0.5346868	3.5969769	0.0024831
	5-4	2.67993588	1.0807070	4.2791647	0.0000881
7. Maximum.Number.of.Roots [n]	2-1	-3.2494278	-6.3092208	-0.1896348	0.0310254
	5-1	-4.9875680	-8.1780867	-1.7970494	0.0002909
	6-5	4.5394436	1.3489249	7.7299622	0.0012136
8. Network.Width [cm]	6-3	1.32182524	0.06293279	2.58071769	0.0340972
	6-4	1.33858822	0.05140252	2.62577392	0.0368796
9. Median.Number.of.Roots [n]	5-1	-2.4302293	-4.704369	-0.15608921	0.0294272
	6-1	-2.2670755	-4.491228	-0.04292258	0.0432231
10. Minor.Ellipse.Axis [cm]	3-1	-1.5119857	-2.72798403	-0.2959874	0.0066431
	4-1	-1.2616019	-2.50492944	-0.0182744	0.0447613
	3-2	-1.7862506	-2.97863508	-0.5938662	0.0005699
	4-2	-1.5358668	-2.75610947	-0.3156242	0.0057853
	5-3	1.2845478	0.04122026	2.5278753	0.0388671
	6-3	1.3941561	0.17815779	2.6101544	0.0155150
	6-4	1.1437723	-0.09955524	2.3870998	0.0887760
11. Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	3-1	-1.07468982	-1.59240606	-0.55697358	0.0000010
	4-1	-0.86498973	-1.39434150	-0.33563797	0.0001378
	3-2	-0.79266105	-1.30032360	-0.28499851	0.0002966
	4-2	-0.58296097	-1.10248425	-0.06343768	0.0190411
	5-3	0.56092919	0.03157742	1.09028096	0.0316009
	6-3	0.82913333	0.31141709	1.34684957	0.0001947
	6-4	0.61943324	0.09008147	1.14878501	0.0126764
12. Network.Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]	3-1	-12.4976807	-22.2532448	-2.7421166	0.0047101
	3-2	-15.6188427	-25.1849604	-6.0527251	0.0001398
	4-2	-12.8965627	-22.6861777	-3.1069476	0.0033586
	5-3	13.3390464	3.3642287	23.3138640	0.0027824
	6-3	13.1913886	3.4358245	22.9469528	0.0024132
	5-4	10.6167663	0.4274119	20.8061207	0.0363071
	6-4	10.4691086	0.4942909	20.4439262	0.0342141

**Tabelle 5.18** Fortsetzung

Parameter	Gerstenpaar	diff	lwr	upr	p.adjusted
13. Network. Perimeter [cm]	3-1	-72.212530	-108.934534	-35.490526	0.0000034
	4-1	-55.235882	-92.783203	-17.688561	0.0007490
	5-1	-43.538158	-81.085479	-5.990837	0.0138855
	3-2	-48.221573	-84.230461	-12.212685	0.0027330
	6-3	56.686041	19.964037	93.408045	0.0003566
	6-4	39.709393	2.162072	77.256714	0.0321217
14. Network. Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]	3-2	0.037387465	0.008934001	0.0658409283	0.0034672
	5-3	-0.039679425	-0.069348526	-0.010010324	0.0027790
	6-3	-0.028111198	-0.057128151	0.0009057556	0.0629119
16. Network. Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	3-1	-4.1184770	-6.06638327	-2.1705707	0.0000006
	4-1	-3.3693284	-5.36101328	-1.3776434	0.0000742
	5-1	-2.0949560	-4.08664090	-0.1032711	0.0336034
	3-2	-2.9540436	-4.86412285	-1.0439643	0.0003460
	4-2	-2.2048950	-4.15960024	-0.2501897	0.0181296
	5-3	2.0235210	0.03183609	4.0152059	0.0443264
	6-3	3.4312982	1.48339196	5.3792045	0.0000346
	6-4	2.6821496	0.69046468	4.6738345	0.0025440
17. Network. Length [cm]	3-1	-39.429828	-58.8502619	-20.009394	0.0000017
	4-1	-31.087268	-50.9441709	-11.230366	0.0002839
	5-1	-24.899213	-44.7561157	-5.042310	0.0060393
	3-2	-25.289077	-44.3323788	-6.245774	0.0030388
	6-3	34.037283	14.6168490	53.457717	0.0000381
	6-4	25.694723	5.8378205	45.551626	0.0041793
18. Network. Volume [cm <sup>3</sup> ]	3-1	-0.042824667	-0.065353501	-0.020295833	0.0000073
	4-1	-0.037075095	-0.060110258	-0.014039931	0.0001789
	3-2	-0.031934412	-0.054025752	-0.009843073	0.0009678
	4-2	-0.026184840	-0.048792309	-0.003577371	0.0140425
	5-3	0.024414721	0.001379557	0.047449884	0.0315420
	6-3	0.038362638	0.015833804	0.060891472	0.0000657
	6-4	0.032613066	0.009577903	0.055648229	0.0013004
19. Network. Width.to.Depth.Ratio [cm/cm]	3-1	0.32796318	0.04002908	0.61589729	0.0165280
	5-3	-0.45994019	-0.75434554	-0.16553485	0.0002939

Die Gerstenpaare wurden wie folgt codiert: 1= Wisa, 2 = LFL24727, 3= Barke, 4= Grace, 5= Braemar, 6= Tatum. Die Abkürzungen diff = Differenz der arithmetischen Mittelwerte, lwr = untere Grenze des 95% Konfidenzintervalls, upr = obere Grenze des 95% Konfidenzintervalls und p.adjusted= p-Wert nach Korrektur wurden zur Darstellung der Ergebnisse verwendet.

**Tabelle 5.19** Zusammenfassung der signifikanten Ergebnisse des paarweisen Vergleichs (Tukey-HSD,  $\alpha=0,05$ ) nach Berechnung der unifaktoriellen Varianzanalyse bei Wachstum unter Phosphatmangel.

Wurzelparameter	Gerstenpaar	diff	lwr	upr	p.adjusted
3. Network.Depth [cm]	2-1	-1.68123538	-2.9087772	-0.4536936	0.0020788
	3-1	-2.74554153	-3.9227871	-1.5682960	0.0000001
	4-1	-3.20835289	-4.4358947	-1.9808111	0.0000000
	5-1	-2.08856655	-3.3161084	-0.8610247	0.0000703
	6-1	-2.04724659	-3.3064041	-0.7880891	0.0001569
	4-2	-1.52711750	-2.7810611	-0.2731739	0.0084234
6. Major.Ellipse. Axis [cm]	3-1	-1.764538805	-2.89606696	-0.63301065	0.0003135
	4-1	-2.116290386	-3.29616161	-0.93641916	0.0000258
	6-4	1.318339662	0.08332827	2.55335105	0.0297603
10. Minor.Ellipse. Axis [cm]	3-1	-1.3181704	-2.0739649	-0.56237590	0.0000444
	4-1	-1.6651354	-2.4532203	-0.87705054	0.0000007
	5-1	-1.1557102	-1.9437950	-0.36762533	0.0008055
	6-1	-0.9530426	-1.7614248	-0.14466042	0.0118277
	4-2	-0.9549254	-1.7599603	-0.14989058	0.0111107
	11. Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	3-1	-0.68840411	-1.11625774	-0.26055047
4-1		-0.77896583	-1.22509896	-0.33283271	0.0000434
5-1		-0.57287511	-1.01900824	-0.12674199	0.0046379
4-2		-0.50727465	-0.96300314	-0.05154617	0.0205903
6-4		0.48962310	0.02264037	0.95660584	0.0345496
12. Network. Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]		3-1	-8.4645795	-13.2644384	-3.66472067
	4-1	-10.2255269	-15.2304535	-5.22060026	0.0000016
	5-1	-6.5162832	-11.5212098	-1.51135663	0.0039326
	6-1	-5.5664588	-10.7002888	-0.43262890	0.0260277
	4-2	-5.2876052	-10.4001770	-0.17503347	0.0385797
	13. Network. Perimeter [cm]	3-1	-39.625853	-66.416493	-12.835213
4-1		-41.498046	-69.433281	-13.562810	0.0006657
5-1		-29.700435	-57.635670	-1.765199	0.0307855
3-2		-30.782526	-58.199088	-3.365965	0.0190127
4-2		-32.654719	-61.190781	-4.118657	0.0158819
14. Network. Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]		3-1	0.037229617	0.006162228	0.068297006
	4-1	0.048879126	0.016484423	0.081273829	0.0005259
	5-4	-0.034399401	-0.067490844	-0.001307958	0.0370373
16. Network. Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	3-1	-2.5331567	-4.13225315	-0.934060247	0.0002428
	4-1	-2.8230981	-4.49051384	-1.155682279	0.0000768
	5-1	-2.0437725	-3.71118832	-0.376356761	0.0078570
	3-2	-1.6283446	-3.26480149	0.008112199	0.0518766
	4-2	-1.9182860	-3.62156429	-0.215007718	0.0184751
	6-4	1.7920477	0.04670687	3.537388621	0.0408559
17. Network.Length [cm]	3-1	-20.3091855	-34.341071	-6.2772999	0.0009742
	4-1	-20.5368368	-35.168216	-5.9054571	0.0014968
	3-2	-17.0003126	-31.360031	-2.6405940	0.0113342
	4-2	-17.2279639	-32.174033	-2.2818949	0.0148025
18. Network. Volume [cm <sup>3</sup> ]	3-1	-0.029509264	-0.048475638	-1.05429e-02	0.0003253
	4-1	-0.034645276	-0.054421963	-1.48685e-02	0.0000408
	5-1	-0.024472272	-0.044248959	-4.69558e-03	0.0070783
	4-2	-0.020172306	-0.040374347	2.973554e-05	0.0505510
	6-4	0.023966394	0.003265461	4.466733e-02	0.0141799

**Tabelle 5.19** Fortsetzung

Wurzelparameter	Gerstenpaar	diff	lwr	upr	p.adjusted
19. Network. Width.to.Depth.Ratio [cm/cm]	3-1	0.57768214	0.04680379	1.1085605	0.0252251
	4-1	0.78691499	0.23335556	1.3404744	0.0012563
	6-1	0.64957150	0.08175499	1.2173880	0.0159288

Die Gerstenpaare wurden wie folgt codiert: 1= Wisa, 2 = LFL24727, 3= Barke, 4= Grace, 5= Braemar, 6= Tatum. Die Abkürzungen diff = Differenz der arithmetischen Mittelwerte, lwr = untere Grenze des 95% Konfidenzintervalls, upr = obere Grenze des 95% Konfidenzintervalls und p.adjusted= p-Wert nach Korrektur wurden zur Darstellung der Ergebnisse verwendet.

**Tabelle 5.20** Zusammenfassung der signifikanten Ergebnisse des paarweisen Vergleichs (Tukey-HSD,  $\alpha=0,05$ ) nach Berechnung der unifaktoriellen Varianzanalyse bei Wachstum unter Nitratmangel.

Wurzelparameter	Gerstenpaar	diff	lwr	upr	p.adjusted
3. Network.Depth [cm]	5-4	3.3857496	0.7717069	5.9997923	0.0042056
	6-4	2.7589112	0.0803145	5.4375079	0.0398719
6. Major.Ellipse. Axis [cm]	4-1	-2.7446581	-5.260940	-0.2283765	0.0247267
	4-3	-2.5648602	-5.028162	-0.1015589	0.0365672
	5-4	3.8655350	1.349253	6.3818166	0.0004027
	6-4	3.5883056	1.009884	6.1667270	0.0016926
7. Maximum. Number.of.Roots [n]	3-2	-5.9156116	-10.5554919	-1.2757312	0.0050637
	4-2	-4.9420279	-9.6861883	-0.1978676	0.0364321
8. Network.Width [cm]	6-1	1.672533956	0.61219450	2.7328734	0.0002639
	4-2	-1.451011920	-2.46400988	-0.4380140	0.0011386
	6-3	1.312080446	0.27299243	2.3511685	0.0056584
	5-4	1.455303887	0.42051853	2.4900892	0.0014679
	6-4	2.157041567	1.09670211	3.2173810	0.0000018
9. Median.Number. of.Roots [n]	3-2	-3.2918779	-6.2343802	-0.3493757	0.0196848
10. Minor.Ellipse. Axis [cm]	4-2	-2.025796493	-3.2384260	-0.8131670	0.0000994
	5-4	1.819703802	0.5809932	3.0584144	0.0007926
	6-4	2.018890674	0.7495901	3.2881913	0.0002302
11. Network.Area [cm <sup>2</sup> ]	4-1	-1.3076318	-2.4190054	-0.1962581	0.0120978
	3-2	-1.3271333	-2.3911925	-0.2630740	0.0065057
	4-2	-1.8268117	-2.9147854	-0.7388380	0.0000908
	6-3	1.4324547	0.3164599	2.5484495	0.0046804
	5-4	1.4082344	0.2968607	2.5196080	0.0054378
	6-4	1.9321332	0.7933141	3.0709523	0.0000753

**Tabelle 5.20** Fortsetzung

Wurzelparameter	Gerstenpaar	diff	lwr	upr	p.adjusted
12. Network.					
Convex.Area [cm <sup>2</sup> ]	6-1	16.989869	1.2855927	32.6941450	0.0265587
	4-2	-20.300962	-35.3040814	-5.2978422	0.0024476
	5-4	25.523102	10.1972982	40.8489067	0.0001050
	6-4	29.620775	13.9164991	45.3250514	0.0000095
13. Network.					
Perimeter [cm]	3-2	-91.90722	-180.120598	-3.693835	0.0363852
	4-2	-119.17126	-209.367209	-28.975305	0.0033035
	6-3	109.74638	17.227405	202.265354	0.0111365
	6-4	137.01042	42.599246	231.421595	0.0009459
14. Network.					
Solidity [cm <sup>2</sup> /cm <sup>2</sup> ]	4-3	0.0238757294	0.001284436	0.0464670233	0.0323780
	5-4	-0.0236246325	-0.046701816	-0.0005474487	0.0418238
16. Network.					
Surface.Area [cm <sup>2</sup> ]	4-1	-4.8364924	-8.8852468	-0.7877381	0.0103586
	3-2	-5.1419503	-9.0183374	-1.2655631	0.0031458
	4-2	-6.9160309	-10.8795388	-2.9525231	0.0000448
	6-3	5.6882758	1.6226867	9.7538650	0.0015749
	5-4	5.1576248	1.1088704	9.2063791	0.0051133
	6-4	7.4623565	3.3136178	11.6110951	0.0000250
17. Network.					
Length [cm]	3-2	-50.533252	-93.3856229	-7.680881	0.0118254
	4-2	-63.704353	-107.5198187	-19.888887	0.0009209
	6-3	60.135543	15.1915973	105.079489	0.0028230
	6-4	73.306644	27.4435040	119.169784	0.0002122
18. Network.					
Volume [cm <sup>3</sup> ]	4-1	-0.0596259744	-0.099400138	-0.0198518110	0.0005864
	3-2	-0.0544041111	-0.092484973	-0.0163232488	0.0011813
	4-2	-0.0756952900	-0.114632009	-0.0367585712	0.0000050
	6-3	0.0599791769	0.020039632	0.0999187223	0.0005711
	5-4	0.0590958532	0.019321690	0.0988700167	0.0006704
	6-4	0.0812703559	0.040513966	0.1220267454	0.0000029

Die Gerstenpaare wurden wie folgt codiert: 1= Wisa, 2 = LFL24727, 3= Barke, 4= Grace, 5= Braemar, 6= Tatum. Die Abkürzungen diff = Differenz der arithmetischen Mittelwerte, lwr = untere Grenze des 95% Konfidenzintervalls, upr = obere Grenze des 95% Konfidenzintervalls und p.adjusted= p-Wert nach Korrektur wurden zur Darstellung der Ergebnisse verwendet.

## 5.6 Frischgewicht und Wurzelvolumen

**Tabelle 5.21** Messdaten des Wurzel- und Spross-Frischgewichts und des Wurzelvolumens (M\_Volumen=arithmetisches Mittel pro Pflanze).

Sorte	Pflanzen-ID	Behandlung	FGS [mg]	FGW [mg]	M_Volumen [cm <sup>3</sup> ]
1	200	0	373	121	0,097
1	201	0	320	119	0,144
1	202	0	455	151	0,076
1	203	0	326	108	0,110
1	204	0	323	99	0,072
1	205	0	401	131	0,062
1	206	0	376	152	0,078
1	207	0	311	112	0,074
1	208	0	345	115	0,093
1	209	0	344	117	0,050
1	210	0	293	103	0,067
1	211	0	457	143	0,098
1	212	0	323	115	0,080
1	213	1	302	147	0,101
1	214	1	321	148	0,120
1	215	1	357	79	0,065
1	216	1	283	101	0,091
1	217	1	374	105	0,073
1	218	1	320	108	0,124
1	219	1	475	159	0,064
1	220	1	351	103	0,094
1	221	1	374	135	0,113
1	222	1	424	149	0,109
1	223	1	389	141	0,135
1	224	1	413	156	0,093
1	225	2	417	79	0,049
1	226	2	304	95	0,070
1	227	2	382	158	0,089
1	228	2	382	124	0,113
1	229	2	251	69	0,038
1	230	2	330	129	0,094
1	231	2	306	87	0,050
1	232	2	294	74	0,066
1	233	2	399	106	0,086

**Tabelle 5.21** Fortsetzung

Sorte	Pflanzen-ID	Behandlung	FGS [mg]	FGW [mg]	M_Volumen [cm <sup>3</sup> ]
1	234	2	338	109	0,116
1	235	2	303	130	0,085
1	236	2	447	164	0,107
1	237	3	563	145	0,161
1	238	3	437	135	0,177
1	239	3	316	157	0,124
1	240	3	337	169	0,153
1	241	3	326	108	0,089
1	242	3	263	102	0,101
1	243	3	385	174	0,170
1	244	3	355	148	0,136
1	245	3	359	183	0,108
1	246	3	367	157	0,153
1	247	3	368	124	0,145
2	500	0	356	119	0,093
2	501	0	401	121	0,091
2	502	0	359	107	0,094
2	503	0	318	113	0,074
2	504	0	480	142	0,143
2	505	0	350	85	0,118
2	506	0	409	103	0,080
2	507	0	422	111	0,097
2	508	0	427	122	0,068
2	509	0	482	151	0,093
2	510	0	453	169	0,098
2	511	1	345	116	0,093
2	512	1	356	112	0,127
2	513	1	350	129	0,115
2	514	1	312	146	0,082
2	515	1	241	80	0,054
2	516	1	397	105	0,085
2	517	1	327	85	0,085
2	518	1	392	109	0,074
2	519	1	393	123	0,083
2	520	1	260	89	0,065
2	521	1	278	84	0,072
2	522	1	420	192	0,108
2	523	1	505	169	0,095
2	524	2	399	102	0,063
2	525	2	257	90	0,046

**Tabelle 5.21** Fortsetzung

Sorte	Pflanzen-ID	Behandlung	FGS [mg]	FGW [mg]	M_Volumen [cm <sup>3</sup> ]
2	526	2	447	128	0,099
2	527	2	158	124	0,086
2	528	2	306	92	0,053
2	529	2	372	124	0,063
2	530	2	506	115	0,086
2	531	2	426	109	0,050
2	532	2	312	89	0,042
2	533	2	389	111	0,069
2	534	2	394	93	0,067
2	535	3	250	128	0,121
2	536	3	371	192	0,174
2	537	3	357	194	0,167
2	538	3	366	176	0,212
2	539	3	319	145	0,142
2	540	3	326	130	0,164
2	541	3	225	109	0,064
2	542	3	435	205	0,157
2	543	3	398	191	0,165
2	544	3	368	150	0,126
2	545	3	390	154	0,172
2	546	3	408	196	0,182
3	300	0	433	134	0,075
3	301	0	423	150	0,053
3	302	0	338	122	0,076
3	303	0	432	173	0,047
3	304	0	377	138	0,050
3	305	0	378	123	0,057
3	306	0	296	99	0,034
3	307	0	348	104	0,053
3	308	0	474	143	0,050
3	309	0	420	134	0,055
3	310	0	291	81	0,052
3	311	1	423	161	0,076
3	312	1	366	135	0,049
3	313	1	335	143	0,082
3	314	1	301	140	0,076
3	315	1	289	134	0,051
3	316	1	422	154	0,064
3	317	1	423	133	0,036
3	318	1	440	171	0,033
3	319	1	441	189	0,053

**Tabelle 5.21** Fortsetzung

Sorte	Pflanzen-ID	Behandlung	FGS [mg]	FGW [mg]	M_Volumen [cm <sup>3</sup> ]
3	320	1	304	128	0,051
3	321	1	335	119	0,058
3	322	1	276	120	0,039
3	323	2	311	110	0,054
3	324	2	378	102	0,076
3	325	2	292	91	0,033
3	326	2	367	94	0,047
3	327	2	326	102	0,062
3	328	2	387	167	0,055
3	329	2	368	146	0,043
3	330	2	433	149	0,054
3	331	2	434	135	0,051
3	332	2	392	126	0,040
3	333	2	426	134	0,058
3	334	2	354	106	0,055
3	335	2	427	116	0,034
3	336	3	342	147	0,098
3	337	3	280	113	0,061
3	338	3	348	162	0,119
3	339	3	331	189	0,056
3	340	3	446	236	0,130
3	341	3	354	204	0,094
3	342	3	425	264	0,126
3	343	3	378	188	0,075
3	344	3	416	157	0,106
3	345	3	410	193	0,098
3	346	3	418	181	0,118
3	347	3	396	215	0,113
4	400	0	357	116	0,053
4	401	0	381	124	0,051
4	402	0	390	124	0,094
4	403	0	523	185	0,097
4	404	0	331	139	0,041
4	405	0	320	164	0,058
4	406	0	455	166	0,062
4	407	0	304	96	0,033
4	408	0	363	112	0,076
4	409	0	422	121	0,055
4	410	0	466	139	0,089
4	411	0	502	154	0,093

**Tabelle 5.21** Fortsetzung

Sorte	Pflanzen-ID	Behandlung	FGS [mg]	FGW [mg]	M_Volumen [cm <sup>3</sup> ]
4	412	1	204	48	0,051
4	413	1	261	150	0,046
4	414	1	326	101	0,055
4	415	1	417	210	0,075
4	416	1	339	154	0,058
4	417	1	291	168	0,060
4	418	1	223	119	0,065
4	419	1	317	183	0,072
4	420	1	307	113	0,064
4	421	1	347	159	0,068
4	422	1	281	142	0,062
4	423	2	312	107	0,034
4	424	2	310	78	0,058
4	425	2	373	143	0,060
4	426	2	416	144	0,048
4	427	2	343	166	0,050
4	428	2	310	144	0,035
4	429	2	368	156	0,034
4	430	2	363	130	0,055
4	431	2	343	84	0,036
4	432	2	380	125	0,041
4	433	2	414	196	0,051
4	434	3	252	130	0,074
4	435	3	258	106	0,080
4	436	3	340	192	0,103
4	437	3	348	193	0,091
4	438	3	294	166	0,099
4	439	3	314	190	0,066
4	440	3	332	198	0,051
4	441	3	181	136	0,046
4	442	3	280	141	0,092
4	443	3	287	241	0,074
4	444	3	310	138	0,085
5	1	0	368	112	0,075
5	2	0	353	119	0,069
5	3	0	390	135	0,076
5	4	0	318	135	0,064
5	5	0	404	125	0,071
5	6	0	421	117	0,090

**Tabelle 5.21** Fortsetzung

Sorte	Pflanzen-ID	Behandlung	FGS [mg]	FGW [mg]	M_Volumen [cm <sup>3</sup> ]
5	7	0	331	111	0,064
5	8	0	278	106	0,060
5	9	0	240	93	0,057
5	10	0	275	120	0,069
5	11	0	341	121	0,107
5	12	1	325	119	0,098
5	13	1	306	104	0,077
5	14	1	342	128	0,082
5	15	1	341	179	0,094
5	16	1	316	111	0,078
5	17	1	193	96	0,064
5	18	1	195	95	0,071
5	19	1	235	99	0,068
5	20	1	362	132	0,113
5	21	1	211	88	0,066
5	22	1	298	96	0,071
5	23	2	346	90	0,077
5	24	2	359	103	0,057
5	25	2	335	86	0,044
5	26	2	475	167	0,062
5	27	2	382	98	0,049
5	28	2	304	96	0,054
5	29	2	308	120	0,037
5	30	2	367	104	0,051
5	31	2	398	132	0,069
5	32	2	349	128	0,063
5	33	2	362	125	0,052
5	34	3	392	188	0,174
5	35	3	286	164	0,118
5	36	3	293	194	0,085
5	37	3	338	198	0,126
5	38	3	264	157	0,129
5	39	3	370	261	0,176
5	40	3	343	214	0,158
5	41	3	171	123	0,081
5	42	3	228	183	0,121
5	43	3	310	214	0,187
5	44	3	343	232	0,154

**Tabelle 5.21** Fortsetzung

Sorte	Pflanzen-ID	Behandlung	FGS [mg]	FGW [mg]	M_Volumen [cm <sup>3</sup> ]
6	601	0	418	152	0,060
6	602	0	607	189	0,055
6	603	0	716	214	0,134
6	604	0	742	195	0,132
6	605	0	656	170	0,107
6	606	0	524	165	0,095
6	607	0	479	141	0,101
6	608	0	501	149	0,073
6	609	0	590	202	0,084
6	610	0	487	190	0,110
6	611	0	428	129	0,077
6	612	1	417	120	0,076
6	613	1	240	98	0,053
6	614	1	280	144	0,055
6	615	1	460	173	0,102
6	616	1	454	199	0,087
6	617	1	584	230	0,093
6	618	1	613	191	0,096
6	619	1	616	232	0,130
6	620	1	621	307	0,097
6	621	1	356	205	0,105
6	622	1	459	166	0,123
6	623	1	467	153	0,111
6	624	2	470	142	0,058
6	625	2	430	129	0,055
6	626	2	360	99	0,059
6	627	2	329	107	0,080
6	628	2	438	150	0,056
6	629	2	573	171	0,085
6	630	2	552	185	0,072
6	631	2	563	236	0,089
6	632	2	456	153	0,071
6	633	2	506	208	0,073
6	634	3	400	125	0,138
6	635	3	512	200	0,184
6	636	3	595	248	0,213
6	637	3	571	202	0,085
6	638	3	404	165	0,164

**Tabelle 5.21** Fortsetzung

<b>Sorte</b>	<b>Pflanzen-ID</b>	<b>Behandlung</b>	<b>FGS [mg]</b>	<b>FGW [mg]</b>	<b>M_Volumen [cm<sup>3</sup>]</b>
<b>6</b>	639	3	474	259	0,120
<b>6</b>	640	3	579	265	0,149
<b>6</b>	641	3	539	229	0,163
<b>6</b>	642	3	456	229	0,220
<b>6</b>	643	3	418	237	0,159

Die Pflanzen-ID identifiziert das jeweilige biologische Replikat. Die Behandlungen wurden wie folgt codiert: 0=Kontrolle, 1=PEG-Zusatz, 2=Phosphatmangel und 3=Nitratmangel.

## 6. Literaturverzeichnis

**Abel A, Ticconi CA, Delatorre CA. (2002).** Phosphate sensing in higher plants. *Physiologia Plantarum* **115**, 1–8.

**Ahmed IM, Dai H, Zheng W, Cao F, Zhang G, Sun D, Wu F. (2013).** Genotypic differences in physiological characteristics in the tolerance to drought and salinity combined stress between Tibetan wild and cultivated barley. *Plant Physiology and Biochemistry* **63**, 49–60.

**Appel (Hrsg.). (2011).** Besondere Ernte- und Qualitätsermittlung (BLE), Reihe: Daten-Analysen. Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz, Referat 123, Bonn.

**Bacher J, Pöge A, Wenzig K. (2010).** Clusteranalyse: Anwendungsorientierte Einführung in Klassifikationsverfahren, 3. Auflage, 339 ff. Oldenbourg Wissenschaftsverlag GmbH.

**Bartels D und Sunkar R. (2005).** Drought and salt tolerance in plants. *Critical Reviews in Plant Sciences* **24**, 23–58.

**Bates GH. (1937).** A device for the observation of root growth in the soil. *Nature* (London) **139**, 966–967.

**Battla D und Benech-Arnold RL. (2014).** Weed seed germination and the light environment: Implications for weed management. *Weed Biology and Management* **14**:2, 77–87.

**Benesch T. (2013).** Schlüsselkonzepte zur Statistik, 165ff. Springer-Verlag Berlin Heidelberg.

**Bengough AG, McKenzie BM, Hallett PD, Valentine TA. (2011).** Root elongation, water stress, and mechanical impedance: a review of limiting stress and beneficial root tip traits. *Journal of Experimental Botany* **62**:1, 59–68.

**Biswas J, Chowdhury B, Bhattacharya A, Mandal AB. (2002).** In vitro screening for increased drought tolerance in rice. *In Vitro Cellular & Developmental Biology - Plant* **38**, 525–530.

**Böhm W. (1979).** Methods of Studying Root Systems. Ecological Studies 33, Springer-Verlag Berlin Heidelberg New York.

**Bouma TJ, Nielsen KL, Koutstaal B. (2000).** Sample preparation and scanning protocol for computerised analysis of root length and diameter. *Plant and Soil* **218**, 185–196.

- Box JE und Johnson JW. (1986).** Minirhizotron Rooting Comparisons of Three Wheat Cultivars. In: Taylor HM (Hrsg.). (1987). Minirhizotron Observation Tubes: Methods and Applications for Measuring Rhizosphere Dynamics. *American Society of Agronomy*, ASA Special Publication Number **50**.
- Braugerstengemeinschaft (e.V.). (2010).** Verarbeitungsempfehlung der Braugerstengemeinschaft.([www.braugerstengemeinschaft.de/braugerstengemeinschaft/index.php?StoryID=105](http://www.braugerstengemeinschaft.de/braugerstengemeinschaft/index.php?StoryID=105), abgerufen am 01.08.14 um 21.27 Uhr).
- Bresinsky A, Körner C, Kadereit JW, Neuhaus G, Sonnewald U. (Hrsg.). (2008).** Lehrbuch der Botanik, 36. Auflage. Spektrum Akademischer Verlag Heidelberg.
- Burbach C, Markus K, Zhang Y, Schlicht M, Baluška F. (2012).** Photophobic behavior of maize roots. *Plant Signaling & Behavior* **7**:7, 874-878.
- Burton AL, Brown KM, Lynch JP. (2013).** Phenotypic Diversity of Root Anatomical and Architectural Traits in Zea Species. *Crop Science* **53**, 1042-1055.
- Clark RT, MacCurdy RB, Jung JK, Shaff JE, McCouch SR, Aneshansley DJ, Kochian LV. (2011).** Three-Dimensional Root Phenotyping with a Novel Imaging and Software Platform. *Plant Physiology* **156**, 455–465.
- Comeau A, Nodichao L, Collin J, Baum M, Samsatly J, Hamidou D, Langevin F, Laroche A, Picard E. (2010).** New approaches for the study of osmotic stress induced by polyethylene glycol (PEG) in cereal species. *Cereal Research Communications* **38**:4, 471-481.
- Cordell D, Drangert JO, White S. (2009).** The story of phosphorus: global food security and food for thought. *Global Environmental Change* **19**, 292–305.
- Courtois B, Audebert A, Dardou A, Roques S, Ghneim-Herrera T, Droc G, Frouin J, Rouan L, Gozé E, Kilian A, Ahmadi N, Dingkuhn M. (2013).** Genome-Wide Association Mapping of Root Traits in a Japonica Rice Panel. *PLOS ONE* **8**(11): e78037.
- Crider FJ. (1955).** Root-growth stoppage resulting from defoliation of grass; US Department of Agriculture Technical Bulletin 1102.
- Czado C und Schmidt T. (2011).** Mathematische Statistik, Statistik und ihre Anwendungen, 223ff. Springer-Verlag Berlin Heidelberg.
- De Smet I, White PJ, Bengough G, Dupuy L, Parizot B, Casimiro I, Heidstra R, Laskowski M, Lepetit M, Hochholdinger F, Draye X, Zhang H, Broadley MR, Peret B, Hammond JP, Fukaki H, Mooney S, Lynch JP, Nacry P, Schurr U, Laplaze L, Benfey P, Beeckman T, Bennetta M. (2012).** Analyzing Lateral Root Development: How to move forward. *The Plant Cell* **24**, 15–20.

**Deinzer R. (2007).** Allgemeine Grundlagen des wissenschaftlichen Arbeitens in der Medizin - Ein Leitfaden für die empirische Promotion und Habilitation, 1. Auflage, 42 ff. W. Kohlhammer GmbH Stuttgart.

**Deutscher Wetterdienst - DWD. (2014).** Deutscher Klimaatlas. (<http://www.dwd.de/klimaatlas>, abgerufen am 06.08.14 um 13:30 Uhr).

**Fahrmeir L, Hamerle A, Tutz G. (Hrsg.). (1996).** Multivariate statistische Verfahren, 2. Auflage, 450 f. de Gruyter & Co., Berlin, New York.

**Fang S, Yan X, Liao H. (2009).** 3D reconstruction and dynamic modeling of root architecture in situ and its application to crop phosphorus research. *The Plant Journal* **60**, 1096–1108.

**FAOSTAT (Food and Agriculture Organization of the United Nations, Statistikabruf). (2014).** (<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>, abgerufen am 22.05.14, 14:15 Uhr).

**Fayez KA und Bazaid SA. (2013).** Improving drought and salinity tolerance in barley by application of salicylic acid and potassium nitrate. *Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences* **13**, 45-55.

**Fitter AH. (1987).** An architectural approach to the comparative ecology of plant root systems. *New Phytologist* **106**, 61-77.

**Flannigan B. (1969).** Microflora of dried barley grain. *Transactions of the British Mycological Society* **53**:3, 371-379.

**Flavel RJ, Guppy CN, Tighe M, Watt M, McNeill A, Young IM. (2012).** Non-destructive quantification of cereal roots in soil using high-resolution X-ray tomography. *Journal of Experimental Botany*, **63**:7, 2503-2511.

**Foth HD. (1962).** Root and Top Growth of Corn. *Agronomy Journal* **54**, 49-52. (doi:10.2134/agronj1962.00021962005400010016x).

**Galkovskyi T, Mileyko Y, Bucksch A, Moore B, Symonova O, Price CA, Topp CN, Iyer-Pascuzzi AS, Zurek PR, Fang S, Harer J, Benfey PN, Weitz JS. (2012).** GiA Roots: Software for the high throughput analysis of plant root system architecture, *BMC Plant Biology* **12**:116.

**Gazzarrini S, Lejay L, Gojon A, Ninnemann O, Frommer WB, von Wirén N. (1999).** Three Functional Transporters for Constitutive, Diurnally Regulated and Starvation-Induced Uptake of Ammonium into Arabidopsis Roots. *The Plant Cell* **11**, 937–947.

**George EF, Hall MA, de Klerk G.(Hrsg.). (2008).** Plant Propagation by Tissue Culture: Volume 1. The Background. Springer Verlag.

**Giehl RFH, Gruber BD, von Wiren N. (2014).** It's time to make changes: modulation of root system architecture by nutrient signals. *Journal of Experimental Botany* **65**:3, 769–778.

**Glantz SA, Heinecke A, Köpcke W. (Hrsg.). (1997).** Biostatistik. Ein Fach für die Praxis, 231. Frankfurt a M: McGraw-Hill.

**Götz C, Fekete Á, Gebefuegi I, Forczek ST, Fuksová K, Li X, Englmann M, Gryndler M, Hartmann A, Matucha M, Schmitt-Kopplin P, Schröder P. (2007).** Uptake, degradation and chiral discrimination of N-acyl-D/L-homoserine lactones by barley (*Hordeum vulgare*) and yam bean (*Pachyrhizus erosus*) plants. *Analytical and Bioanalytical Chemistry* **389**, 1447-1457.

**Gregory PJ. (2006).** Plant Roots: Growth, activity and interactions with the soils. Blackwell Publishing Ltd.

**Gregory PJ. (2009).** Measuring root system architecture: Opportunities and challenges. International Symposium “Root Research and Applications” RootRAP, September 2009, Boku – Wien, Austria.  
(<http://asrr.boku.ac.at/fileadmin/files/RRcd/session07/oral/308.pdf>, abgerufen am 18.08.2014, 13:54 Uhr).

**Gruber BD, Giehl RFH, Friedel S, Wiren N. (2013).** Plasticity of the Arabidopsis root system under nutrient deficiencies. *Plant Physiology* **163**, 161–179.

**Gutjahr C und Paszkowski U. (2013).** Multiple control levels of root system remodeling in arbuscular mycorrhizal symbiosis. *Frontiers in Plant Science* **4**:204.

**Habte E, Müller LM, Shtaya M, Davis SJ, von Korff M. (2014).** Osmotic stress at the barley root affects expression of circadian clock genes in the shoot. *Plant, Cell and Environment* **37**, 1321–1337.

**Handels H. (2009).** Medizinische Bildverarbeitung: Bildanalyse, Mustererkennung und Visualisierung für die computergestützte ärztliche Diagnostik und Therapie, 2. Auflage, Vieweg+Teubner Verlag.

**Hargreaves CE, Gregory PJ, Bengough AG. (2009).** Measuring root traits in barley (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare* and ssp. *spontaneum*) seedlings using gel chambers, soil sacs and X-ray microtomography. *Plant and Soil* **316**:1-2, 285-297.

**Harwood WA, Bartlett J, Alves S, Perry M, Smedley M, Leyland N, Snape JW. (2009).** Barley transformation using Agrobacterium-mediated techniques. In: Jones HD und Shewry PR (Hrsg.). Transgenic Wheat, Barley and Oats: Production and Characterisation. *Methods in Molecular Biology* **478**:9, 137-147.

**Hatz B. (1997).** Untersuchungen der genetischen Diversität innerhalb der Gattung *Hordeum* mit molekularen Markertechniken. Herbert Utz Verlag Wissenschaft.

- Herder GD, van Isterdael G, Beeckman T, De Smet I. (2010).** The roots of a new green revolution. *Trends in Plant Science* **15**:11.
- Hilbricht T und Bartels D. (2003).** Das Geheimnis der Austrocknungstoleranz: Wiederauferstehungspflanzen. *Biologie in unserer Zeit* **33**, 91–99.
- Himmelbauer ML, Loiskandl W, Kastanek F. (2004).** Estimating length, average diameter and surface area of roots using two different Image analyses systems. *Plant and Soil* **260**, 111-120.
- Hodge A, Berta G, Doussan C, Marchan F, Crespi M. (2009).** Plant root growth, architecture and function. *Plant Soil* **321**, 153-187.
- Hünting K. (2007).** Entwicklung eines Ertragsprognosemodells für Sommergerste auf Landkreisebene basierend auf meteorologischen und phänologischen Daten. Dissertation Universität Bonn. (<http://hss.ulb.uni-bonn.de/2007/1158/1158.htm>, abgerufen am 20.07.2014 um 14:05 Uhr).
- Ingram PA, Zhu J, Shariff A, Davis IW, Benfey PN, Elich T. (2012).** High-throughput imaging and analysis of root system architecture in *Brachypodium distachyon* under differential nutrient availability. *Phil. Trans. R. Soc. B* **367**, 1559-1569.
- Iyer-Pascuzzi AS, Symonova O, Mileyko Y, Hao Y, Belcher H, Harer J, Weitz JS, Benfey PN. (2010).** Imaging and Analysis Platform for Automatic Phenotyping and Trait Ranking of Plant Root Systems. *Plant Physiology* **152**, 1148-1157.
- Jackson RB, Canadell J, Ehleringer JR, Mooney HA, Sala OE, Schulze ED. (1996).** A global analysis of root distributions for terrestrial biomes. *Oecologia* **108**, 389-411.
- Jahnke S, Menzel MI, van Dusschoten D, Roeb GW, Bühler J, Minwuyelet S, Blümler P, Temperton VM, Hombach T, Streun M, Beer S, Khodaverdi M, Ziemons K, Coenen HH, Schurr U. (2009).** Combined MRI–PET dissects dynamic changes in plant structures and functions. *The Plant Journal* **5**, 634-644.
- Kaspar TC und Ewing RP. (1997).** ROOTEDGE: Software for Measuring Root Length from Desktop Scanner Images. *Agronomy Journal* **89**:6, 932-940.
- Kirchhof, G. (1992).** Measurement of root length and thickness using a hand held computer scanner. *Field Crops Research* **29**, 79-88.
- Kutter S, Hartmann A, Schmid M. (2006).** Colonization of barley (*Hordeum vulgare*) with *Salmonella enteric* and *Listeria* spp. *FEMS Microbiology Ecology* **56**, 262–271.

- Le Marie C, Kirchgessner N, Marshall D, Walter A, Hund A. (2014).** Rhizoslides: paper-based growth System for non-destructive, high throughput phenotyping of root development by means of image analysis. *Plant Methods* **10**:13.
- Levitt J. (1980).** Responses of plants to environmental stresses, 2. Auflage, 93ff. Academic Press, New York.
- Li D, Rothballer M, Engel M, Hoser J, Schmidt T, Kuttler C, Schmid M, Schloter M, Hartmann A. (2011).** Phenotypic variation in *Acidovorax radialis* N35 influences plant growth promotion. *FEMS Microbiology Ecology* **79**:3, 751-762.
- Livesley SJ, Stacey CL, Gregory PJ, Buresh RJ. (1999).** Sieve size effects on root length and biomass measurements of maize (*Zea mays*) and *Grevillea robusta*. *Plant and Soil* **207**,183–193.
- Lobet G, Draye X, Perilleux C. (2013).** An online database for plant image analysis software tools. *Plant Methods* **9**:38.
- Lobet G, Pages L, Draye X. (2011).** A Novel Image-Analysis Toolbox Enabling Quantitative Analysis of Root System Architecture. *Plant Physiology* **157**, 29–39.
- López-Bucio J, Cruz-Ramirez A, Herrera-Estrella L. (2003).** The role of nutrient availability in regulating root architecture. *Current Opinion in Plant Biology* **6**, 280–287.
- Lynch J. (1995).** Root Architecture and Plant Productivity. *Plant Physiology* **109**, 7-13.
- Lynch JP und Brown KM. (2012).** New roots for agriculture: exploiting the root phenome. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* **367**:1595, 1598-1604.
- Lynch JP. (2011).** Root Phenomes for Enhanced Soil Exploration and Phosphorus Acquisition: Tools for Future Crops. *Plant Physiology* **156**, 1041–1049.
- Manschadi AM, Cristopher J, deVoil P, Hammer GL. (2006).** The role of root architectural traits in adaption of wheat to water-limited environments. *Functional Plant Biology* **33**, 823-837.
- McMichael BL und Quisenberry JE. (1993).** The impact of the soil environment on the growth of root system. *Environmental and Experimental Botany*, **33**:1, 53-61.
- Meier U. (2001).** Entwicklungsstadien mono- und dikotyler Pflanzen. BBCH Monografie, Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, 2. Auflage. ([www.jki.bund.de/fileadmin/dam\\_uploads/\\_veroeff/bbch/BBCH-Skala\\_deutsch.pdf](http://www.jki.bund.de/fileadmin/dam_uploads/_veroeff/bbch/BBCH-Skala_deutsch.pdf), abgerufen am 01.08.14 um 17:00 Uhr)
- Mengel K. (1979).** Ernährung und Stoffwechsel der Pflanze, 5. Auflage. Gustav Fischer Verlag Stuttgart, New York.

- Milberg P, Andersson L, Noronha A. (1996).** Seed germination after short-duration light exposure: implications for the photo-control of weeds. *Journal of Applied Ecology* **33**, 1469-1478.
- Munns R, James RA, Sirault XRR, Furbank RT, Jones HG. (2010).** New phenotyping methods for screening wheat and barley for beneficial responses to water deficit. *Journal of Experimental Botany* **61**:13, 3499–3507.
- Murashige T und Skoog F. (1962).** A revised medium for rapid growth and bio assays with tobacco tissue cultures. *Plant Physiology* **15**, 473-497.
- Nabors MW. (2007).** Botanik. Pearson Education Deutschland GmbH, 85.
- Narziß L und Back W. (2012).** Die Bierbrauerei, Band 1: Die Technologie der Malzbereitung, 8. Auflage, WILEY-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA.
- Ordon F, Friedt W, Scheurer K, Pellio B, Werner K, Neuhaus G, Huth W, Habekuss A, Graner A. (2004).** Molecular markers in breeding for virus resistance in barley. *Journal of Applied Genetics* **45**:2,145-59.
- Osmont KS, Sibout R, Hardtke CS. (2007).** Hidden Branches: Developments in Root System Architecture. *Annal Review of Plant Biology* **58**,93–113.
- Pacheco-Villalobos D und Hardtke CS. (2012).** Natural genetic variation of root system architecture from Arabidopsis to Brachypodium: towards adaptive value. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* **367**:1595, 1552-1558.
- Palmer TN. (2014).** More reliable forecasts with less precise computations: a fast-track route to cloud-resolved weather and climate simulators? *Philosophical Transactions of the Royal Society A* **372**.
- Pan J, Ye D, Wang L, Hua J, Zhao G, Pan W, Han N, Zhu M. (2004).** Root Border Cell Development is a Temperature-Insensitive and Al-Sensitive Process in Barley. *Plant Cell Physiology* **45**:6, 751–760.
- Pan WL, Bolton RP, Lundquist EJ, Hiller LK. (1998).** Portable rhizotron and colors scanner system for monitoring root development. *Plant and Soil* **200**, 107-112.
- Passioura JB. (2006).** The perils of pot experiments. *Functional Plant Biology* **33**:12, 1075–1079.
- Pèret B, Clement M, Nussaum L, Desnos T. (2011).** Root development adaption to phosphate starvation: better safe than sorry. *Trends in Plant Science* **16**:8.
- Perret JS, Al-Belushi ME, Deadman M. (2007).** Non-destructive visualization and quantification of roots using computed tomography. *Soil Biology and Biochemistry* **39**:2, 391-399.

**Pillen K. (2002).** Der Einsatz von DNA-Markern in der Genomforschung der Gerste unter besonderer Berücksichtigung der AB-QTL-Analyse. Shaker Verlag GmbH.

**Postma JA, Schurr U, Fiorani F. (2014).** Dynamic root growth and architecture responses to limiting nutrient availability: linking physiological models and experimentation. *Biotechnology Advances* **32**:1, 53-65.

**Ramakrishna N, Lacey J, Smith JE. (1991).** Effect of surface sterilization, fumigation and gamma irradiation on the microflora and germination of barley seeds. *International Journal of Food Microbiology* **13**, 47-54.

**Roycewicz P und Malamy JE. (2012).** Dissecting the effects of nitrate, sucrose and osmotic potential on *Arabidopsis* root and shoot system growth in laboratory assays. *Transactions of the Royal Society B* **367**, 1489-1500.

**Rudolf M und Kulisch W. (2008).** Biostatistik-Eine Einführung für Biowissenschaftler, 279ff. Addison-Wesley Verlag.

**Sánchez-Calderón L, Ibarra-Cortés ME, Zepeda-Jazo I. (2013).** Root Development and Abiotic Stress Adaptation, In: Vahdati K, Leslie C. (Hrsg.). Abiotic stress – Plant responses and applications in agriculture, Rijeka. *InTech*, 135–168.

**Sauermost R, Freudig D, (Redakteure). (1999).** Lexikon der Biologie. (<http://www.spektrum.de/lexikon/biologie/gerste/27616>, abgerufen am 01.08.14 18:05 Uhr)

**Schulz H, Postma JA, van Dusschoten D, Scharr H, Behnke S. (2012).** 3D Reconstruction of Plant Roots from MRI Images. In: Proceedings of the International conference on computer Vision Theory and Applications (VISAPP), Rome.

**Schuurman JJ und Goedewaagen MAJ. (1971).** Methods for the Examination of Root Systems and Roots. Centre for Agricultural Publishing and Documentation, Wageningen. (<http://edepot.wur.nl/218769>, abgerufen am 27.06.2014, 10:14 Uhr)

**Shaver GR und Billings WD. (1975).** Root Production and Root Turnover in a Wet Tundra Ecosystem, Barrow. *Ecology* **56**:2, 401-409.

**Shen J. (2013).** Characterization of drought stress regulator *CBF/DREB* genes in *Hordeum vulgare*: Expression analysis in ten different barley cultivars. Phd thesis, University of Bonn. (<http://hss.ulb.uni-bonn.de/2013/3274/3274.pdf>, abgerufen am 15.05.2014 um 16:15 Uhr)

**Skobeleva OV, Ktitorova IN, Agal'tsov KG. (2009).** Accelerated Root Growth Induced by Nitrate Deficit is related to Apoplast Acidification. *Russian Journal of Plant Physiology* **4**, 485-493.

**Smit AL, Bengough AG, Engels C, van Nordwijk M, Pellerin S, van de Geijn SC. (Hrsg.). (2000).** Root Methods: A Handbook. Springer-Verlag Berlin Heidelberg.

**Smit AL, Sprangers JFCM, Sablik PW, Groenwold J. (1994).** Automated measurement of root length with a three-dimensional high-resolution scanner and image analysis. *Plant and Soil* **158**, 145-149.

**Smith S und De Smet I. (2012).** Root System architecture: insights from *Arabidopsis* and cereal crops. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* **367**, 1441-1452.

**Smucker AJM, Ferguson JC, DeBruyn WP, Belford RK, Ritchie JT. (1987).** Image Analysis of Video-Recorded Plant Root Systems. In: Taylor H. (Hrsg.). Minirhizotron Observation Tubes: Methods and Applications for Measuring Rhizosphere Dynamics, 67–80.

**Spalding EP und Miller ND. (2013).** Image Analysis is driving a renaissance in growth measurement. *Current Opinion in Plant Biology* **16**, 100-104.

**Stein N, Perovic D, Kumlehn J, Pellio B, Stracke S, Streng S, Ordon F, Graner A. (2005).** The eukaryotic translation initiation factor 4E confers multiallelic recessive Bymovirus resistance in *Hordeum vulgare* (L.). *Plant Journal* **42**:6, 912-22.

**Szira F, Balint AF, Börner A, Galiba B. (2008).** Evaluation of Drought-Related Traits and Screening Methods at Different Developmental Stages in Spring Barley. *Journal of Agronomy and Crop Science* **194**, 334–342.

**Tanaka S, Yamauchi S, Kono S. (1995).** Easily accessible method for root length measurement using an image analysis system. *Japanese Journal of Crop Science* **64**:1, 144-147.

**Taylor HM, Huck MG, Klepper B, Lund ZF. (1970).** Measurement of soil-grown roots in a rhizotron. *Agronomy Journal* **62**, 807–809.

**Taylor HM. (1969).** The rhizotron at Auburn, Alabama, A plant root observation laboratory.  
(<http://aurora.auburn.edu/repo/bitstream/handle/11200/1968/1169CIRC.pdf?sequence=1>, abgerufen am 13.07.2014 um 12:51 Uhr)

**Teng W, Deng Y, Chen X, Xu X, Chen R, Lv Y, Zhao Y, Zhao X, He X, Li B, Tong Y, Zhang F, Li Z. (2013).** Characterization of root response to phosphorus supply from morphology to gene analysis in field-grown wheat. *Journal of Experimental Botany* **64**: 5, 1403–1411.

**Topp CN, Iyer-Pascuzzi AS, Anderson JT, Lee C, Zurek PR, Symonova O, Zheng Y, Bucksch A, Mileyko Y, Galkowsky T, Moore BT, Harer J, Edelsbrunner H, Mitchel-Olds T, Weitz JS, Benfey PN. (2013).** 3D phenotyping and quantitative trait locus mapping identify core regions of the rice genome controlling root architecture. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **110**:18, 1695-1704.

**Troll W. (1949).** Über die Grundbegriffe der Wurzelmorphologie. ([http://download.springer.com/static/pdf/934/art%253A10.1007%252FBF01253733.pdf?auth66=1404460320\\_16d816d7ca97189a5cec2a3ad32f6372&ext=.pdf](http://download.springer.com/static/pdf/934/art%253A10.1007%252FBF01253733.pdf?auth66=1404460320_16d816d7ca97189a5cec2a3ad32f6372&ext=.pdf), abgerufen am 30.06.2014 um 11:46 Uhr)

**Troughton A. (1956).** Studies on the growth of young grass plants with special reference to the relationship between the shoot and root systems. *Journal of British Grassland Society* **6**, 56–65.

**Ueda A, Kathiresan A, Inada M, Narita Y, Nakamura T, Shi W, Takabe T, Bennett J. (2004).** Osmotic stress in barley regulates expression of a different set of genes than salt stress does. *Journal of Experimental Botany* **55**, 2213–2218.

**Upchurch DR und Ritchie JT. (1984).** Battery-operated color video camera for root observation in mini-rhizotrons. *Agronomy Journal* **76**, 1015-1017.

**van Vuuren MMI, Robinson D, Griffiths BS. (1996).** Nutrient inflow and root proliferation during the exploitation of a temporally and spatially discrete source of nitrogen in soil. *Plant and Soil* **178**, 185-192.

**Verslues P E, Ober E S, Sharp R E. (1998).** Root Growth and Oxygen Relations at Low Water Potentials. Impact of Oxygen Availability in Polyethylene Glycol Solution. *Plant Physiology* **116**, 1403–1412.

**von Bothmer R, van Hintun T, Knüpfner H, Sato K. (Hrsg.). (1995).** An ecogeographical study of the genus *Hordeum*, 2. Auflage. Elsevier Science (B.V.), Netherlands.

**Waisel Y, Eshel A, Kafkafi U. (Hrsg.). (2002).** *Plant Roots - The Hidden Half*, 3. Auflage, Marcel Dekker Inc., New York.

**Watt M, Schneebeli K, Dong P, Wilson IW. (2009).** The shoot and root growth of *Brachypodium* and its potential as a model for wheat and other cereal crops. *Functional Plant Biology* **36**, 960–969.

**Wu Y und Cosgrove DJ. (2000).** Adaptation of roots to low water potentials by changes in cell wall extensibility and cell wall proteins. *Journal of Experimental Botany* **51**:350, WD Special Issue, 1543-1553.

**Yokawa K, Kagenishi T, Kawano T, Mancuso S, Baluška F. (2011).** Illumination of Arabidopsis roots induces immediate burst of ROS production. *Plant Signaling & Behavior* **6**:10, 1460–1464.

**York LM, Nord EA, Lynch JP. (2013).** Integration of root phenes for soil resource acquisition. *Frontiers in Plant Science* **4**:355.

**Yu P, White PJ, Hochholdinger F, Li C. (2014).** Phenotypic plasticity of the maize root system in response to heterogeneous nitrogen availability. *Planta* **240**, 667–678.

**Yuan ZY und Chen HYH. (2012).** A global analysis of fine root production as affected by soil nitrogen and phosphorus. *Proceedings of the Royal Society B* **279**, 3796–3802.

**Zheng Y, Gu S, Edelsbrunner H, Tomasi C, Benfey PN. (2011).** Detailed reconstruction of 3D plant root shape. *Proceedings of the 13th International Conference of Computer Vision*, 2026-2033.

**Zobel RW und Waisel Y. (2010).** A plant root system architectural taxonomy: A framework for root nomenclature. *Plant Biosystems* **144**:2, 507–512.

## 7. Abkürzungsverzeichnis

% (v/v)	Volumenprozent
% (w/v)	Gewichtsprozent
ANOVA	Varianzanalyse
atm	physikalische Atmosphäre
BBCH	Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Bundessortenamt und Chemische Industrie
BDP	Bundesverband Deutscher Pflanzenzüchter e. V.
BLE	Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
BMEL	Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
CLI	Command Line Interface
cm	Zentimeter
CT	Computer-Tomographie
df	Freiheitsgrade (degrees of freedom)
dH <sub>2</sub> O	demineralisiertes Wasser
DWD	Deutscher Wetterdienst
EDA	Explorative Datenanalyse
engl.	englisch
<i>et al.</i>	et alii
FGS	Frischgewicht des Sprosses
FGW	Frischgewicht der Wurzel
g	Gramm
GFP	Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e. V.
GiA Roots	General Image Analysis of Roots
GUI	Graphical User Interface
h	Stunden
IQR	Interquartilsabstand
ISRR	International Society for Root Research
K	Kontrolle
l	Liter
LED	Leuchtdiode

lwr	untere Grenze des 95% Konfidenzintervalls
M	arithmetisches Mittel
M	Molar
Max	Maximum
MD	Median
mg	Milligramm
min	Minuten
Min	Minimum
ml	Milliliter
mM	Millimolar
MRT	Magnetresonanz-Tomographie
MS	Murashige und Skoog
n	Anzahl
N	Gesamtanzahl
n.s.	nicht signifikant
n.s.	nicht signifikant
NM	Nitratmangel
p. a.	pro analysi (analysenrein)
PEG	Polyethylenglycol 8000
PM	Phosphatmangel
R	Spannweite (range)
r	Pearsonscher Korrelationskoeffizient
SD	Standardabweichung
SDW	steriles demineralisiertes Wasser
sig.	signifikant
Tukey-HSD	Tukey Honest Significance Differences
upr	obere Grenze des 95% Konfidenzintervalls
$\alpha$	Irrtumswahrscheinlichkeit, Signifikanzniveau
$\mu\text{E m}^{-2} \text{s}^{-1}$	photosynthetisch aktive Strahlung (PAR)
$\mu\text{M}$	Mikromolar

## 8. Tabellenverzeichnis

<b>Tabelle 2.1</b>	: Zusammensetzung der Mikroelement-Stammlösung	28
<b>Tabelle 2.2</b>	: Zusammensetzung der Makroelement-Stammlösungen	29
<b>Tabelle 2.3</b>	: Liste der verwendeten Sommergerstensorten mit Züchter	32
<b>Tabelle 2.4</b>	: Anzahl der Individuen pro Sorte und Behandlung	39
<b>Tabelle 2.5</b>	: Liste der GiA Roots Wurzelparameter mit Beschreibung	43
<b>Tabelle 3.1</b>	: Signifikante Unterschiede zur Kontrolle der Sorte Wisa	68
<b>Tabelle 3.2</b>	: Signifikante Unterschiede zur Kontrolle der Sorte LfL24727	70
<b>Tabelle 3.3</b>	: Signifikante Unterschiede zur Kontrolle der Sorte Barke	72
<b>Tabelle 3.4</b>	: Signifikante Unterschiede zur Kontrolle der Sorte Grace	74
<b>Tabelle 3.5</b>	: Signifikante Unterschiede zur Kontrolle der Sorte Braemar	76
<b>Tabelle 3.6</b>	: Signifikante Unterschiede zur Kontrolle der Sorte Tatum	78
<b>Tabelle 3.7</b>	: Strukturierte Darstellung der Ergebnisse der Tukey-HSD-Tests unter Kontrollbedingungen	85
<b>Tabelle 3.8</b>	: Strukturierte Darstellung der Ergebnisse der Tukey-HSD-Tests unter osmotischem Stress	90
<b>Tabelle 3.9</b>	: Strukturierte Darstellung der Ergebnisse der Tukey-HSD-Tests unter Phosphatmangel	95
<b>Tabelle 3.10</b>	: Strukturierte Darstellung der Ergebnisse der Tukey-HSD-Tests unter Nitratmangel	100
<b>Tabelle 3.11</b>	: Darstellung der Ähnlichkeitsgruppen	102
<b>Tabelle 3.12</b>	: Deskriptive Auswertung des Frischgewichts	105
<b>Tabelle 3.13</b>	: Ergebnisse der zweifaktoriellen Varianzanalyse des Frischgewichts von Wurzel und Spross	109
<b>Tabelle 3.14</b>	: Signifikante Ergebnisse des Tukey-HSD-Test von FGW und FGS	110

## 9. Abbildungsverzeichnis

<b>Abbildung 1.1</b>	: Züchtungszyklus - der lange Weg zur Sorte	11
<b>Abbildung 1.2</b>	: Anzahl der heißen Tage in Deutschland	13
<b>Abbildung 1.3</b>	: Niederschlagssumme im Sommer in Deutschland	14
<b>Abbildung 1.4</b>	: Vegetationsreport	16
<b>Abbildung 1.5</b>	: Schematische Darstellung der Wurzelarchitektur	21
<b>Abbildung 2.1</b>	: Kurzdarstellung der Vorgehensweise	33
<b>Abbildung 2.2</b>	: Bildaufnahme-Plattform	41
<b>Abbildung 2.3</b>	: Screenshot GiA Roots: das Skalierungstool	46
<b>Abbildung 2.4</b>	: Screenshot GiA Roots: die Bildbeschneidungsfunktion	47
<b>Abbildung 2.5</b>	: Screenshot GiA Roots: Binärisierungsprozedur durch Schwellwertbildung	47
<b>Abbildung 3.1</b>	: Keimung auf Filterpapier	54
<b>Abbildung 3.2</b>	: Keimung auf MS-Platten	54
<b>Abbildung 3.3</b>	: Darstellung der Keimlinge der Sorte <i>Grace</i>	55
<b>Abbildung 3.4</b>	: Vergleich des Wurzelwachstums bei Zugabe von PEG	57
<b>Abbildung 3.5</b>	: Beispiele Wurzelwachstum im axenischen System	58
<b>Abbildung 3.6</b>	: Wurzelsystem der Sorte <i>Grace</i>	59
<b>Abbildung 3.7</b>	: Vergleich der Keimungsversuche	61
<b>Abbildung 3.8</b>	: Repräsentative Wurzelbilder	63
<b>Abbildung 3.9</b>	: Vergleich der Verteilungen der Wurzelparameter unter Kontrollbedingungen	82
<b>Abbildung 3.10</b>	: Vergleich der Verteilungen der Wurzelparameter unter osmotischem Stress (PEG)	87
<b>Abbildung 3.11</b>	: Vergleich der Verteilungen der Wurzelparameter unter Phosphatmangel	91

<b>Abbildung 3.12 :</b>	Vergleich der Verteilungen der Wurzelparameter unter Nitratmangel	96
<b>Abbildung 3.13 :</b>	Kontrollpflanzen im BBCH-Stadium 12 bis 13	104
<b>Abbildung 3.14 :</b>	Vergleich der Verteilungen des FGW	107
<b>Abbildung 3.15 :</b>	Vergleich der Verteilungen des FGS	108
<b>Abbildung 3.16 :</b>	Zusammenhang von FGW und Wurzelvolumen in Abhängigkeit der Sorten	112
<b>Abbildung 3.17 :</b>	Zusammenhang von FGW und Wurzelvolumen in Abhängigkeit der Behandlungen	113
<b>Abbildung 4.1 :</b>	Anpassung der Wurzelarchitektur an das Phosphatangebot	124
<b>Abbildung 4.2 :</b>	Wurzelarchitektur von Arabidopsis	127

## 10. Formelverzeichnis

<b>Formel (1) :</b>	Berechnung der 95%-Konfidenzintervalle	50
<b>Formel (2) :</b>	Median der arithmetischen Mittel	52
<b>Formel (3) :</b>	Minimierung der Mahalanobis-Distanzen	52

## 11. Danksagung

Mein ganz besonderer Dank gilt Frau Prof. Dr. Dorothea Bartels für die Möglichkeit, die Dissertation in ihrer Arbeitsgruppe anzufertigen. Vielen herzlichen Dank für die Betreuung und das Vertrauen das Sie mir entgegengebracht haben.

Herrn Prof. Dr. Lukas Schreiber danke ich sehr für die Übernahme des Koreferats.

Ich danke auch den weiteren Mitgliedern der Prüfungskommission Herrn Prof. Dr. Michael Hofmann und Frau Prof. Dr. Barbara Reichert.

Ferner danke ich meinen Kollegen, besonders Christine Marikar, und der gesamten Arbeitsgruppe von Frau Prof. Dr. Dorothea Bartels für die schöne gemeinsame Zeit und die gute Zusammenarbeit.

Meiner im letzten Jahr verstorbenen Schwester Tanja danke ich für die Zeit mit ihr - du warst die größte Motivation in meinem Leben, trotz Schwierigkeiten immer wieder aufzustehen und weiterzumachen.

Meinen Eltern, Schwiegereltern und Freunden sowie meinem Mann und meinen lieben drei Kindern danke ich für die permanente Unterstützung - dafür danke ich euch von Herzen.

## **Ehrenwörtliche Erklärung**

Ich erkläre hiermit ehrenwörtlich, dass ich die vorliegende Arbeit selbständig angefertigt habe; die aus fremden Quellen direkt oder indirekt übernommenen Gedanken sind als solche kenntlich gemacht.

Die Dissertation wurde bisher keiner anderen Prüfungsbehörde vorgelegt und auch noch nicht veröffentlicht.

Bonn, den

---

(Tamara Schaprian)