

# Vergleichende Proteincharakterisierung deutscher Getreidelandsorten und moderner Sorten

Zur Erlangung des akademischen Grades einer

DOKTORIN DER NATURWISSENSCHAFTEN

(Dr. rer. nat.)

von der KIT-Fakultät für Chemie und Biowissenschaften  
des Karlsruher Instituts für Technologie (KIT)

genehmigte

DISSERTATION

von

M. Sc. Nora Jahn

1. Referentin: Prof. Dr. Katharina Scherf

2. Referent: Prof. Dr. Mirko Bunzel

Tag der mündlichen Prüfung: 08.05.2025



## EIDESSTATTLICHE VERSICHERUNG

Ich erkläre hiermit, dass ich die vorliegende Arbeit selbstständig verfasst habe und keine anderen als die angegebenen Hilfsmittel verwendet habe. Darüber hinaus erkläre ich, dass die Arbeit nicht anderweitig als Prüfungsarbeit oder als Dissertation bei einer anderen Fakultät verwendet wird oder wurde.

Karlsruhe, den 26.03.2025

Nora Jahn





## PUBLIKATIONSLISTE

Diese Arbeit wurde im Rahmen des Projekts „ReBIOdiscover“ (FKZ: 2819OE021) angefertigt. Die Förderung des Vorhabens erfolgte aus Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestags. Die Projektträgerschaft erfolgte über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau (BÖL) und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft. Während der Projektlaufzeit wurden Teile dieser Arbeit in jährlichen Projekttreffen und Zwischenberichten sowie einem Abschlussbericht präsentiert.

## PUBLIKATIONEN IN FACHZEITSCHRIFTEN (PEER-REVIEW)

**Jahn, N.,** Longin, C.F.H., Scherf, K.A., Geisslitz, S. (2023). No correlation between amylase/trypsin-inhibitor content and amylase inhibitory activity in hexaploid and tetraploid wheat species. *Current Research in Food Science*, 7, 100542.

Beitrag zur Publikation: Datenerfassung, Auswertung, Recherche, Methodik, Visualisierung, Schreiben - ursprünglicher Entwurf, Überprüfung und Bearbeitung.

**Jahn N.,** Konradl U., Fleissner K., Geisslitz S., Scherf K.A (2024). Protein composition and bread volume of German common wheat landraces grown under organic conditions. *Current Research in Food Science*, 9, 100871.

Beitrag zur Publikation: Konzeptionierung, Datenerfassung, Auswertung, Recherche, Methodik, Visualisierung, Schreiben - ursprünglicher Entwurf, Überprüfung und Bearbeitung.

**Jahn N.,** Geisslitz S., Konradl U., Fleissner K., Scherf K.A (2025). Amylase/trypsin-inhibitor content and inhibitory activity of German common wheat landraces and modern varieties do not differ. *npj Science of Food*, 9, 24.

Beitrag zur Publikation: Konzeptionierung, Datenerfassung, Auswertung, Recherche, Methodik, Visualisierung, Schreiben - ursprünglicher Entwurf, Überprüfung und Bearbeitung.

**Jahn N.,** Konradl U., Fleissner K., Geisslitz S., Scherf K.A (2025). Protein composition in ancient wheats is determined by ploidy level. *Journal of Cereal Science*, 123, 104185.

Beitrag zur Publikation: Konzeptionierung, Datenerfassung, Auswertung, Recherche, Methodik, Visualisierung, Schreiben - ursprünglicher Entwurf, Überprüfung und Bearbeitung.

## SONSTIGE PUBLIKATIONEN

Geißlitz S., **Jahn N.,** Scherf K.A (2024). Amylase/Trypsin-Inhibitoren und Weizensensitivität - Der Einfluss der Weizenzüchtung auf die Auslöser der Weizensensitivität. *chrom+foodFORUM*, 9, 4–6.

**Jahn N.,** Geißlitz S., Scherf K.A. (2025). Weizen im Wandel. *Ökologie & Landbau*, 1, 44-45.

## VORTRÄGE

Geisslitz S.; **Jahn N.**; Longin F, Scherf K.A. (2022): Inhibitory activity and content of amylase/trypsin-inhibitors in ancient and modern wheat species. *7th Cereals & Europe Spring Meeting*, Thessaloniki, Griechenland, 06.-08.04.2022.

**Jahn N.**; Geisslitz S.; Scherf K.A. (2022): Protein composition of landraces and modern grain varieties. *19<sup>th</sup> European Young Cereal Scientists and Technologists Workshop*, Valencia, Spanien, 05.-08.06.2022.

**Jahn N.**; Geißlitz S.; Scherf K.A. (2023): Immunreaktives Potential verschiedener Weizenlandsorten und moderner Sorten. *Arbeitstagung des Regionalverbandes Südwest der Lebensmittelchemischen Gesellschaft*, Karlsruhe, Deutschland, 28.-29.03.2023.

**Jahn N.**, Geisslitz S, Scherf K.A. (2024). Immunoreactive potential of German common wheat landraces. *8th Cereals & Europe Spring Meeting*; Zagreb, Kroatien, 10.-12.04.2024

Geißlitz S.; **Jahn N.**, Scherf K.A. (2024): Weizensensitivität und Amylase/Trypsin-Inhibitoren - Hatte die Weizenzüchtung einen Einfluss? *52. Deutsche Lebensmittelchemietage*; Freising, Deutschland, 16.-18.09.2024.

**Jahn N.**, Geißlitz S., Scherf K.A. (2024): Weizen im Wandel: Haben Landsorten weniger immunreaktive Inhaltsstoffe und eine bessere Verträglichkeit als moderne Sorten? *17. Wissenschaftliches Symposium des Verbands der Getreide-, Mühlen- und Stärkewirtschaft VGMS e.V.*, Würzburg, Deutschland, 05.-06.11.2024.

## POSTERBEITRÄGE

**Jahn N.**; Geißlitz S.; Scherf K.A. (2021): Zusammenhang zwischen Aktivität und Gehalt von Amylase/Trypsin-Inhibitoren in verschiedenen Weizenarten; Warm-up Veranstaltung der AG JLC für die *Arbeitstagung der Regionalverbände der Lebensmittelchemischen Gesellschaft*, online, März 2021.

**Jahn N.**; Geißlitz S.; Scherf K.A. (2022): Proteinzusammensetzung in Weizenlandsorten und modernen Sorten; *50. Deutscher Lebensmittelchemikertag*, Hamburg, September 2022.

# INHALTSVERZEICHNIS

ABKÜRZUNGSVERZEICHNIS.....	VIII
EIN-BUCHSTABEN-CODE FÜR AMINOSÄUREN .....	X
ZUSAMMENFASSUNG .....	XI
SUMMARY .....	XII
1 EINLEITUNG .....	1
1.1 WEIZEN, ROGGEN UND GERSTE.....	1
1.2 GETREIDEPROTEINE .....	3
1.2.1 GLUTEN .....	4
1.2.2 AMYLASE/TRYPSIN-INHIBITOREN .....	6
1.3 WEITERE INHALTSSTOFFE .....	9
1.4 BACKQUALITÄT .....	11
1.5 GETREIDELANDSORTEN .....	12
1.6 GETREIDEASSOZIIERTE KRANKHEITEN.....	15
1.6.1 WEIZENALLERGIE .....	15
1.6.2 ZÖLIAKIE .....	16
1.6.3 NICHT-ZÖLIAKIE-WEIZENSENSITIVITÄT .....	17
1.7 PROTEINANALYTIK.....	18
1.7.1 PROTEINZUSAMMENSETZUNG.....	18
1.7.2 AMYLASE/TRYPSIN-INHIBITOREN .....	20
1.7.2.1 GEHALT UND ZUSAMMENSETZUNG .....	20
1.7.2.2 AKTIVITÄT .....	22
2 ZIELSETZUNG.....	24
3 ERGEBNISSE UND DISKUSSION .....	25
3.1 WEICHWEIZEN .....	25
3.1.1 PROTEINGEHALT .....	25
3.1.2 VERGLEICH PROTEINGEHALT NACH DUMAS UND NACH OSBORNE .....	28
3.1.3 PROTEINZUSAMMENSETZUNG .....	29
3.1.4 GLUTENPROTEINZUSAMMENSETZUNG.....	33
3.1.5 BROTVOLUMEN.....	36
3.1.6 AMYLASE/TRYPSIN-INHIBITOREN .....	39
3.1.6.1 GEHALT .....	39

3.1.6.2 ZUSAMMENSETZUNG .....	42
3.1.6.3 INHIBITORISCHE AKTIVITÄT .....	46
3.1.7 GESAMTSTÄRKE .....	50
3.1.8 FODMAP-GEHALT.....	51
3.1.9 ZUSAMMENFASSENDE DISKUSSION .....	52
3.2 WEITERE WEIZENARTEN .....	56
3.2.1 PROTEINGEHALT .....	56
3.2.2 VERGLEICH PROTEINGEHALT NACH DUMAS UND NACH OSBORNE .....	59
3.2.3 PROTEINZUSAMMENSETZUNG.....	60
3.2.4 GLUTENPROTEINZUSAMMENSETZUNG .....	62
3.2.5 AMYLASE/TRYPsin-INHIBITOREN .....	64
3.2.5.1 GEHALT .....	64
3.2.5.2 ZUSAMMENSETZUNG .....	66
3.2.5.3 INHIBITORISCHE AKTIVITÄT .....	68
3.2.6 BROTVOLUMEN .....	70
3.2.7 ZUSAMMENFASSENDE DISKUSSION .....	72
3.3 ROGGEN .....	75
3.3.1 PROTEINGEHALT .....	75
3.3.2 PROTEINZUSAMMENSETZUNG.....	77
3.3.3 INHIBITORISCHE AKTIVITÄT .....	79
3.3.4 ZUSAMMENFASSENDE DISKUSSION.....	80
3.4 GERSTE .....	82
3.4.1 PROTEINGEHALT .....	82
3.4.2 PROTEINZUSAMMENSETZUNG.....	83
3.4.3 INHIBITORISCHE AKTIVITÄT .....	85
3.4.4 ZUSAMMENFASSENDE DISKUSSION.....	85
4 FAZIT UND AUSBLICK .....	87
5 EXPERIMENTELLER TEIL.....	89
5.1 PROBENSORTIMENT .....	89
5.2 CHEMIKALIEN UND ENZYME.....	91
5.3 PEPTIDSTANDARDS.....	92
5.4 PROTEINGEHALT .....	93
5.5 PROTEINZUSAMMENSETZUNG.....	93
5.5.1 PROTEINEXTRAKTION .....	93

5.5.2 QUANTIFIZIERUNG .....	94
5.6 GEHALT UND ZUSAMMENSETZUNG VON AMYLASE/TRYPsin-INHIBITOREN .....	96
5.6.1 EXTRAKTION DER AMYLASE/TRYPsin-INHIBITOREN .....	96
5.6.2 QUANTIFIZIERUNG .....	97
5.6.2.1 KALIBRIERUNG .....	98
5.6.2.2 AUSWERTUNG MIT SKYLINE.....	98
5.6.2.3 AUSWAHL DER PEPTIDE ZUR QUANTIFIZIERUNG.....	98
5.7 INHIBITORISCHE AKTIVITÄT VON AMYLASE/TRYPsin-INHIBITOREN.....	100
5.7.1 EXTRAKTION DER AMYLASE/TRYPsin-INHIBITOREN .....	100
5.7.2 MESSUNG DER FLUORESZENZ .....	100
5.8 BACKVERSUCHE .....	101
5.9 GESAMTSTÄRKE.....	101
5.10 FODMAP-GEHALT.....	101
5.11 INSTRUMENTELLE ANGABEN .....	102
5.12 STATISTISCHE ANALYSEN .....	103
6 LITERATURVERZEICHNIS.....	104
7 ANHANG .....	113
7.1 WEICHWEIZEN.....	113
7.2 WEITERE WEIZENARTEN .....	143
7.3 ROGGEN .....	157
7.4 GERSTE .....	159
7.5 METHODEN .....	160

## ABKÜRZUNGSVERZEICHNIS

ACN	Acetonitril
ANOVA	<i>Analysis of variance</i> (Varianzanalyse)
ATIs	Amylase/Trypsin-Inhibitoren
CAA	2-Chloracetamid
CM	Chloroform/Methanol
DAD	Dioden-Array-Detektor
DTT	Dithiothreitol
FA	<i>Formic acid</i> (Ameisensäure)
FODMAPs	Fermentierbare Oligo-, Di- und Monosaccharide und Polyole
GS	<i>Glutenin subunits</i> (Gluteninuntereinheiten)
HMW	<i>High-molecular-weight</i> (hochmolekular, hohes Molekulargewicht)
HLA	Humanes Leukozytenantigen
ICC	<i>International Association for Cereal Science and Technology</i>
IgE	Immunglobulin E
IS 1-22	Interner Standard 1-22
LC-MS/MS	<i>Liquid chromatography tandem mass spectrometry</i> (Flüssigkeitschromatographie-Tandem-Massenspektrometrie)
LMW	<i>Low-molecular-weight</i> (niedermolekular, niedriges Molekulargewicht)
LOD	<i>Limit of detection</i> (Nachweisgrenze)
LOQ	<i>Limit of quantitation</i> (Bestimmungsgrenze)
MMW	<i>Medium-molecular-weight</i> (mittleres Molekulargewicht)

m/z	Masse-zu-Ladungsverhältnis
NCWS	<i>Non-celiac wheat sensitivity</i> (Nicht-Zöliakie-Weizensensitivität)
P1-22	Peptid 1-22
PCA	<i>Principal component analysis</i> (Hauptkomponentenanalyse)
PWG	<i>Prolamin Working Group</i>
RP-HPLC	<i>Reversed-phase high-performance liquid chromatography</i> (Umkehrphasen-Hochleistungsflüssigkeitschromatographie)
TCEP	Tris(2-carboxyethyl)phosphin
TFA	<i>Trifluoroacetic acid</i> (Trifluoressigsäure)
TLR4	<i>Toll-like receptor 4</i>
TRIS	Tris(hdroxymethyl)aminomethan
WASI	Weizen-Amylase-Subtilisin-Inhibitor
WCI	Weizen-Chymotrypsin-Inhibitor
WDEIA	<i>Wheat-dependent exercise-induced anaphylaxis</i> (weizenabhängige anstrengungsinduzierte Anaphylaxie)
WTI	Weizen-Chymotrypsin-Inhibitor
WW14	Mittelwert der 14 Weichweizenlandsorten

## EIN-BUCHSTABEN-CODE FÜR AMINOSÄUREN

Alanin	A
Arginin	R
Asparagin	N
Asparaginsäure	D
Cystein	C
Glutaminsäure	E
Glutamin	Q
Glycin	G
Histidin	H
Isoleucin	I
Leucin	L
Lysin	K
Methionin	M
Phenylalanin	F
Prolin	P
Serin	S
Threonin	T
Tryptophan	W
Tyrosin	Y
Valin	V



## ZUSAMMENFASSUNG

Getreide leistet einen wichtigen Beitrag zur menschlichen Ernährung. Im Laufe der Züchtung wurden Ertragssteigerungen erzielt, Resistenzen gegenüber Schädlingen und Krankheiten verbessert und die Qualitätseigenschaften im Hinblick auf die Verarbeitung optimiert. Das gleichzeitig vermehrte Auftreten weizen- bzw. glutenbedingter Krankheiten wie Zöliakie, Weizenallergie und Nicht-Zöliakie-Weizensensitivität führte zur Aufstellung der Hypothese, dass die Züchtung zu einem erhöhten immunreaktiven Potential in Getreide geführt hat. Zu den potentiell immunreaktiven Inhaltsstoffen gehören unter anderem Gluten und Amylase/Trypsin-Inhibitoren (ATIs). Getreidelandsorten sind alte Sorten, die kaum züchterisch, sondern durch natürliche Selektion entstanden sind. Sie bieten viele Vorteile, sind beispielsweise lokal angepasst und weisen eine große genetische Vielfalt auf. Deshalb haben sie in den letzten Jahren immer mehr an Bedeutung gewonnen und werden teilweise schon in der Praxis verarbeitet. Vor diesem Hintergrund wurden verschiedene Mehle aus Weizen-, Roggen- und Gerstenlandsorten analytisch charakterisiert. Der Fokus war dabei auf der Proteanalytik. Der Gehalt und die Zusammensetzung des Glutens wurden untersucht, ebenso wie der Gehalt und die Zusammensetzung der ATIs sowie deren inhibitorische Aktivität gegen  $\alpha$ -Amylase. Zusätzlich wurde das Brotvolumen untersucht, da technologische Eigenschaften für den Einsatz von Landsorten von Bedeutung sind.

Alle Getreidelandsorten zeigten höhere Prolamin- und niedrigere Glutelinanteile als moderne Sorten. Daraus ergaben sich auch höhere Prolamin/Glutelin-Verhältnisse. Abgesehen davon waren sich Landsorten und moderne Sorten von Weichweizen, Roggen und Gerste sehr ähnlich. Landsorten von anderen Weizenarten wie beispielsweise Dinkel und Emmer zeigten charakteristische Eigenschaften anhand ihres Ploidiegrades. Die gewonnenen Erkenntnisse deuteten insgesamt nicht auf eine geringere immunreaktive Wirkung und damit auf keine bessere Verträglichkeit von Getreidelandsorten hin; jedoch wurden auch keine Nachteile identifiziert. Ähnliche Brotvolumina zeigten Chancen für den Einsatz in der Backindustrie. Immer mehr Menschen achten beim Kauf von Getreideprodukten auf Faktoren wie Regionalität, ökologischen Anbau und traditionelle Herstellungspraktiken. Die genetische Vielfalt der Landsorten stellt zudem eine große Chance für die Nutzung in weiteren Züchtungsprogrammen dar, um Sorten zu entwickeln, die sich an veränderte klimatische Bedingungen anpassen können. Dies ist besonders im Hinblick auf den Klimawandel interessant. Es bieten sich insgesamt viele Möglichkeiten für die Getreidelandsorten als Alternative zu den modernen Sorten. Für das vermehrte Auftreten von Krankheiten sind dementsprechend andere Faktoren verantwortlich. Hier existiert ein guter Verknüpfungspunkt für zukünftige Forschungen.

## SUMMARY

Cereals contribute significantly to human nutrition. In recent years, breeding has led to increased yields, improved resistance to pests and diseases and better quality characteristics with regard to processing. The simultaneous increase in the incidence of wheat- and gluten-related diseases such as celiac disease, wheat allergy and non-celiac wheat sensitivity has led to the hypothesis that breeding has led to an increased immunoreactive potential in cereals. Potentially immunoreactive ingredients include gluten and amylase/trypsin inhibitors (ATIs). Cereal landraces are old varieties that have not been extensively bred but developed by natural selection. They offer many advantages, for example they are locally adapted and have great genetic diversity. This is why they have become increasingly important in recent years and are already being used in some industrial applications. Against this background, various flours from wheat, rye and barley varieties were analytically characterized, with the focus being on protein analysis. The content and composition of gluten was examined, as well as the content and composition of ATIs and their inhibitory activity against  $\alpha$ -amylase. As technological properties are important for the use of landraces, the bread volume was also examined.

All cereal varieties showed higher prolamin and lower glutelin proportions than modern varieties. This also resulted in higher prolamin/glutelin ratios. Apart from this, landraces and modern varieties of common wheat, rye and barley were very similar. Landraces of other wheat species such as spelt and emmer showed characteristic properties based on their ploidy level. Overall, the findings did not indicate a lower immunoreactive effect and thus no better tolerance of landraces; but no disadvantages were identified either. Similar bread volumes show opportunities for use in the baking industry. More and more people are paying attention to factors such as local origin, organic cultivation and traditional production practices when buying cereal products. The genetic diversity of landraces also represents a great opportunity for use in further breeding programs to develop varieties that can adapt to changing climatic conditions. This is particularly interesting with regard to climate change. Overall, there are many opportunities for cereal landraces as an alternative to modern varieties. Accordingly, other factors are responsible for the increased occurrence of diseases. This provides a good link for future research.

# 1 EINLEITUNG

Getreide umfasst eine Vielzahl von Gattungen. Dazu gehören Weizen, Mais, Reis, Gerste, Hirse, Roggen und Hafer (Feuillet *et al.*, 2008). Getreide und Getreideprodukte gehören zu den wichtigsten Grundnahrungsmitteln des Menschen. Sie sind eine wichtige Quelle für Kohlenhydrate (einschließlich Ballaststoffe) und pflanzliche Proteine in der menschlichen Ernährung. Außerdem enthalten sie wichtige Vitamine und Mineralstoffe wie Thiamin, Folsäure, Eisen, Calcium und Selen. Ein wichtiger Nebenstrom besteht auch in der Verwendung als Tierfutter (Poutanen *et al.*, 2022).

Die Grüne Revolution hat zu einer raschen Entwicklung genetisch verbesserter Sorten geführt, die höhere Erträge und Resistenzen gegenüber Schädlingen aufwiesen (Feuillet *et al.*, 2008). Dieser Züchtungsprozess könnte aber auch zu einer Veränderung der Proteinzusammensetzung geführt haben. Im Zusammenhang mit dem vermehrten Auftreten von weizenbedingten Krankheiten wird deswegen vermutet, dass dies zu einem höheren immunreaktiven Potential der modernen Sorten geführt haben könnte (Scherf, 2019). Ebenso stellt der Klimawandel den Getreideanbau vor eine große Herausforderung. Faktoren wie Niederschläge, Temperaturen, Kohlenstoffdioxid- und Ozongehalt in der Luft sowie Unkrautwachstum können sich negativ auf das Wachstum und die Standfestigkeit der Getreidesorten auf dem Feld auswirken. Es besteht deswegen eine Notwendigkeit, die Pflanzen an die veränderten Umwelteinflüsse anzupassen, um die Nahrungsmittelversorgung zukünftiger Generationen zu gewährleisten (Ahmad *et al.*, 2024).

Des Weiteren gibt es immer mehr Menschen, denen beim Kauf von Getreideprodukten wie Brot neben funktionellen Inhaltsstoffen und nährwertbezogenen Angaben auch Regionalität und ökologischer Anbau wichtig sind (Kušar *et al.*, 2023). Um diesen Ansprüchen gerecht zu werden, ist es wichtig, nachhaltige Alternativen zu modernen Zuchtsorten zu finden.

## 1.1 WEIZEN, ROGGEN UND GERSTE

Weizen, Roggen und Gerste gehören zum Tribus *Triticeae* innerhalb der Familie der Süßgräser (*Poaceae*). Durch die enge phylogenetische Verwandtschaft ist es möglich durch Kreuzung fertile Hybride, wie zum Beispiel *Triticale* (eine Kreuzung aus Weizen und Roggen) zu erzeugen (Feuillet *et al.*, 2008). Alle drei Getreidegattungen gehören zu den glutenhaltigen Getreiden (Tatham und Shewry, 2008) und machen zusammen ca. ein Drittel der globalen Getreideproduktion aus (FAOSTAT, 2023).

Weizen (*Triticum*) umfasst mehrere Arten. Durch umfangreiche Selektions- und Züchtungsprozesse im Laufe der Zeit ist es schwierig, die Entstehung der einzelnen Weizenarten nachzuvollziehen. Das Weizengenom ist mehr als fünf Mal so groß wie das menschliche Genom was zu einer hohen Komplexität führt (The International Wheat Genome Sequencing Consortium, 2018). Die Weizenarten können in drei Gruppen unterteilt werden: diploide (A-Genom), tetraploide (A- und B-Genom) und hexaploide (A-, B- und D-Genom) Weizenarten. Am bekanntesten ist der hexaploide Weichweizen (*T. aestivum* ssp. *aestivum*). Ebenfalls zu den hexaploiden Arten gehört der Dinkel (*T. aestivum* ssp. *spelta*) und der Zwerg- bzw. Igelweizen (*T. aestivum* ssp. *compactum*). Zu den tetraploiden Arten gehören bekannte Arten wie der Emmer (*T. turgidum* ssp. *dicoccon*) und Hartweizen (*T. turgidum* ssp. *durum*), aber auch Khorasan-Weizen (*T. turgidum* ssp. *turanicum*) und Polnischer Weizen (*T. turgidum* ssp. *polonicum*) zählen dazu. Einkorn (*T. monococcum*) ist eine diploide Weizenart (Bálint *et al.*, 2000). Das A-Genom von Einkorn (A<sup>m</sup>A<sup>m</sup>) unterscheidet sich von dem A-Genom in den anderen Weizenarten (AA), da es eine andere Herkunft hat (*T. boeoticum* statt *T. urartu*). Einkorn war vermutlich die erste Weizenart, die vor ca. 10.000 Jahren im sogenannten „Fruchtbaren Halbmond“ in großem Umfang angebaut wurde und aus dem sich die weiteren Arten entwickelt haben (Feuillet *et al.*, 2008). Einkorn, Emmer, Khorasan-Weizen und Dinkel werden oft als „alte“ und Weichweizen und Hartweizen als „moderne“ (Geisslitz *et al.*, 2019, Shewry, 2018) bzw. hier zu besseren Unterscheidung als „neue“ Weizenarten bezeichnet.

Weizen wird hauptsächlich als Nahrung für den Menschen (ca. 50 %) und Tierfutter (ca. 30 %) genutzt (Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, 2024). Weichweizen und Hartweizen haben dabei die größte Bedeutung. Den weitaus größeren Anteil hat Weichweizen (95 %), welcher hauptsächlich zur Brotherstellung genutzt, und deswegen auch Brotweizen genannt wird. Hartweizen findet vor allem in der Herstellung von Teigwaren wie Nudeln Anwendung (Wieser *et al.*, 2020).

Bei Roggen (*Secale*) handelt es sich um eine diploide (RR) Getreideart, die ebenfalls im Fruchtbaren Halbmond das erste Mal in Erscheinung trat (Feuillet *et al.*, 2008). Er macht mit 0,4 % nur einen sehr geringen Teil der weltweiten Getreideproduktion aus (FAOSTAT, 2023). In Deutschland wurden im Jahr 2024 536.000 ha Roggen angebaut. In der Europäischen Union ist Deutschland der führende Produzent von Roggen. Über zwei Drittel des Roggens werden als Futtermittel genutzt (Statistisches Bundesamt, 2025). Als Lebensmittel sind neben Brot- und Backwaren auch andere Produkte aus Roggen erhältlich, wie z.B. Knäckebrot, Snacks und Frühstückscerealien.

Gerste (*Hordeum*) ist ebenfalls diploid (HH) und hat mit einem Anteil von fast 5 % an der gesamten Getreideproduktion einen zehnmal höheren Anteil als Roggen, was jedoch nur einem Fünftel des Weizenanteils entspricht (FAOSTAT, 2023). Je nach Form der Ähre kann zwischen zwei- und mehrzeiligen Gerstensorten unterschieden werden. Zweizeilige Sorten finden hauptsächlich in der Brauindustrie Anwendung. Mehrzeilige Sorten werden größtenteils als Tierfutter verwendet (Lukinac und Jukić, 2022). Im Gegensatz zu Weizen gibt es bei Roggen und Gerste keine weitere Unterteilung, sondern lediglich eine Vielzahl an unterschiedlichen Sorten.

Brotgetreidemehle (Weichweizen, Dinkel, Roggen) werden in Deutschland auf der Basis des Aschegehaltes in verschiedene Mehltypen eingeteilt. Die Mehltypen sind der Aschegehalt (Mineralstoffgehalt) in Gewichtsprozent in der Trockensubstanz multipliziert mit 1000. Die Typen unterscheiden sich bei den verschiedenen Getreiden. Bei Weizenmehl gibt es die Typen 405, 550, 812, 1050, 1600 und 1700. Dinkelmehl wird in die Typen 630, 812 und 1050 eingeteilt. Bei Roggenmehl wird zwischen den Typen 815, 997, 1150, 1370, 1740 und 1800 unterschieden. Je höher die Type ist, desto mehr wird vom Getreidekorn vermahlen. Der Mineralstoffgehalt ist am höchsten, wenn das ganze Korn vermahlen wird (Vollkornmehl) (Deutsches Institut für Normung, 1991).

### 1.2 GETREIDEPROTEINE

Der Gesamtproteingehalt von Getreide ist von genetischen Faktoren (Art, Sorte) und Umweltbedingungen (Boden, Klima, Dünger) abhängig und kann von weniger als 6 % bis über 20 % reichen (Wieser *et al.*, 2014). Weizen, Roggen und Gerste liegen in einem ähnlichen Bereich von typischerweise ca. 7-12 % (Rani *et al.*, 2021). Die niedrigsten Gehalte sind mit 5-13 % bei Roggen zu finden (Xhaferaj *et al.*, 2023a), die höchsten mit 9-20 % bei Gerste (Xhaferaj *et al.*, 2023b). Die Gehalte von Weichweizen (7-13 %), Dinkel (9-16 %), Hartweizen und Emmer (8-16 %) und Einkorn (9-14 %) liegen in einem mittleren Bereich (Geisslitz *et al.*, 2019, 2018b). Es gibt nicht nur Unterschiede im Proteingehalt, sondern auch in der Aminosäurezusammensetzung. So weisen Roggen- und Gerstenmehle im Vergleich zu Weizenmehl einen höheren Anteil an der limitierenden Aminosäure Lysin auf, was auch zu einer höheren biologischen Wertigkeit der Proteine von Roggen und Gerste führt.

Anhand ihrer Funktion können Getreideproteine in drei Gruppen eingeteilt werden: Strukturproteine, Stoffwechselproteine und Speicherproteine. Zu den Strukturproteinen gehören zum Beispiel Membranproteine. Enzyme und Enzyminhibitoren wie Amylase/Trypsin-

Inhibitoren (ATIs) sind Bestandteile der Stoffwechselproteine. Den größten Teil machen mit 70-80 % die Speicherproteine aus, zu denen die Glutenproteine gehören (Wieser *et al.*, 2014). Getreideproteine können alternativ auch aufgrund ihrer Löslichkeit unterschieden werden: Albumine, Globuline, Prolamine und Gluteline. Sie werden nach ihrem Entdecker auch Osborne-Fraktionen genannt. Albumine sind in Wasser löslich. Globuline sind unlöslich in reinem Wasser, aber löslich in Salzlösungen. Prolamine lösen sich in wässrigen Alkoholen. Gluteline können bedingt im Rückstand in verdünnten Säuren oder Basen gelöst werden. Die Prolamin- und Glutelinfraktion bilden zusammen das Gluten (Osborne, 1907).

### 1.2.1 GLUTEN

Weizen, Roggen und Gerste sind glutenhaltig. Gluten besteht aus monomeren Prolaminen und polymeren Glutelinen. Die Prolamine von Weizen werden als Gliadine bezeichnet, die Gluteline als Glutenine. Bei Roggen und Gerste gibt es jeweils einen Begriff für beide Fraktionen: Secaline (Roggen) und Hordeine (Gerste) (Scherf, 2019). Diese Fraktionen können noch weiter unterteilt werden. Die Benennung der einzelnen Fraktionen basiert uneinheitlich auf der elektrophoretischen Mobilität der Fraktionen ( $\omega$ ,  $\alpha$ , und  $\gamma$  sowie B, C und D) und den Unterschieden im Molekulargewicht. Hier wird zwischen niedermolekularen (*low-molecular-weight*, LMW) und hochmolekularen (*high-molecular-weight*, HMW) Fraktionen unterschieden. Anhand des Molekulargewichtes können sie auch in unterschiedliche Gruppen eingeteilt werden (Abbildung 1). Zur LMW Gruppe gehören die LMW-Gluteninuntereinheiten (*glutenin subunits*, GS) sowie  $\gamma$ - und  $\alpha$ -Gliadine,  $\gamma$ -75k- und  $\gamma$ -40k-Secaline und B- und  $\gamma$ -Hordeine. Die Proteine haben Molekulargewichte zwischen 28 und 35 kDa und bestehen aus ca. 300 Aminosäuren. Die  $\omega$ -Gliadine und  $\omega$ -Secaline sowie die C-Hordeine gehören zu den Fraktionen mit einem mittleren Molekulargewicht (*medium-molecular-weight*, MMW) von etwa 40-50 kDa und ca. 400 Aminosäuren. Die  $\omega$ -Gliadine können noch weiter unterschieden werden. Neben den  $\omega$ 5- und  $\omega$ 1,2-Gliadinen haben die  $\omega$ b-Gliadine eine Sonderstellung. Bei den  $\omega$ b-Gliadinen handelt es sich um gluteningebundene Gliadine, bei der ein Aminosäurerest durch einen Cysteinrest ersetzt wird, der über eine Disulfidbindung mit anderen Glutenproteinen verbunden ist. Dies ist der Grund, warum  $\omega$ b-Gliadine in der Gluteninfraktion erscheinen und nur nach Reduktion der Disulfidbindungen in Lösung gebracht werden können. Zur Gruppe HMW gehören die HMW-GS sowie die HMW-Secaline und die D-Hordeine (Wieser *et al.*, 2014, 2022). Proteine aus dieser Gruppe bestehen aus ca. 600-800 Aminosäuren und haben ein Molekulargewicht von 70-90 kDa.

Gruppe	Weizen	Roggen	Gerste
LMW	LMW-GS	$\gamma$ -75k-Secaline	B-Hordeine
	$\gamma$ -Gliadine	$\gamma$ -40k-Secaline	$\gamma$ -Hordeine
	$\alpha$ -Gliadine		
MMW	$\omega$ 1,2-Gliadine	$\omega$ -Secaline	C-Hordeine
	$\omega$ 5-Gliadine		
	$\omega$ b-Gliadine		
HMW	HMW-GS	HMW-Secaline	D-Hordeine

Abbildung 1. Glutenproteine von Weizen, Roggen und Gerste unterteilt in verschiedene Gruppen anhand ihres Molekulargewichtes. Inhalt zusammengefasst aus Lexhaller *et al.* (2019) und Wieser *et al.* (2022). GS: Gluteninuntereinheiten; HMW: hohes Molekulargewicht bzw. hochmolekulare; LMW: niedriges Molekulargewicht bzw. niedermolekulare; MMW: mittleres Molekulargewicht.

Die Bezeichnungen „Prolamine“ und „Gluteline“ kommen dadurch zustande, dass Glutenproteine hauptsächlich aus den Aminosäuren Glutamin und Prolin bestehen. Darüber hinaus kommen hydrophobe Aminosäuren wie Phenylalanin, Tyrosin und Leucin häufig vor. Eine Ausnahme bilden die repetitiven Sequenzen von Proteinen der HMW-Gruppe, die zusätzlich durch einen hohen Glycingehalt gekennzeichnet sind. Diese besondere Aminosäurezusammensetzung ist der Grund für die Immunreaktivität des Glutens. Normalerweise werden die Proteine aus der Nahrung durch die Enzyme des Magens, der Bauchspeicheldrüse und des Darms in Aminosäuren, Dipeptide und Tripeptide aufgespalten. Die aus prolinreichen Sequenzen bestehenden Glutenproteinabschnitte sind jedoch resistent gegen den enzymatischen Abbau im Magen-Darm-Trakt. Trypsin, das Peptidbindungen nach Lysin und Arginin spaltet, ist aufgrund der Knappheit dieser Aminosäuren unwirksam. Die Aktivitäten von Pepsin und Chymotrypsin, die in der Regel nach (Pepsin auch vor) hydrophoben Aminosäureresten spalten, sind ebenfalls eingeschränkt, da auf diese Reste häufig Prolin folgt und diese speziellen Peptidbindungen von Pepsin und Chymotrypsin kaum gespalten werden. So erreichen relativ lange Peptide die *Lamina propria* im Dünndarm, an der Immunreaktionen induziert werden, die zu verschiedenen weizenbedingten Krankheiten führen können (Scherf *et al.*, 2016).

### 1.2.2 AMYLASE/TRYPSIN-INHIBITOREN

ATIs sind Stoffwechselproteine und gehören zu den wasser- und salzlöslichen Albuminen und Globulinen, wobei auch geringe Mengen in den Gliadinen und Gluteninen nachgewiesen wurden (Reig-Otero *et al.*, 2018). Sie kommen unter anderem in Weizen, Roggen und Gerste vor. Sie dienen der Pflanze als Schutz vor Schädlingen indem sie exogene  $\alpha$ -Amylasen und Trypsin von verschiedenen Insekten und Säugetieren hemmen (Geisslitz *et al.*, 2022). Sie machen ca. 2-6 % des Gesamtproteingehalts von Weizen aus (Geisslitz *et al.*, 2020).

ATIs sind vergleichsweise kleine Proteine und bestehen aus Polypeptideinheiten mit einem Molekulargewicht von ca. 12-16 kDa. Es existieren mehrere Isoformen von ATIs, welche alle Abschnitte mit homologen Aminosäuresequenzen aufweisen (Abbildung 2). Darüber hinaus haben die meisten ATIs zehn Cysteinreste, welche fünf Disulfidbrücken ausbilden können. Diese Struktur führt zu einer hohen Stabilität gegenüber Verdau und Denaturierung. Im Gegensatz zu Gluten, haben ATIs eine ausgewogenere Aminosäurezusammensetzung und einen höheren Lysingehalt. Der Mangel an essenziellen Aminosäuren in Glutenproteinen kann so durch ATIs teilweise ausgeglichen werden. Sie stellen damit eine wichtige Nährstoffreserve für das Pflanzenwachstum und die menschliche Ernährung dar (Reig-Otero *et al.*, 2018). Die Namen der verschiedenen ATIs basieren auf ihrer elektrophoretischen Mobilität und ihrer Löslichkeit in Chloroform/Methanol (CM)-Mischungen. Anhand ihrer Struktur können sie in verschiedene Gruppen unterteilt werden. Die ersten drei Gruppen hemmen hauptsächlich die  $\alpha$ -Amylase verschiedener Spezies, ausgenommen die von Weizen. Der monomere Inhibitor 0.28 gehört zur ersten Gruppe. Zur zweiten Gruppe der dimeren Inhibitoren gehören 0.19 und 0.53. Die tetrameren Inhibitoren bilden die dritte Gruppe, zu der die CM-Proteine CM1, CM2, CM3, CM16 und CM17 gehören. Sie sind in der Lage auch andere Enzyme wie Papain und Subtilisin zu hemmen. Die vierte Gruppe umfasst die CMX-Proteine, die hauptsächlich Trypsin hemmen (Geisslitz *et al.*, 2021). Der Weizen-Amylase-Subtilisin-Inhibitor (WASI), der Weizen-Trypsin-Inhibitor (WTI) und der Weizen-Chymotrypsin-Inhibitor (WCI) werden keiner Gruppe zugeordnet, kommen aber bei einigen Arten ebenfalls vor (Altenbach *et al.*, 2011, Geisslitz *et al.*, 2020).



# 1 EINLEITUNG

0.28	-----MWMKTVFWGL-----	10
0.19	-----	
0.53	-----	
CMX1/3	-----MAFK~HOLI-----	8
CMX2	-----MAFK~HOLI-----	8
WCI	-----	
CM1	-----MASKSSISPL-----	10
CM2	-----MASKSSITHL-----	10
CM3	-----MACKSSCSLL-----	10
CM16	-----MASKSNCVLL-----	10
CM17	-----MASKSNYNLL-----	10
WASI	DPPPVHDTDGNELRADANYVLPANRAHGGGLTMAPGHGRRCPLFVSQEADGQRDGLPVRIA	62
WTI	-----EEA-----	3
0.28	-----LVFMLVATTMAVEYGARSHNSGFWSCNPFATGYKVS-ALTGCRAMV-KLQCVGS	62
0.19	-----SGPWM-CYPGQAFQVP-ALPACRPLL-RLQCNGS	31
0.53	-----SGPWM-CYPGQAFQVP-ALPACRPLL-KLQCNGS	31
CMX1/3	-----LSTAILLAVLAA-ASASF-REQCVPGREITYE-SLNARREYA-VRQTCGY	54
CMX2	-----LSTAILLAVLAA-ASASF-REQCVPGREITYE-SLNARREYA-VRQTCGY	54
WCI	-----TS-IYTCYEGVGLPVD-PLQGCHYYV-TSQTCTGF	31
CM1	-----LLATVLVSVFAA-ATATG--PYCYAGMGLPIN-PLGCREYV-AQQTCTGI	55
CM2	-----LLAAVLVSVFAA-AAATG--PYCYFGLMGLPN-PLGCREYV-AQQTCTGI	55
CM3	-----LLAAVLVSVLAA-A--SA-SGSCVPGVAFRTN-LLPHCRDYL-LQQTCTGT	54
CM16	-----LA-AVLVSIFAA-VAAIG-NEDCTPMMSTLIT-PLPSCRDYV-EQACRI	55
CM17	-----FT-ALLVFIFAA-VAAVG-NEDCTPWTSTLIT-PLPSCRNIV-EQACRI	55
WASI	PHGGAPSDKIIRLSTDVR-ISFRA-----YTCVQSTEWIHIDSELVSGRRHV-ITGPVRD	115
WTI	-----MPSAWPCCDECGTCTRMIPPRCTCMD	29
0.28	QV-----PEAVLRDCCQQLADINNEWCRCGDLSSMLRSVYOELG--	103
0.19	QV-----PEAVLRDCCQQLAHI-SEWCRCGALYSMLDSMYKEHG--	71
0.53	QV-----PEAVLRDCCQQLADI-SEWPRCGALYSMLDSMYKEHG--	71
CMX1/3	YL-----SAERQKRRCDELSKV-FELCWCEVLRLIMDRRVTKEG--	95
CMX2	YL-----SAERQKRRCDELSKV-FELCWCEVLRLIMDRRVTKEG--	95
WCI	VP-----LLPIEVMKDRCCRELAAI-SSNCRCEGLRVFIDRAFPPSQSQ	74
CM1	SISGSAVS-----TEPGNTPRDRCCKELYDA-SQHCRCCEAVRYFIGRR-----	103
CM2	GIVGSPVS-----TEPGNTPRDRCCKELYDA-SQHCRCCEAVRYFIGRT-----	103
CM3	FTPGSKLPEWMTSA--SIYSPGKPYLAKLYCCQELAEI-SQCCRCCEALRYFIALPVPSQFPVD	113
CM16	-----ETPGSPYLAKQCCGELANI-PQQCRCQALRYFMGPK-----	97
CM17	-----EMFGPPYLAKQCCGELANI-PQQCRCQALRYFMGPK-----	97
WASI	PSPSGRENAFRIEKYSGAEVHEYKLMA CGDSCQDLGVFRDLK--G--GAWFLGATEPYHV--	173
WTI	VSPSGC-----HPACKNC-VQTTLG--GRDVFWCMLRIENFC---	66
0.28	--VREG--KEVLPGCRKEVMKLTAA--VPEVCVKPIPNPSGDRAGVCYGDWAAYPDV	153
0.19	--AQEGQAGTGAFRCRREVVKLTAA--ITAVCRLPIVVDASGDGAYVCKDVAAYPDA	124
0.53	--VSEGQAGTGAFRCRREVVKLTAA--ITAVCRLPIVVDASGDGAYVCKDVAAYPDA	124
CMX1/3	---VVKGSLLQDMSRCKKL-TREFIAGIVGRE-----	121
CMX2	---VVKGSLLQDMSRCKKL-TREFIAGIVGRE-----	121
WCI	--GGGPPQ--PPLAPRCPTEVKRDFAITLALPGCCNLPTIHGGPYCVFP-----	119
CM1	--SDPNSVLKDLFGCPREPQRDFAKVLVTSGHCCNVMTVHNAPYCLGLDI-----	145
CM2	--SDPNSGVLKDLFGCPREPQRDFAKVLVTPGHCCNVMTVHNTPYCLGLDI-----	145
CM3	PRSGNVGESGLIDLPCCPREMQWDFVRLVAPGCCNLATIHNVRYCPAVEQPLWI-----	168
CM16	--SRPDQSGLMELFGCPREVQMFVRILVTPGYCNLTTVHNTFYCLAMEESQWS-----	143
CM17	--SRPDQSGLMELFGCPREVQMFVPILVTPGYCNLTTVHNTFYCLAMEESQWS-----	143
WASI	-----VVFKKAPPA-----	180
WTI	-----KRRCTPAR-----	71

Abbildung 2. Aminosäuresequenzen von 13 Amylase/Trypsin-Inhibitoren dargestellt mit Clustal Omega (Madeira *et al.*, 2024). Die Zahlen geben die Anzahl der Aminosäuren an. Die Cysteine sind lila eingefärbt. Homologe Teile der Aminosäuresequenzen sind für 0.28, 0.19 und 0.53 grün gefärbt, für CMX1/3 und CMX2 rosa, für CM1 und CM2 gelb und für CM16 und CM17 blau. CM3 hat homologe Sequenzen zu CM1 und CM2 und CM16 und CM17. CM: Chloroform/Methanol; WASI: Weizen-Amylase-Subtilisin-Inhibitor; WCI: Weizen-Chymotrypsin-Inhibitor; WTI: Weizen-Trypsin-Inhibitor.

Die hohe Stabilität gegenüber Verdau und Denaturierung ermöglicht es den ATIs bis in den Dünndarm zu gelangen. Dort können sie an einen spezifischen Rezeptor binden und zu Immunreaktionen führen (siehe Kapitel 1.6). Unter diesem Vorgang wird die Bioaktivität von ATIs verstanden. Die Bioaktivitäten von Weichweizen und Roggen sind sich sehr ähnlich, die von Gerste ist sogar um einiges höher. Die Bioaktivitäten von Dinkel und Khorasan-Weizen sind etwas geringer. Emmer und Einkorn weisen weniger als die Hälfte der Bioaktivität von Weichweizen auf (Zevallos *et al.*, 2017). ATIs können aber auch durch eine direkte Wirkung zu intestinalen Beschwerden führen. Durch die Fähigkeit die Verdauungsenzyme Amylase und Trypsin (auch von Menschen) zu hemmen, kommt es zu unzureichend verdauten Nahrungsbestandteilen. Ein unvollständiger Abbau von Stärke durch Amylase kann im Dickdarm zu Gasbildung und in der Folge zu Blähungen und Bauchschmerzen führen. Der verringerte Abbau von Proteinen durch Trypsin hingegen, könnte deren allergenes Potential erhöhen, da immunreaktive Epitope weiterhin vorhanden sind (Geisslitz *et al.*, 2022).

Die Bioaktivität und die inhibitorische Aktivität von ATIs hängen nicht zwangsläufig mit deren Gehalt zusammen (Jahn *et al.*, 2023). Mit ca. 5 mg/g ist der Gehalt in Dinkel von allen Weizenarten am höchsten. Emmer- und Weichweizensorten haben Gehalte von etwa 4 mg/g, Hartweizensorten mit 3,5 mg/g etwas weniger. In Einkorn können in den meisten Sorten keine ATIs nachgewiesen werden (Geisslitz *et al.*, 2020). Dies ist vermutlich darauf zurückzuführen, dass die Gene, die für die meisten ATIs codieren, auf den Chromosomen des B- und D-Genoms liegen, welche bei Einkorn fehlen, da es sich um eine diploide Art handelt (Reig-Otero *et al.*, 2018). Zu den Gehalten von ATIs in Roggen und Gerste gibt es aktuell keine Studien. Die ATIs, welche in Weizen vorkommen, sind nicht in Roggen und Gerste zu finden, allerdings gibt es Homologien in den Aminosäuresequenzen (Iulek *et al.*, 2000).

Durch Sauerteigfermentation können ATIs im Endprodukt abgebaut werden (Huang *et al.*, 2020). Neben der Züchtung von ATI-armen Sorten, stehen auch gentechnische Methoden für die Reduktion von ATIs zur Verfügung (Camerlengo *et al.*, 2020, Kalunke *et al.*, 2020), die jedoch aktuell in der Europäischen Union nicht zugelassen sind. Da ATIs der Weizenpflanze als Schädlingsabwehr dienen, ist es jedoch fraglich inwieweit eine Verringerung des ATI-Gehaltes bzw. der Aktivität sinnvoll ist.

### 1.3 WEITERE INHALTSSTOFFE

Obwohl Weizen, Roggen und Gerste wichtige Quellen für pflanzliche Proteine sind, haben Kohlenhydrate den größten Anteil. Eine Übersicht über einige Inhaltsstoffe von Weizen, Roggen und Gerste (Tabelle 1) zeigt nur geringe Unterschiede in der Zusammensetzung.

Tabelle 1. Ausgewählte Inhaltsstoffe von Weizen, Roggen und Gerste (jeweils das ganze Korn) in g/100 g. Daten zusammengefasst aus Souci *et al.* (2016).

	<b>Weizen</b>	<b>Roggen</b>	<b>Gerste</b>
Wasser	12,6	13,7	12,2
Protein	10,6	8,8	10,4
Fett	1,8	1,7	2,1
Kohlenhydrate	59,6	60,7	63,3
Ballaststoffe	13,3	13,2	9,8
Mineralstoffe	1,7	1,9	2,3

Bei den Mehlen der verschiedenen Getreidearten gibt es teilweise Unterschiede, da der Gehalt von der Sorte und dem Ausmahlungsgrad (Type) abhängt. Insgesamt sind die einzelnen Gehalte jedoch sehr ähnlich und nur einige Inhaltsstoffe sind charakteristisch für bestimmte Getreidearten. Der Großteil der Kohlenhydrate in Getreide ist Stärke. Weizenmehl besteht aus ca. 60 % Stärke, davon 25-28 % Amylose und 72-75 % Amylopektin (Goesaert *et al.*, 2005). Die Stärke in Roggenmehlen (57-73 %) besteht aus ca. 12-30 % Amylose und 70-88 % Amylopektin (Deleu *et al.*, 2020). Den höchsten Stärkeanteil hat Gerste (bis zu 68 %), die Verteilung von Amylose und Amylopektin ist mit 20-30 bzw. 70-80 % ähnlich wie bei Weizen und Roggen (Baik und Ullrich, 2008). Der Ballaststoffgehalt von Weizen liegt typischerweise zwischen 10,5 % und 13,9 %. Den höchsten Gehalt haben dabei Arabinoxylane (5,5-7,4 %) (Andersson *et al.*, 2013). Arabinoxylane sind ebenfalls der Hauptbestandteil der Ballaststoffe in Roggen, allerdings ist der Anteil mit 7,5-10,3 % etwas höher als in Weizen (Andersson *et al.*, 2009). Dies erschwert die Teigbereitung beim Brotbacken (siehe Kapitel 1.5) (Deleu *et al.*, 2020). Der Arabinoxylangehalt in Gerste hingegen ist sehr gering (1,4-2,2 %). Das besondere an Gerstenmehlen ist der hohe Gehalt an  $\beta$ -Glucanen, der zwischen 3,7 und 6,5 % liegt (Andersson *et al.*, 2008). Dies ist interessant, weil  $\beta$ -Glucane eine Senkung des Cholesterin- und Blutzuckerspiegels bewirken und damit zur Reduzierung von Herzkrankheiten und Diabetes Typ 2 führen können (Baik und Ullrich, 2008). Bei Weizen und Roggen sind die Gehalte mit 0,5-1,0 % (Andersson *et al.*, 2013) und 1,4-1,5 % (Andersson *et al.*, 2009) sehr viel niedriger.

Ebenfalls in Getreide zu finden, sind die sogenannten fermentierbaren Oligo-, Di- und Monosaccharide und Polyole (FODMAPs). Dabei handelt es sich um kurzkettige Kohlenhydrate, die nicht oder nur langsam im Dünndarm resorbiert werden. Sie treten zwar nur in geringen Mengen in Getreide auf, können aber als Präbiotika wirken, da sie von Bakterien im Dickdarm fermentiert werden. Aufgrund dieses Wirkmechanismus kommt es aber auch zu einer erhöhten Gasbildung und je nach Art und Menge können FODMAPs deswegen bei bestimmten Personengruppen zu unerwünschten gastrointestinalen Beschwerden führen (siehe Kapitel 1.6) (Gibson *et al.*, 2020). Die dominierenden Oligosaccharide in Getreide sind Fructane. In Weizen liegt der Anteil bei 0,8-1,9 % (Andersson *et al.*, 2013), ähnlich wie bei Gerste mit ca. 1,6 % (Huynh *et al.*, 2008). Die höchsten Gehalte sind mit 3,6-4,6 % in Roggen zu finden.

Weizen, Roggen und Gerste enthalten auch viele Vitamine und Mineralstoffe. Sie gelten als gute Quelle für Phosphor, Kalium, Magnesium sowie B-Vitamine (Németh und Tömösközi, 2021). Eine Übersicht über deren Gehalte ist in Tabelle 2 aufgelistet. Wie auch bei den Hauptinhaltsstoffen (Tabelle 1) sind hier keine großen Unterschiede zwischen den drei Getreidearten Weizen, Roggen und Gerste zu erkennen.

Tabelle 2. Ausgewählte Mineralstoffe und Vitamine von Weizen, Roggen und Gerste (jeweils das ganze Korn) in mg/100 g bzw. µg/100 g (\*). Daten zusammengefasst aus Souci *et al.* (2016). k.A: keine Angabe.

	<b>Weizen</b>	<b>Roggen</b>	<b>Gerste</b>
Phosphor	342	340	342
Kalium	380	510	444
Magnesium	97	91	114
Vitamin B <sub>1</sub> (Thiamin)	455*	368*	430*
Vitamin B <sub>2</sub> (Riboflavin)	94*	170*	180*
Vitamin B <sub>3</sub> (Nicotinamid)	5,1	1,8	4,8
Vitamin B <sub>5</sub> (Pantothensäure)	1,2	1,5	680*
Vitamin B <sub>6</sub> (Pyridoxin)	269*	233*	560*
Vitamin B <sub>7</sub> (Biotin)	6*	5*	k. A.
Vitamin B <sub>9</sub> (Folsäure)	87*	143*	65*

## 1.4 BACKQUALITÄT

Um aus Mehl Brot zu machen, wird zunächst ein Teig hergestellt. Dafür wird das Mehl mit Wasser gemischt. Das Gluten hat bei der Herstellung von Weizenteigen eine entscheidende Rolle. Die Gliadine sorgen für die Viskosität und Dehnbarkeit, während die Glutenine für die Kohäsion und Elastizität verantwortlich sind. Bei einem Gliadin/Glutenin-Verhältnis von 2:1 hat der Teig ein ausgezeichnetes Gashaltevermögen, so dass sich nach dem Backen ein Brot mit einer elastischen und gleichmäßigen Krume bildet (Scherf, 2019). Hohe Glutenin- und HMW-GS-Gehalte und niedrige Gliadin/Glutenin-Verhältnisse korrelieren mit einem hohen Brotvolumen, was ein wichtiges Kriterium für die Backqualität ist (Geisslitz *et al.*, 2018b).

Je nach Perspektive kann das Verständnis von Backqualität sehr unterschiedlich sein. Für Verbraucherinnen und Verbraucher sind vor allem die Eigenschaften der Backwaren (z.B. Geschmack, Geruch, und Brotvolumen) relevant, während für die Produktion auch die Teigeigenschaften relevant sind. Die Brotbackqualität ist eine komplexe Eigenschaft, die durch viele Parameter beschrieben und durch viele Faktoren bestimmt wird. Das Bundessortenamt entwickelte ein Klassifizierungssystem, anhand dessen Weichweizensorten nach ihrer Backqualität eingestuft werden. Die höchste Qualität haben Sorten in der E-Gruppe (Eliteweizen), gefolgt von der A-Gruppe (Qualitätsweizen) und B-Gruppe (Brotweizen). Die niedrigste Qualität haben C-Sorten (sonstiger Weizen). Die Einstufung einer Sorte ist von bestimmten Mindestanforderungen an einzelne Qualitätseigenschaften abhängig. Zu diesen Eigenschaften gehören: Volumenausbeute, Elastizität des Teiges, Oberflächenbeschaffenheit des Teiges, Fallzahl, Sedimentationswert, Wasseraufnahme und Mehlausbeute (Bundessortenamt, 2024).

Ein solches System gibt es für Roggenmehle nicht. Roggen ist neben Weizen die am häufigsten verwendete Getreideart zur Herstellung von Broten. Die Backeigenschaften von Roggenmehl unterscheiden sich stark von denen des Weizenmehls und resultieren größtenteils aus den Arabinoxylanen und nicht den Glutenproteinen. Arabinoxylane können viel Wasser aufnehmen, weswegen beim Backen mit Roggen klebrige Teige entstehen. Durch das fehlende Glutennetzwerk (Gliadine und Glutenine) haben Roggenteige ein geringeres Gashaltevermögen und führen zu geringeren Brotvolumina als Weizenmehle (Deleu *et al.*, 2020). Roggenbrote werden deswegen häufig mithilfe von Sauerteig hergestellt. Dies bietet gleich mehrere Vorteile. Der Teig wird weniger klebrig, da saure Bedingungen Amylasen und Peptidasen und damit den übermäßigen Abbau von Stärke und Proteinen hemmen. Außerdem erhöhen saure Bedingungen die Löslichkeit und das Quellvermögen der Arabinoxylane. Durch die Säuerung wird zusätzlich eine längere

Haltbarkeit erreicht und es entsteht eine Vielzahl an Stoffen, die zu einem einzigartigen Aroma und Geschmack führen (Németh und Tömösközi, 2021).

Sauerteig kann auch in Kombination mit Weizenmehlen zum Einsatz kommen. Häufig werden heutzutage aber eher Hefen verwendet. Die Verarbeitungstechniken vom Korn zum Produkt haben sich in vielerlei Hinsicht in den letzten Jahrzehnten verändert. So unterscheiden sich moderne Verfahren von traditionellen Methoden durch die Verwendung von ungekeimtem Getreide, den Einsatz von Hefe statt langer Gärung, kaum Verwendung von Sauerteig, Zusatz von extrahierten Weizenproteinen und Inulin sowie die hauptsächliche Verwendung von Auszugsmehl statt Vollkornmehl (Kissing Kucek *et al.*, 2015). Es wird deswegen vermutet, dass die Verarbeitungsweise einen Einfluss auf immunreaktive Inhaltsstoffe wie Gluten, ATIs und FODMAPs hat und mit dem erhöhten Auftreten von weizen- bzw. glutenbedingten Krankheiten zusammenhängt (siehe Kapitel 1.6).

### 1.5 GETREIDELANDSORTEN

Es gibt keine einheitliche Definition für den Begriff „Landsorte“. Zudem ist eine Abgrenzung zum Begriff „alte Sorte“ sehr schwierig. Camacho-Villa *et al.* (2005) betrachteten verschiedene Merkmale, die Landsorten ausmachen und leiteten daraus folgende Definition ab: *„A landrace is a dynamic population of a cultivated plant that has historical origin, distinct identity and lacks formal crop improvement, as well as often being genetically diverse, locally adapted and associated with traditional farming systems.“* Eine Landsorte ist demnach eine dynamische Population einer Kulturpflanze, die einen historischen Ursprung und eine eindeutige Identität hat und nicht durch bewusste äußere Einflüsse verbessert wurde. Außerdem ist sie oft genetisch vielfältig, lokal an Umweltbedingungen angepasst und mit traditionellen Anbausystemen verbunden (Camacho-Villa *et al.*, 2005).

Azeez *et al.* (2018) haben die einzelnen Kriterien zusammengefasst. Was dabei als „historischer Ursprung“ gilt, ist erneut nicht klar definiert. Es sind Angaben wie „seit Menschengedenken“, „über lange Zeiträume“, „seit Hunderten, ja sogar Tausenden von Jahren“ und „seit Generationen“ zu finden. Insgesamt wird deutlich, dass der Zeitraum weit in die Vergangenheit reicht. Landsorten sind „nicht durch bewusste äußere Einflüsse verbessert worden“. Das bedeutet, dass keine bewusste menschliche Selektion stattgefunden hat, sondern sich die Sorten auf natürliche Weise entwickelt haben. Hier herrscht ebenfalls Unklarheit, da es schwierig ist, diese Voraussetzung zu überprüfen. Die „genetische Vielfalt“ der Sorten hängt mit dem vorher

genannten Merkmal zusammen. Dadurch, dass die Sorten nicht verändert wurden, um bestimmte Eigenschaften aufzuweisen, sind sie genetisch um einiges vielfältiger als moderne Sorten, die mit bestimmten Zielen gezüchtet worden sind. Landsorten sind durch fortlaufende Zyklen von lokalem Anbau, Ernte und Auswahl durch die Landwirte „lokal angepasst“. Sie tragen deswegen oft den Standort, an dem sie hauptsächlich angebaut wurden, im Namen (z.B. „Freisinger Landweizen“, siehe Abbildung 3). Daraus ergibt sich auch das Merkmal „mit traditionellen Anbausystemen verbunden“. Das beinhaltet traditionelle Anbau-, Lagerungs- und Nutzungspraktiken, die auf die klimatischen Bedingungen in der jeweiligen Region abgestimmt sind. Das Wissen darüber ist oft über Generationen hinweg entwickelt und weitergegeben worden (Azeez *et al.*, 2018). Diese Kriterien sollen eine „eindeutige Identität“ ermöglichen. Da diese jedoch sehr unspezifisch sind und sich teilweise bedingen, ist es oft schwierig, eine Sorte als Landsorte zu identifizieren.

Bis Ende des 19. Jahrhunderts die gezielte Pflanzenzüchtung aufkam, waren Landsorten der Hauptschwerpunkt der landwirtschaftlichen Produktion. Anfang des 20. Jahrhunderts wurden Landsorten im Zuge der Grünen Revolution durch Zuchtsorten verdrängt, was zu einem Verlust der genetischen Vielfalt führte (Newton *et al.*, 2010). Der Hauptgrund für die Verdrängung war der geringere Ertrag von Landsorten im Vergleich zu modernen Sorten (Konvalina *et al.*, 2014, Preiti *et al.*, 2022). Ein weiterer Grund war, dass Landsorten im Vergleich höher wachsen (Preiti *et al.*, 2022). Die Halme sind oft nicht stark genug, um die Körner der Pflanzen zu tragen und gehen ins Lager. Moderne Sorten haben kürzere Halme und große Ernteverluste bleiben aus (Vergauwen und De Smet, 2017). Moderne Sorten weisen außerdem verbesserte Backeigenschaften auf (Shewry *et al.*, 2003). Nichtsdestotrotz kam es in den letzten Jahrzehnten zu einer Wiederentdeckung alter Getreidelandsorten aus verschiedenen Gründen:

1. Die genetische Vielfalt der Landsorten stellt eine große Chance für die Nutzung in weiteren Züchtungsprogrammen dar, um Sorten zu entwickeln, die sich an die veränderten klimatischen Bedingungen anpassen können (Zencrai *et al.*, 2021).
2. Viele Menschen leiden heutzutage unter weizenbedingten Krankheiten. Die Züchtung könnte zu einer veränderten Proteinzusammensetzung geführt haben. Einige Menschen berichten eine bessere Verträglichkeit von alten Sorten (Seidita *et al.*, 2022). Landsorten könnten ein niedrigeres immunreaktives Potential aufweisen (Scherf, 2019).
3. Bestimmte Verbrauchergruppen assoziieren mit Landsorten guten Geschmack, eine gesunde und bewusste Ernährung und die Unterstützung von Kleinunternehmen bzw. dem traditionellen Handwerk (Wang *et al.*, 2024).



Abbildung 3. Weichweizensorten auf dem Feld in Ruhstorf an der Rott (eigene Aufnahmen, 2022). Links: Die Landsorte Freisinger Landweizen, rechts: Die moderne Sorte KWS Sharki als Vergleich. Bei beiden Sorten handelt es sich um Sommerweizen.

Ein Beispiel für eine Wiederentdeckung ist die deutsche Landsorte „Laufener Landweizen“, welche im Salzburger Alpenvorland angebaut wird. Mit einer Wuchshöhe von 1,5 m bis 2,0 m wächst die Sorte sehr hoch. Die Halme sind dabei jedoch stabil, wenn keine starke Düngung stattfindet. Die Erträge sind im Vergleich zu modernen Sorten 50 % weniger. Das Erscheinungsbild und die Inhaltsstoffzusammensetzung sind typisch für Landsorten. So wurden höhere Gehalte an Silicium und Carotinoiden gefunden als bei einer modernen Sorte, welche am gleichen Standort angebaut wurde. Einige Bäckereien in der Region verarbeiten den Laufener Landweizen zu Brot und Süßgebäck. Ein Nachteil besteht in dem ca. 15-20 % höheren Preis. Dieser entsteht durch höhere Einkaufspreise und geringere Erträge, kleinere Verarbeitungsmengen in der Mühle und aufwändigere Verarbeitung in der Bäckerei (Adelmann *et al.*, 2018). Ein weiteres Beispiel ist der „Freisinger Landweizen“ (Abbildung 3), eine regionale Landsorte aus Oberbayern. Zwar liefert sie ebenfalls niedrigere Erträge als moderne Sorten, aber bei mäßiger Düngung ist auch diese Sorte standfest. Die Sorten sind deswegen besonders für den biologischen Anbau geeignet. Auch aus dieser Sorte werden bereits Backwaren hergestellt. Eine lange Teigführung und viel handwerkliches Geschick sind zur Verarbeitung der Teige erforderlich (GenussErbe Bayern, 2024).



## 1.6 GETREIDEASSOZIIERTE KRANKHEITEN

Der Verzehr von Weizen, Roggen und Gerste kann verschiedene entzündliche Immunreaktionen bei prädisponierten Personen auslösen (Tabelle 3). Gluten aus Weizen ist ein Hauptauslöser für viele Krankheiten, weswegen die meisten davon weizenassoziiert sind. Jedoch ist auch in Roggen und Gerste Gluten enthalten, weswegen viele Krankheiten einen Verzicht auf alle glutenhaltigen Getreidearten als einzige Behandlung beinhalten. Weizenallergie, Zöliakie und die sogenannte Nicht-Zöliakie-Weizensensitivität (*Non-celiac wheat sensitivity*, NCWS), manchmal auch als Nicht-Zöliakie-Glutensensitivität bezeichnet, gehören dazu. Letztere ist umstritten, da diese Erkrankung häufig mit dem Reizdarmsyndrom in Verbindung gebracht wird (Cabanillas, 2020, Scherf, 2019).

Tabelle 3. Übersicht über weizenbedingte Krankheiten. Modifiziert nach Cabanillas (2020) und Geisslitz *et al.* (2022). ATIs: Amylase/Trypsin-Inhibitoren; FODMAPS: Fermentierbare Oligo-, Di- und Monosaccharide und Polyole; NCWS: Nicht-Zöliakie-Weizensensitivität.

	<b>Weizenallergie</b>	<b>Zöliakie</b>	<b>NCWS</b>
Pathomechanismus	Adaptives Immunsystem (Allergie)	Angeborenes und adaptives Immunsystem (Autoimmunerkrankung)	Angeborenes Immunsystem
Prävalenz	0,5-4 %	1 %	0,6-6 %
Auslöser	ATIs, Weizenproteine (v.a. Gliadine und Glutenine)	Gluten	ATIs, Gluten, FODMAPs

### 1.6.1 WEIZENALLERGIE

Weizenallergie wird hauptsächlich durch Weizenproteine (einschließlich, aber nicht beschränkt auf Glutenproteine) ausgelöst, wobei es auch zu Kreuzreaktivitäten mit Proteinen aus anderen Getreidearten kommen kann. Die Immunreaktion führt zur Ausschüttung verschiedener Chemokine und letztlich zur Bildung von Immunglobulin E (IgE)-Antikörpern. Bei erneuter Exposition erkennen diese Antikörper spezifische Epitope in den Proteinen und aktivieren Mastzellen, die Histamin und andere Entzündungsstoffe freisetzen. Es entsteht eine allergische Reaktion, die lokal oder systemisch auftritt (Cabanillas, 2020). Ein Nachweis kann durch den sogenannten Prick-Test (auf der Haut) oder durch IgE-Antikörper (im Blut) erfolgen. Die Prävalenz liegt bei 0,2-4 %. Eine besondere Form der Weizenallergie ist die weizenabhängige anstrengungsinduzierte Anaphylaxie (*Wheat-dependent exercise-induced anaphylaxis*, WDEIA).

Bei der WDEIA werden allergische Reaktionen nur hervorgerufen, wenn ein auslösender Co-Faktor vorhanden ist. Diese Co-Faktoren können sportliche Aktivität aber auch die Einnahme von Medikamenten oder der Konsum von Alkohol sein. Typische Symptome treten ca. ein bis vier Stunden nach dem Verzehr von Weizenprodukten auf und beinhalten unter anderem Juckreiz, Atemnot, gastrointestinale Beschwerden und teilweise auch einen anaphylaktischen Schock. Hauptauslöser für WDEIA sind  $\omega$ 5-Gliadine und HMW-GS. Andere Glutenproteine wie  $\alpha$ - und  $\gamma$ -Gliadine sowie LMW-GS können dafür ebenfalls verantwortlich sein (Scherf *et al.*, 2016). Eine weitere Form der Weizenallergie ist das Bäckerasthma, bei dem eine allergische Reaktion nach Einatmen von Mehlstaub auftritt. Typische Symptome sind Rhinitis und Atemwegsbeschwerden. Betroffene mit Bäckerasthma haben in der Regel keine Symptome, wenn sie erhitzte Weizenprodukte verzehren (Cabanillas, 2020). Die ATIs 0.28, 0.19, CM1, CM2 und CM3 sind die hauptauslösenden Allergene im Zusammenhang mit Bäckerasthma (Sander *et al.*, 2011). Ebenso wurden auch  $\alpha$ - und  $\omega$ 5-Gliadine sowie HMW- und LMW-GS als Auslöser identifiziert (Kissing Kucek *et al.*, 2015).

### 1.6.2 ZÖLIAKIE

Zöliakie ist eine chronische Autoimmunerkrankung des Dünndarms, welche durch Glutenproteine ausgelöst wird. Die Prävalenz beträgt ca. 0,5-1 %. Liegt eine genetische Veranlagung vor, kann der Verzehr von Gluten eine Immunreaktion auslösen, die zu Entzündungen und Gewebeschäden im Darm führt. Diese ist aufgrund der Resistenz von Gluten gegenüber den Verdauungsenzymen möglich. Dadurch passieren relativ lange Glutenpeptide die Epithelzellen im Dünndarm und erreichen die *Lamina propria*. Dort werden die Peptide durch das Enzym Transglutaminase deamidiert. Dadurch sind sie in der Lage, an den humanen Leukozytenantigen (HLA)-Rezeptor DQ2 oder DQ8 auf antigenpräsentierenden Zellen zu binden. Einige Peptide können auch direkt an diese Rezeptoren binden. In der Folge werden glutenspezifische T-Zellen aktiviert, die durch die Sekretion von proinflammatorischen Zytokinen Darmentzündungen auslösen (Dieterich *et al.*, 2003). Dies führt zu Veränderungen in der Struktur der Darmschleimhaut (Zottenatrophie), was mit einer verringerten Nährstoffaufnahme einhergeht und deswegen zu Mangelerscheinungen (z.B. Eisenmangel) führen kann. Weitere Symptome beinhalten Bauchschmerzen, Durchfall, Erbrechen, aber auch extraintestinale Symptome wie Müdigkeit. Eine Diagnose erfolgt durch serologische Tests und/oder eine Dünndarmbiopsie (Cabanillas, 2020). Auslöser für die Zöliakie sind Hordeine, Secaline, Glutenine sowie Gliadine. Besonders  $\alpha$ - und  $\omega$ -Gliadine besitzen viele T-Zell-Epitope. Das 33-mer

Peptid (LQLQFPQPQLPYPQPQLPYPQPQLPYPQPQPF) ist eines der immunreaktivsten Peptide (Kissing Kucek *et al.*, 2015). Junker *et al.* (2012) fanden außerdem heraus, dass ATIs durch Aktivierung des *Toll-like receptor 4* (TLR4) die Entzündungen im Darm bei Zöliakie-Betroffenen verstärken können.

### 1.6.3 NICHT-ZÖLIAKIE-WEIZENSENSITIVITÄT

Die Entstehung von NCWS ist noch nicht abschließend geklärt. Unter den weizenbedingten Krankheiten ist sie am wenigsten erforscht. Die Symptome sind ähnlich zur Zöliakie und umfassen intestinale aber auch extraintestinale Beschwerden. Betroffene weisen jedoch weder Zottenatrophie noch spezifische Marker im Blut auf. Die geschätzte Prävalenz liegt bei 0,6-6 %, aber genaue Angaben sind aufgrund fehlender Diagnosemöglichkeiten und Überschneidung der Symptome mit anderen Krankheiten sehr schwierig (Scherf, 2019).

Dieterich *et al.* (2019) vermuten, dass FODMAPs und Gluten (Mit-)Auslöser für NCWS sind. Junker *et al.* (2012) entdeckten die Aktivierung des angeborenen Immunsystems durch ATIs, weswegen diese ebenfalls als Trigger für NCWS gelten. ATIs können an den TLR4 von Monozyten, Makrophagen und dendritischen Zellen binden (Abbildung 4). Die Bindung ist aufgrund der Disulfidbrücken der ATIs möglich. Sie induziert eine Signalkaskade und bewirkt letztendlich die Freisetzung entzündungsfördernder Zytokine wie Interleukin-8 und Interleukin-12. Die Folge sind Entzündungen im Darm und in anderen Körperteilen (Junker *et al.*, 2012).

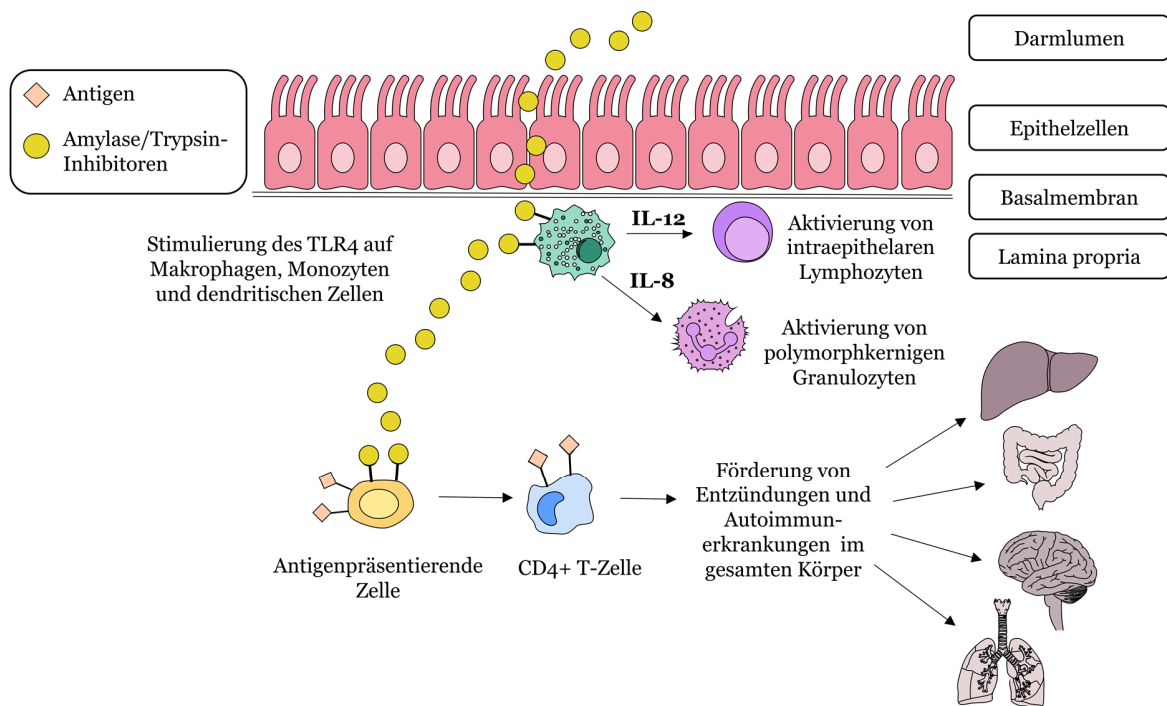


Abbildung 4. Aktivierung des angeborenen Immunsystems durch Amylase/Trypsin-Inhibitoren (ATIs). Aufgrund ihrer Struktur sind ATIs resistent gegenüber proteolytischem Abbau und gelangen unverdaut in den Dünndarm. Dort sind sie in der Lage, an den *toll-like receptor 4* (TLR4) zu binden und zur Ausschüttung von entzündlichen Chemokinen und Zytokinen wie z.B. Interleukin-8 (IL-8) und -12 (IL-12) zu führen. Außerdem erhöhen ATIs die (extra-)intestinale T-Zell-Antwort und können dadurch chronische Erkrankungen und insbesondere Autoimmunerkrankungen im ganzen Körper verstärken. Modifiziert nach Fasano *et al.* (2015) und Jahn (2020).

## 1.7 PROTEINANALYTIK

Aufgrund der Immunreaktivität einiger Getreideproteine ist deren Analytik von hoher Wichtigkeit. Um die Proteine und Proteingruppen zu analysieren, existieren verschiedene Möglichkeiten. Der erste Schritt bei allen Analysen besteht in der Extraktion der Proteine. Hierbei werden sich die unterschiedliche Löslichkeit der Proteine zu Nutze gemacht (Osborne, 1907).

### 1.7.1 PROTEINZUSAMMENSETZUNG

Um die Proteinzusammensetzung zu bestimmen, können die einzelnen Proteinfractionen nach einem modifizierten Osborne-Verfahren extrahiert werden (Abbildung 5). Im ersten Schritt werden die Albumine und Globuline mit phosphatgepufferter Kochsalzlösung extrahiert. Im

zweiten Schritt erfolgt die Extraktion der Prolamine mit wässrigem Ethanol. Zum Schluss werden die Gluteline mit einem Gemisch aus 1-Propanol, Dithiothreitol (DTT), welches als Reduktionsmittel fungiert, und einer disaggregierenden Verbindung (Urea) bei 60 °C isoliert. Unlösliche Strukturproteine verbleiben mit Stärke im Rückstand (Wieser *et al.*, 1998). Die einzelnen Fraktionen können mittels Umkehrphasen-Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (*Reversed-phase high-performance liquid chromatography*, RP-HPLC) analysiert und über einen externen Standard quantifiziert werden. Hierfür wird häufig der *Prolamin Working Group* (PWG) Standard, das sogenannte PWG-Gliadin verwendet, welches Gliadine aus 28 verschiedenen Weizensorten enthält (van Eckert *et al.*, 2006). Bei Roggen und Gerste erfolgt die Trennung der einzelnen Glutenproteine weniger eindeutig, sodass einige Glutenproteintypen sowohl in den Prolaminen als auch in den Glutelinen auftreten. Deswegen erfolgt bei Roggen nach erfolgreicher Messung der Prolaminfraktion eine Zugabe von DTT und eine erneute Messung schließt sich an (Schalk *et al.*, 2017). Bei Gerste wird nur die reduzierte Prolaminfraktion gemessen (Xhaferaj *et al.*, 2023b).

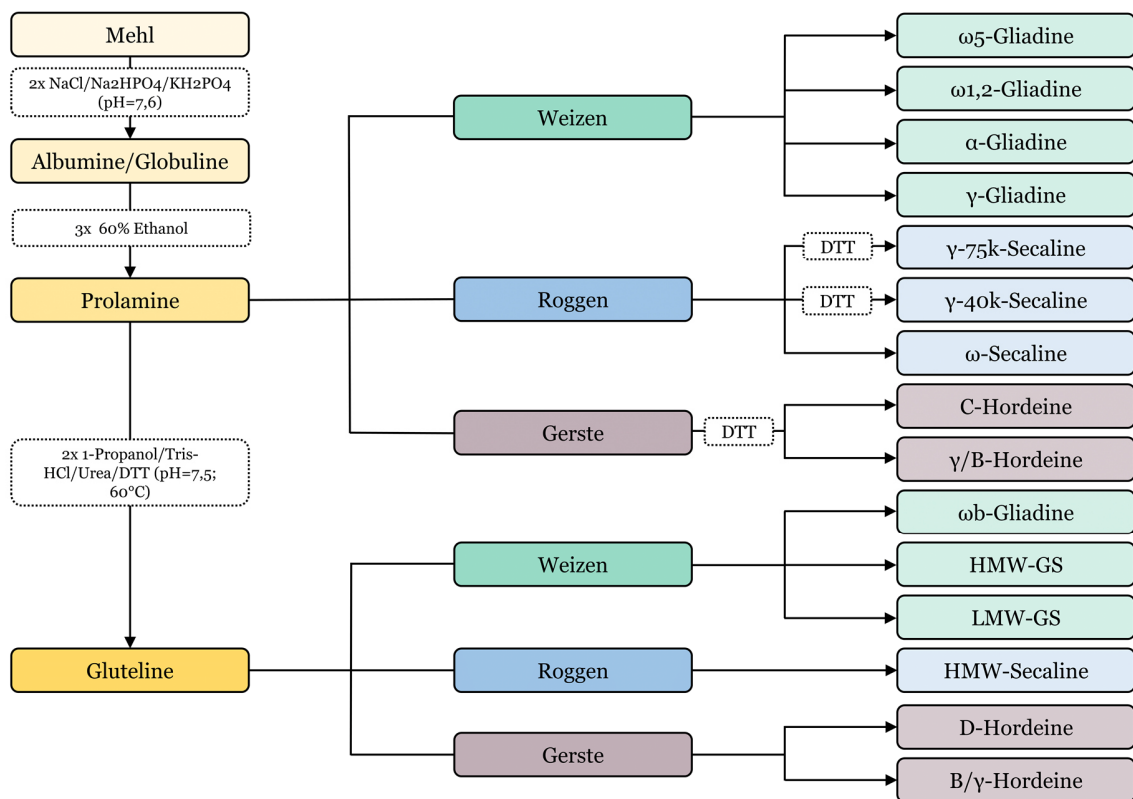


Abbildung 5. Verfahren der modifizierten Osborne-Fraktionierung von Weizen, Roggen und Gerste. Alle Fraktionen werden am Schluss mittels Umkehrphasen-Hochleistungsflüssigkeitschromatographie analysiert. DTT: Dithiothreitol; GS: Gluteninuntereinheiten; HMW: hochmolekulare; LMW: niedermolekulare. Abbildung modifiziert nach Schalk *et al.* (2017).

### 1.7.2 AMYLASE/TRYPSIN-INHIBITOREN

ATIs gehören zu den Albuminen und Globulinen und können deswegen mit Salzlösungen extrahiert werden. Je nach Methode werden verschiedene Salze verwendet, um ein optimales Ergebnis zu erzielen. Mithilfe verschiedener Methoden können der Gehalt, die Zusammensetzung sowie die Aktivität untersucht werden (Abbildung 6). Bei der Aktivität kann zwischen der inhibitorischen Aktivität gegenüber  $\alpha$ -Amylase und Trypsin unterschieden werden. Mithilfe eines speziellen Zellassays, der auf der Aktivierung des TLR4 durch freigesetzte Chemokine und Zytokine beruht, kann auch die Bioaktivität der ATIs bestimmt werden (Zevallos *et al.*, 2017).

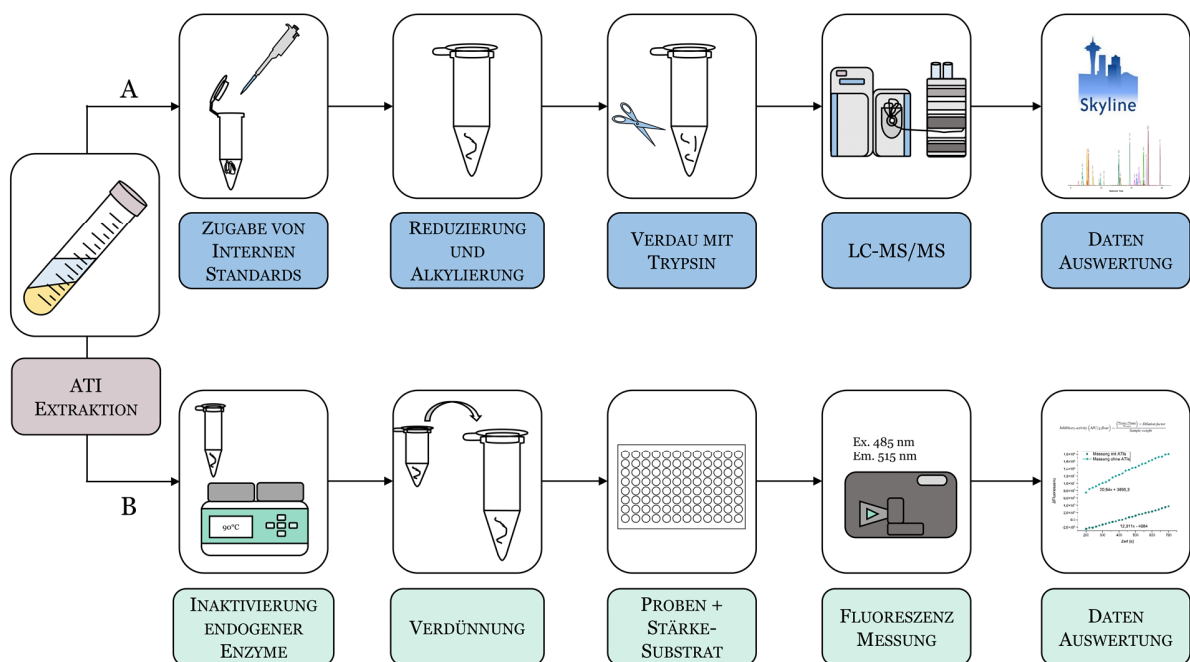


Abbildung 6. Methoden zur Bestimmung von Amylase/Trypsin-Inhibitoren (ATIs). A: Gehalt und Zusammensetzung mittels Flüssigkeitschromatographie gekoppelter Tandem-Massenspektrometrie (LC-MS/MS) und B: Inhibitorische Aktivität gegen  $\alpha$ -Amylase mittels eines Enzymassays.

#### 1.7.2.1 GEHALT UND ZUSAMMENSETZUNG

Der Gehalt von ATIs kann mittels RP-HPLC bestimmt werden (Call *et al.*, 2020, Jahn *et al.*, 2023). Der Vorteil besteht darin, dass eine schnelle und einfache Abschätzung des ATI-Gehaltes möglich ist. Das Problem bei dieser Methode besteht jedoch darin, dass sie sehr unspezifisch ist und außer ATIs auch andere Enzyme und Stoffwechselproteine extrahiert und quantifiziert werden (Jahn *et al.*, 2023). Eine spezifische Methode stellt die Flüssigkeitschromatographie gekoppelte

Tandem-Massenspektrometrie (*Liquid chromatography coupled tandem mass spectrometry*, LC-MS/MS) dar. In der Massenspektrometrie kann zwischen *untargeted* und *targeted* Ansätzen unterschieden werden. Während *untargeted* Experimente darauf abzielen, ein umfassendes Profil des Proteoms der Probe zu erstellen, ermöglicht eine *targeted* Analyse die Auswahl spezifischer Moleküle, die in der Probe untersucht werden sollen (Alves *et al.*, 2019). Mit der *targeted* Methode von Geisslitz *et al.* (2020) können 13 ATIs (Abbildung 2) quantifiziert werden (Abbildung 6).

Bei dieser Methode handelt es sich um eine „*Bottom-up*“-Analyse, bei der Peptide gemessen werden und keine intakten Proteine („*Top-down*“). MS/MS wird in der Regel bei komplexen Proben angewandt. Die identifizierten Peptide werden dabei einer Fragmentierung unterzogen, um die Aminosäuresequenz zu entschlüsseln. Dabei können Sequenzen identifiziert werden, die sich lediglich in einer einzigen Aminosäure unterscheiden (Alves *et al.*, 2019).

Die Quantifizierung erfolgt dabei über eine Stabilisotopenverdünnungsanalyse. Dieses Verfahren gilt als „Goldstandard“ für die absolute Peptidquantifizierung. Dabei werden stabilisotopenmarkierte (häufig  $^{13}\text{C}$  oder  $^{15}\text{N}$ ) Peptide als interne Standards verwendet. Diese haben die gleichen chemischen und physikalischen Eigenschaften und eignen sich deswegen sehr gut. Durch den Massenunterschied können sie in den MS-Spektren unterschieden werden. Die Peptide, die als Standard verwendet werden (sog. Markerpeptide) sollten bestimmte Anforderungen erfüllen, unter anderem, dass die Peptide einzigartig für ein bestimmtes Protein sind und nicht in anderen Proteinen vorkommen. Außerdem haben sie idealerweise eine Länge von 8-25 Aminosäuren. Zu vermeiden sind saure Reste (Asparagin- und Glutaminsäure) in unmittelbarer Nähe der Spaltstelle und Peptide mit einer hohen Anzahl an leicht oxidierbaren Aminosäuren (Methionin und Tryptophan) (Ludwig und Aebersold, 2014).

Die Aufarbeitung erfolgt nach einem für *Proteomics* typischen Verfahren (Alves *et al.*, 2019). Zunächst werden die Proteine mit einem Ammoniumbicarbonat-Puffer extrahiert. Um Verluste während der Aufarbeitung auszugleichen, werden die Standards direkt danach dazu gegeben. Die Konzentration der einzelnen Standards in dieser Lösung wird auf den erwarteten Peptidgehalt in den Proben abgestimmt. Es folgt die Reduktion der Disulfidbrücken und die Alkylierung der Cysteinreste, um eine erneute Oxidation zu verhindern. Der letzte Schritt beinhaltet den tryptischen Verdau (Geisslitz *et al.*, 2020). Trypsin ist die beliebteste Peptidase für MS-Analysen. Die Gründe dafür sind die hohe Effizienz, Spezifität und die Tatsache, dass sich die tryptischen Peptide sehr gut analysieren lassen. Trypsin spaltet C-terminal zu Arginin und Lysin (sofern kein Prolin folgt). Die entstehenden Peptide weisen dadurch einen C-terminalen basischen Rest auf. In Verbindung mit dem freien Amin des N-Terminus resultieren daraus optimale Voraussetzung zur

Ionisierung (Vandermarliere *et al.*, 2013). Die Trennung der Peptide erfolgt mittels HPLC. Sie werden dann in das MS-System geleitet und ionisiert. Dies erfolgt mittels Elektrospray-Ionisation im positiven Modus (Geisslitz *et al.*, 2020). Nach der Ionisation werden die Ionen über einen Quadrupol-Massenfilter anhand ihres Masse-zu-Ladungsverhältnis ( $m/z$ ) selektiert. Die Fragmentierung für das MS<sup>2</sup> findet in einer Kollisionszelle statt (Michalski *et al.*, 2011). Eine Möglichkeit für die massenspektrometrische Analyse ist die Verwendung eines Orbitrap-Massenanalysators. Vorteile sind eine hohe Messgenauigkeit und Auflösung. Die Ionen sind dabei in einem elektrostatischen Feld gefangen. Das elektrostatische Feld, dem die Ionen in der Orbitrap ausgesetzt sind, zwingt sie dazu, sich in komplexen spiralförmigen Mustern zu bewegen. Mit Hilfe einer Fourier-Transformation werden die Schwingungsfrequenzen für Ionen mit unterschiedlichen Massen ermittelt, was eine genaue Ablesung ihres  $m/z$ -Wertes ermöglicht. Die Auswertung der Spektren erfolgt mit spezieller Software, wie beispielsweise Skyline (MacLean *et al.*, 2010), mithilfe derer die Peakflächen der Analyten und Standards ermittelt werden. Da die Konzentration des internen Standards bekannt ist, wird der Gehalt über das Peakflächenverhältnis von Analyt und internem Standard über eine externe Kalibrierung berechnet. Die Gehalte werden für jeden ATI mithilfe eines Markerpeptides (*Quantifier*) über die jeweilige molare Masse des Proteins einzeln berechnet. Die Summe der Gehalte der 13 ATIs ergeben den ATI-Gehalt (Geisslitz *et al.*, 2020).

#### 1.7.2.2 AKTIVITÄT

Die inhibitorische Aktivität von ATIs gegen  $\alpha$ -Amylase kann über einen Enzymassay nach Jahn *et al.* (2023) ermittelt werden (Abbildung 6B). Zunächst werden die ATIs mittels eines Na<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>/NaCl-Puffers aus dem Mehl extrahiert. Anschließend wird der Extrakt auf 80 °C erhitzt, um störende Enzyme (vor allem endogene  $\alpha$ -Amylase) zu denaturieren und auszufällen. Da ATIs aufgrund ihrer Struktur thermostabil sind, verbleiben sie in der Lösung. Die (verdünnte) Probe wird zunächst mit  $\alpha$ -Amylase inkubiert. Hierfür eignen sich z.B. menschliche Speichel-Amylase oder Schweinepankreas-Amylase. Es wird eine Blindprobe (Probenextrakt ohne  $\alpha$ -Amylase) mitgeführt, welche von der Probe abgezogen wird. Außerdem wird eine Kontrolle (nur Extraktionspuffer ohne ATIs), ebenfalls einmal mit und einmal ohne  $\alpha$ -Amylase gemessen. Nach der Inkubation erfolgt die Zugabe des Substrats. Hierbei handelt es sich um ein Substrat aus Maisstärke, welches mit einem Farbstoff markiert ist, sodass die Fluoreszenz gequencht wird. Bei Zugabe wird das Substrat durch die  $\alpha$ -Amylase gespalten und setzt fluoreszierende Fragmente frei. Die Fluoreszenz (Ex: 485 nm; Em: 515 nm) wird kontinuierlich über einen Zeitraum von



15-20 min gemessen. Die ATIs in der Probe hemmen die  $\alpha$ -Amylase und führen so zu einer Verlangsamung der Reaktion. Die Fluoreszenzdifferenzen zwischen den Proben mit und ohne  $\alpha$ -Amylase werden über die Zeit aufgetragen. Zur Berechnung der inhibitorischen Aktivität wird die Steigung des linearen Bereichs ermittelt. Diese Steigung der Proben wird von der Kontrollprobe abgezogen. Unter Berücksichtigung der Einwaage und des Verdünnungsfaktors lässt sich die inhibitorische Aktivität in „ $\alpha$ -Amylase inhibierenden Units pro Gramm“ (AIU/g) ausdrücken (Jahn *et al.*, 2023).

## 2 ZIELSETZUNG

Getreidelandsorten sind lokal an Umweltbedingungen angepasst und oft mit traditionellen Anbausystemen verbunden. Sie sind im Laufe der Zeit durch natürliche Selektion entstanden und weisen deswegen eine große genetische Vielfalt auf. Im Laufe der Zeit kam es zu genetisch verbesserten Sorten, da die Züchtung unter anderem Ziele wie Ertragssteigerung, Krankheits- und Schädlingsresistenz und Optimierung von Backeigenschaften beinhaltete. Dies legt die Hypothese nahe, dass die bei der Züchtung angewandten Selektionskriterien möglicherweise zu Veränderungen in der Zusammensetzung der Inhaltsstoffe geführt haben. Vor dem Hintergrund des vermehrten Auftretens weizenbedingter Erkrankungen wird vermutet, dass die Züchtung moderner Sorten eine gesteigerte immunreaktive Wirkung zur Folge gehabt haben könnte. Viele Verbrauchende präferieren deswegen ökologische, regionale und handwerklich gefertigte Produkte. Zwar gibt es schon wenige Studien zu alten Getreidesorten, aber Untersuchungen zu einer großen Vielfalt an Landsorten fehlen.

Ziel dieser Arbeit bestand darin, verschiedene Inhaltstoffe von Landsorten und modernen Sorten, die unter ökologischen Bedingungen angebaut wurden, zu untersuchen, um herauszufinden, ob und inwieweit sich diese von modernen Sorten unterscheiden. Außerdem sollte analysiert werden, ob es Unterschiede zwischen den einzelnen Weizenarten gibt. Verschiedene Weizen-, Roggen- und Gerstensorten wurden mit unterschiedlichen Methoden analysiert. Da weizenbedingte Krankheiten zum Großteil mit Proteinen zusammenhängen, sollte der Fokus auf der Proteinanalytik liegen. Ein wichtiger Bestandteil ist die Proteinzusammensetzung. Hier sind vor allem die Glutenproteine und ATIs von Bedeutung, da diese mit verschiedenen Krankheiten assoziiert werden. Zusätzlich sollte die inhibitorische Aktivität der ATIs gemessen werden. In Kooperation mit anderen Forschungsstellen wurden Backversuche und Untersuchungen bezüglich des FODMAP-Gehaltes geplant.

Die gewonnenen Erkenntnisse sollen dazu beitragen, den ökologischen Landbau zu fördern und geeignete Sorten zu identifizieren, um regionale Produkte zu produzieren, die idealerweise eine bessere Verträglichkeit für Menschen mit weizenbedingten Krankheiten aufweisen.

## 3 ERGEBNISSE UND DISKUSSION

### 3.1 WEICHWEIZEN

Unter der Weichweizensorten befanden sich vierzehn Landsorten (ABK, ABL, ALT, BEV, EGH, FLW, NBR, NOR, RSL, SDL, UNL, WAR, WEF, WEI) und sechs moderne Sorten (BOS, ELX, KWS, RGT, WEN, WIW) als Kontrolle (Abkürzungen in Tabelle 11). Alle Sorten wurden in allen drei Jahren (2021-2023) geerntet (mit Ausnahme von WIW, welche erst ab dem zweiten Jahr zur Verfügung stand). Teile dieses Kapitels wurden bereits in *Current Research in Food Science* (Jahn *et al.*, 2024) und *npj Science of Food* (Jahn *et al.*, 2025a) veröffentlicht.

#### 3.1.1 PROTEINGEHALT

Der Rohproteingehalt der Weichweizensorten wurde mittels der DUMAS-Methode bestimmt und ist in Abbildung 7 dargestellt. Eine detaillierte Auflistung der Zahlenwerte der einzelnen Sorten befindet sich im Anhang (Tabelle 16).

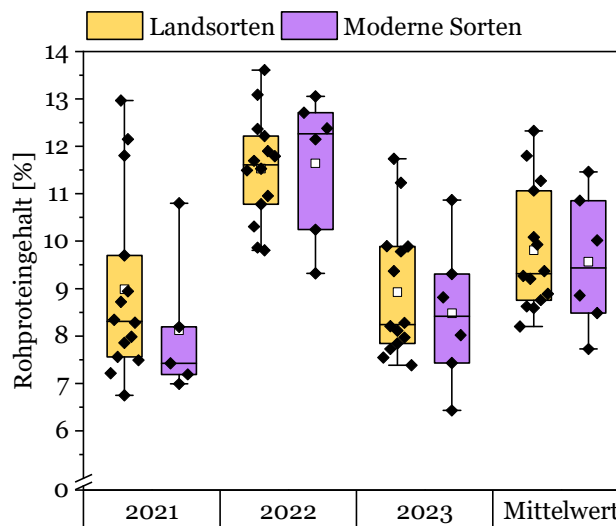


Abbildung 7. Rohproteingehalt der Landsorten (n = 14) und modernen Sorten (n = 5 für 2021, n = 6 für die anderen Jahre und den Mittelwert). Boxplots zeigen den Interquartilbereich (Box), den Mittelwert (weißes Quadrat), den Median (horizontale Linie) sowie Minima und Maxima (Whisker). Einzelne Sorten werden innerhalb der Boxplots angezeigt (schwarze Rauten). Abbildung modifiziert nach Jahn *et al.* (2024).

Im Jahr 2021 war der Mittelwert der Landsorten bei 9,0 %, während er bei den modernen Sorten etwas niedriger war (8,1 %). Ähnlich dazu war auch im Jahr 2023 der Mittelwert der Landsorten etwas höher (8,9 %) als der der modernen Sorten (8,5 %). Der geringste Unterschied zwischen den Mittelwerten der beiden Gruppen war 2022 mit Werten von 11,5 % für die Landsorten und 11,6 % für die modernen Sorten.

Alles in allem gab es in allen drei Jahren nur geringe Unterschiede zwischen den beiden Gruppen. Dies bestätigte sich bei der Betrachtung des Mittelwerts über drei Jahre, der einen mittleren Rohproteingehalt von 9,8 % für die Landsorten und 9,6 % für die modernen Sorten ergab. Die Werte sind damit etwas niedriger als die von Weichweizensorten aus anderen Studien (Call *et al.*, 2020, Geisslitz *et al.*, 2019, Geisslitz *et al.*, 2018b), was vermutlich damit zusammen hängt, dass die Sorten in diese Studie unter ökologischen Bedingungen, also ohne Einsatz von Dünger, angebaut wurden. Die Mittelwerte von Landsorten und modernen Sorten in der vorliegenden Arbeit unterschieden sich nicht signifikant. Prandi *et al.* (2017) fanden ebenfalls keine Trends für den Proteingehalt zwischen alten (bereits vor 1914 existierenden) und modernen (erst nach 1918 entstandenen) *Triticum* Arten.

Es fällt auf, dass die Erntejahre 2021 und 2023 ähnliche Rohproteingehalte sowohl für die Landsorten als auch für die modernen Sorten aufwiesen. Im Jahr 2022 war der Rohproteingehalt bei fast allen Sorten am höchsten. Die einzige Ausnahme bildete die Landsorte WEI, die im Jahr 2021 den höchsten Rohproteingehalt aufwies (13,0 %). Eine zweifaktorielle Varianzanalyse (*Analysis of variance*, ANOVA) wurde durchgeführt, um den Einfluss des Erntejahres sowie den genetischen Einfluss (Landsorte oder moderne Sorte) zu überprüfen. Die ANOVA bestätigte, dass nur das Erntejahr ( $F = 20,34$ ,  $p < 0,0001$ ) einen Einfluss auf den Proteingehalt hatte und der Einfluss der Genetik ( $F = 0,81$ ,  $p = 0,3708$ ) dafür nicht signifikant war.

Pronin *et al.* (2020), die Sorten analysierten, die erstmals zwischen 1891 und 2010 registriert wurden und in drei Jahren angebaut wurden, stellten ebenfalls fest, dass die Umwelteinflüsse je nach Erntejahr einen größeren Einfluss auf den Rohproteingehalt hatten als die Sorte. Da in unserer Studie der Standort, an dem die Sorten angebaut wurden, in allen drei Jahren derselbe war und keine Düngung erfolgte, zählen zu den Umweltfaktoren hauptsächlich klimatische Faktoren. Temperaturen, Niederschlag und Sonnenstunden haben unterschiedliche Auswirkungen auf den Proteingehalt und die Zusammensetzung. Insbesondere wenn die Pflanzen keine Düngung erhalten, können höhere Temperaturen zu einem erhöhten Proteingehalt führen (Dupont und Altenbach, 2003).

Nach Vollmer und Musshoff (2018) können die Auswirkungen der Witterungsbedingungen auf den Proteingehalt je nach Monat variieren. Die durchschnittliche Niederschlagsmenge sowie die durchschnittliche Temperatur der verschiedenen Monate während der Anbauzeit für den Standort, an dem die Sorten angebaut wurden sind dem Anhang zu entnehmen (Tabelle 17).

Höhere Temperaturen im Mai und Juli führen zu einem höheren Proteingehalt. Da der Mittelwert für Mai im Jahr 2022 höher war (16,0 °C) als die Werte in den Jahren 2021 und 2023 (11,8 °C und 14,8 °C), könnte dies eine Erklärung für den höheren Proteingehalt im Jahr 2022 sein. Höhere Niederschläge im April und Juni führen ebenfalls zu einem höheren Proteingehalt, während hohe Niederschläge im Juli zu einem niedrigeren Gehalt führen. Da im Jahr 2022 die Niederschläge im Juni höher waren (103,2 mm) als in den beiden anderen Jahren (90,6 mm und 32,5 mm) und die Niederschläge im Juli in den Jahren 2021 und 2023 viel höher waren als im Jahr 2022 (118,8 mm und 101,7 mm im Vergleich zu 39,9 mm), könnte dies eine weitere Erklärung für den höheren Proteingehalt im Jahr 2022 sein. Generell fällt auf, dass im Jahr 2022 im Vergleich zu den Jahren 2021 und 2023 in den Monaten Februar, März und Juli weniger Niederschlag fiel. Es ist jedoch zu beachten, dass auch andere Umweltfaktoren einen Einfluss auf den Proteingehalt haben können.

### 3.1.2 VERGLEICH PROTEINGEHALT NACH DUMAS UND NACH OSBORNE

Wurden die Rohproteingehalte nach DUMAS mit den Proteingehalten nach Osborne (Summe aller Osborne-Fractionen, gemessen mit RP-HPLC) verglichen (Tabelle 16 und Tabelle 18), fiel auf, dass die Proteingehalte nach Osborne geringfügig höher waren als die mittels DUMAS gemessenen (Faktor 1,07). Es wurde eine starke positive Korrelation ( $r = 0,99$ ) gefunden (Abbildung 8).

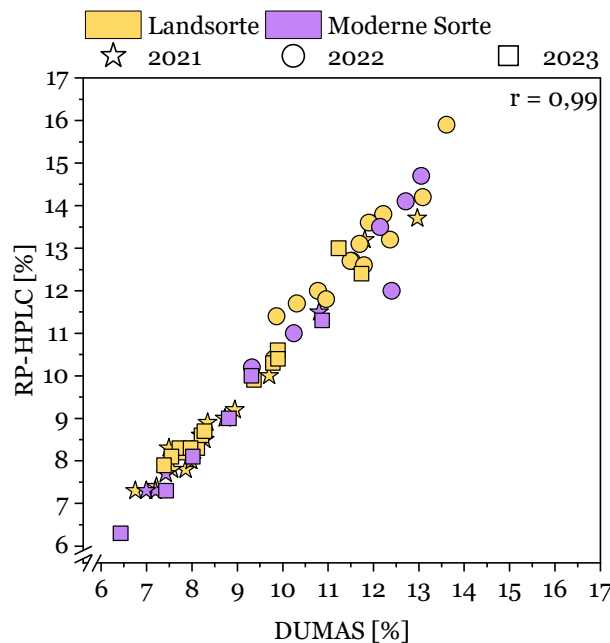


Abbildung 8. Korrelationsdiagramm der Weichweizenproben zur Darstellung des Zusammenhangs zwischen den beiden Methoden Umkehrphasen-Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (RP-HPLC) und DUMAS zur Bestimmung des Gesamtproteingehaltes. Pearson  $r$  zeigt mit 0,99 eine starke positive Korrelation.

Ähnliche Ergebnisse wurden von Call *et al.* (2020) gefunden. In dieser Studie waren die mit RP-HPLC gemessenen Gehalte ebenfalls höher (11,7-19,8 %) als die, welche mittels DUMAS-Methode (11,9-16,8 %) gemessen wurden. Es gab ebenso eine starke positive Korrelation.

Die geringen Abweichungen kommen vermutlich aufgrund der verschiedenen Methoden und unterschiedlichen Kalibrierungen zustande. Während bei der DUMAS-Methode der Stickstoff über eine Ethylendiamintetraacetat-Kalibrierung bestimmt und mit einem Faktor in den Proteingehalt umgerechnet wird, wird bei der Osborne-Methode mittels des PWG-Gliadins quantifiziert.

### 3.1.3 PROTEINZUSAMMENSETZUNG

Die Proteinzusammensetzung wurde mittels RP-HPLC bestimmt. Die Anteile von Albuminen und Globulinen, Gliadinen und Gluteninen wurden im Verhältnis zum Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) berechnet, um die Schwankungen im Proteingehalt über die drei Jahre hinweg zu eliminieren (Abbildung 9). Eine detaillierte Auflistung der Zahlenwerte der einzelnen Sorten befindet sich im Anhang (Tabelle 19-Tabelle 22).

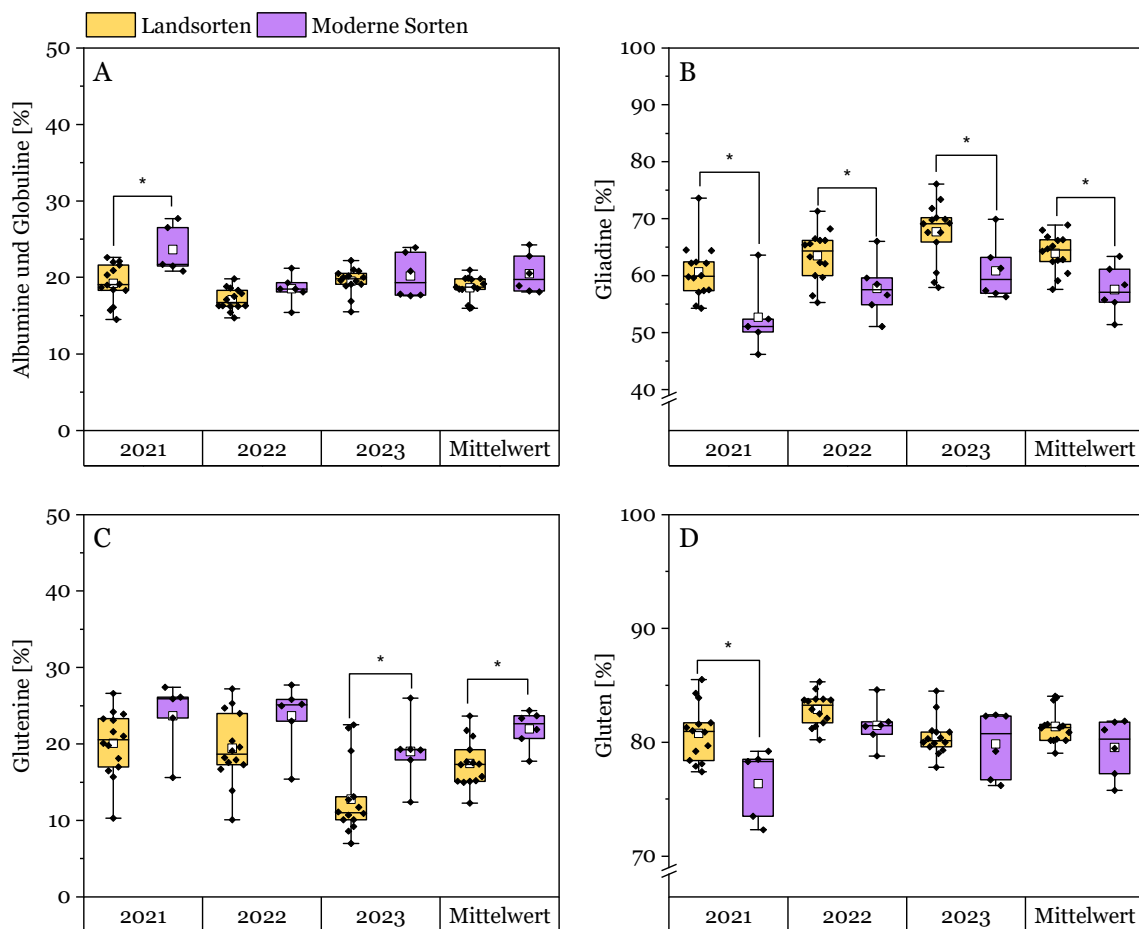


Abbildung 9. Relativer Anteil der Albumine und Globuline (A), Gliadine (B), Glutenine (C) und Gluten (D) am Gesamtproteingehalt (Summe aus allen Fraktionen) der Landsorten ( $n = 14$ ) und modernen Sorten ( $n = 5$  für 2021,  $n = 6$  für die anderen Jahre und den Mittelwert). Signifikante Unterschiede (einfaktorielle ANOVA, Tukey's Test  $p < 0,05$ ) werden durch den \* angezeigt.

In allen drei Jahren war der Anteil an Albuminen und Globulinen bei den modernen Sorten geringfügig höher, aber nur im Jahr 2021 gab es einen signifikanten Unterschied zwischen den Landsorten (19,2 %) und den modernen Sorten (23,6 %). Die Anteile der Albumine und Globuline unterschieden sich im Mittel über die drei Jahre bei den modernen Sorten (20,5 %) und den Landsorten (18,6 %) nicht. Es wurde eine zweifaktorielle ANOVA durchgeführt, um herauszufinden, ob das Erntejahr oder der genetische Hintergrund (Landsorte oder moderne Sorte) einen stärkeren Einfluss auf den Anteil der Albumine und Globuline hatte. Die Analyse ergab, dass sowohl das Jahr ( $F = 11,24$ ,  $p < 0,0001$ ) als auch die Sorte ( $F = 11,95$ ,  $p = 0,0011$ ) einen etwa gleich großen Einfluss hatten.

Der mittlere Anteil der Albumine und Globuline der modernen Sorten liegt im Bereich dessen der Weichweizensorten von Geisslitz *et al.* (2018b) (25,3 %). Die Anteile der Landsorten und modernen Sorten liegen beide im Bereich der von Pronin *et al.* (2020) analysierten Albumine und Globuline in Sorten, die erstmalig zwischen 1891 und 2010 registriert wurden (16,9-25,5 %). Sie stellten ebenfalls keinen Unterschied zwischen den alten und neuen Sorten fest.

Die Anteile der Gliadine der Landsorten und der modernen Sorten waren in den drei Jahren jeweils in ähnlichen Bereichen. Bei den modernen Sorten waren 2021, 2022 und 2023 die Anteile 60,7 %, 63,5 % und 67,7 % und bei den Landsorten 52,7 %, 57,8 % und 60,8 %. Der Anteil der Gliadine war in allen drei Jahren bei den Landsorten signifikant höher. Der Mittelwert berechnet aus allen drei Jahren war bei den Landsorten ebenfalls signifikant höher (64,0 %) als bei den modernen Sorten (57,6 %). Im Gegensatz dazu war der Anteil der Glutenine bei den Landsorten in allen Jahren niedriger, aber nur im Erntejahr 2023 war dieser Unterschied signifikant. Der Mittelwert aus allen drei Jahren war ebenfalls signifikant niedriger (17,4 %) als bei den modernen Sorten (22,0 %). Eine zweifaktorielle ANOVA ergab, dass der Anteil der Gliadine stärker von der Genetik (Landsorte oder moderne Sorte) ( $F = 21,76$ ,  $p < 0,0001$ ) als vom Jahr ( $F = 8,68$ ,  $p = 0,0006$ ) beeinflusst wurde. Dasselbe galt für die Glutenine ( $F = 12,69$ ,  $p = 0,0008$ ;  $F = 8,87$ ,  $p = 0,0005$ ).

Die Werte der modernen Sorten lagen im gleichen Bereich wie die analysierten modernen Sorten von Geisslitz *et al.* (2018b), die einen mittleren Anteil von 53,3 % für die Gliadine und 21,4 % für die Glutenine aufwiesen. Pronin *et al.* (2020) fanden ebenfalls einen signifikant höheren Anteil der Gliadine und einen signifikant niedrigeren Anteil der Glutenine in den älteren Sorten.



Da der Anteil der Gliadine bei den Landsorten höher und der Anteil der Glutenine niedriger war, war der von Gluten bei den Landsorten und den modernen Sorten ähnlich. Da der Gliadinanteil aber den größeren Teil ausmacht und Landsorten einen höheren Anteil an Gliadinen aufweisen, war der Glutenanteil in allen Jahren bei den Landsorten geringfügig höher, aber nur im Jahr 2021 gab es einen signifikanten Unterschied. Über alle drei Jahre gemittelt unterschied sich der Anteil der Landsorten (81,4 %) nicht von dem von modernen Sorten (79,6 %). Die Ergebnisse von Pronin *et al.* (2020) zeigen ebenfalls, dass es keine Veränderungen in der Glutenmenge, sondern lediglich in der Glutenzusammensetzung gab. Infolge des Rückgangs der Gliadine und des gleichzeitigen Anstiegs der Glutenine von den Landsorten hin zu den modernen Sorten, kam es ebenfalls zu einem niedrigeren Gliadin/Glutenin-Verhältnis (Abbildung 10).

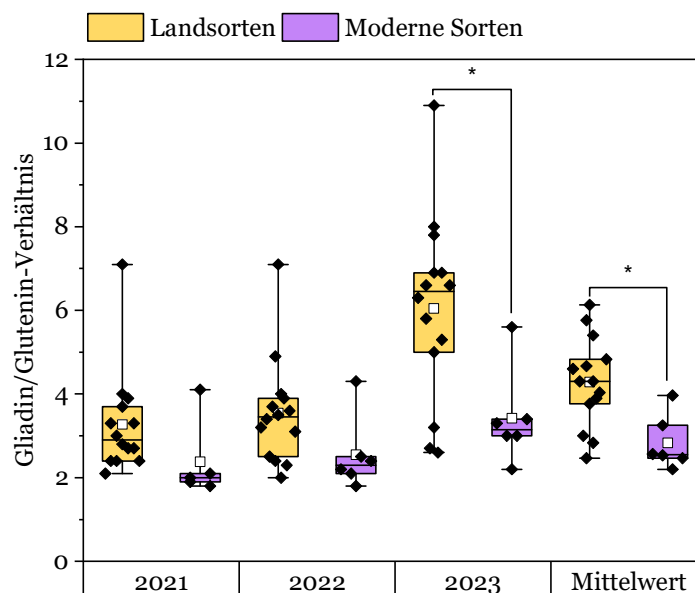


Abbildung 10. Gliadin/Glutenin-Verhältnis der Landsorten ( $n = 14$ ) und modernen Sorten ( $n = 5$  für 2021,  $n = 6$  für die anderen Jahre und den Mittelwert). Boxplots zeigen den Interquartilbereich (Box), den Mittelwert (weißes Quadrat), den Median (horizontale Linie) sowie Minima und Maxima (Whisker). Einzelne Sorten werden innerhalb der Boxplots angezeigt (schwarze Rauten). Signifikante Unterschiede (einfaktorielle ANOVA, Tukey's Test  $p < 0,05$ ) werden durch den \* angezeigt.

Der Mittelwert der drei Jahre war bei den Landsorten (4,3) signifikant höher als bei den modernen Sorten (2,8). Dieser Unterschied kommt vor allem durch die große Differenz im Erntejahr 2023 zustande. Hier lag der Mittelwert der Landsorten bei 6,0 und der der modernen Sorten war mit 3,4 fast um die Hälfte niedriger. Die Jahre 2021 und 2022 waren mit Verhältnissen von 3,3 und 3,5 für die Landsorten und 2,4 und 2,6 für die modernen Sorten sehr ähnlich. Ähnliche Verhältnisse von 2,0-3,2 (Geisslitz *et al.*, 2018b) und 1,8-3,8 (Geisslitz *et al.*, 2019) wurden auch in anderen Arbeiten gefunden. Insgesamt hatten die Landsorten in allen Jahren ein höheres

Gliadin/Glutenin-Verhältnis als die modernen Sorten. Call *et al.* (2020) untersuchten Weichweizensorten aus den Jahren 1850-2016 und fanden ebenfalls niedrigere Gliadin/Glutenin-Verhältnisse bei den modernen Sorten. Durch den niedrigeren Gliadin- und höheren Gluteninanteil in den modernen Sorten fanden Pronin *et al.* (2020) bei diesen auch niedrigere Verhältnisse als bei den alten Sorten.

Die Landsorten FLW und SDL hatten den niedrigsten Anteil an Albuminen und Globulinen (jeweils 16,0 %), dafür aber den höchsten Anteil an Gluten (jeweils 84,0 %). Drei der vier höchsten Anteile an Albuminen und Globulinen wurde in den modernen Sorten RGT (24,3 %), BOS (22,8 %) und ELX (20,5 %) gefunden. Die moderne Sorte RGT wies den niedrigsten Anteil an Gliadinen und den höchsten mittleren Anteil an Gluteninen (24,4 %) sowie Albuminen und Globulinen auf. Einige Landsorten in dieser Studie wiesen jedoch in allen drei Jahren niedrige Gliadin/Glutenin-Verhältnis auf, wie WEF (2,1-3,2) und EGH (2,3-2,7), welche vergleichbar mit den modernen Sorten waren.

### 3.1.4 GLUTENPROTEINZUSAMMENSETZUNG

Die Glutenproteine wurden weiter unterteilt in  $\omega$ 5-,  $\omega$ b-,  $\omega$ 1,2-,  $\alpha$ - und  $\gamma$ -Gliadine sowie HMW-GS und LMW-GS. Die Gehalte wurden als relativer Anteil am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) berechnet. Da die Anteile der einzelnen Fraktionen in den drei Jahren ähnlich waren (Tabelle 23-Tabelle 25), sind nur die Mittelwerte über drei Jahre dargestellt (Abbildung 11). Eine detaillierte Auflistung der Zahlenwerte der einzelnen Sorten befindet sich im Anhang (Tabelle 26).

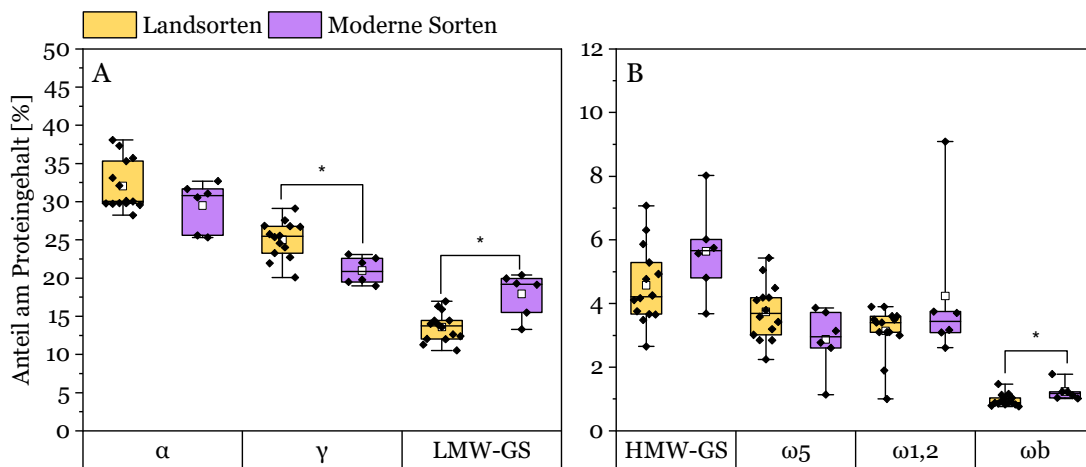


Abbildung 11. Glutenproteine von Landsorten (n = 14) und modernen Sorten (n = 6) als Mittelwert aus allen drei Erntejahren. Dargestellt sind die relativen Anteile von  $\alpha$ -Gliadinen ( $\alpha$ ),  $\gamma$ -Gliadinen ( $\gamma$ ) und niedermolekularen Gluteninuntereinheiten (LMW-GS) (A) sowie die relativen Anteile von hochmolekularen Gluteninuntereinheiten (HMW-GS),  $\omega$ 5-Gliadinen ( $\omega$ 5),  $\omega$ 1,2-Gliadinen ( $\omega$ 1,2) und  $\omega$ b-Gliadinen ( $\omega$ b) (B). Signifikante Unterschiede (einfaktorielle ANOVA, Tukey's Test  $p < 0,05$ ) werden durch den \* angezeigt. Abbildung modifiziert nach Jahn *et al.* (2024).

Sowohl bei den Landsorten als auch bei den modernen Sorten hatten die  $\alpha$ -Gliadine die höchsten Anteile am Gesamtprotein (28,2-38,1 % bei Landsorten und 25,3-32,7 % bei modernen Sorten), gefolgt von den  $\gamma$ -Gliadinen (20,1-29,1 % bzw. 19,0-23,1 %). Die LMW-GS lagen zwischen 10,5 % und 17,0 % bei den Landsorten und zwischen 13,3 % und 20,4 % bei den modernen Sorten. Die HMW-GS lagen bei 2,7-7,1 % bzw. 3,7-8,0 %. Bei den Landsorten war der Anteil der  $\omega$ 5-Gliadine höher (2,2-5,4 %) als der der  $\omega$ 1,2-Gliadine (1,0-3,9 %). Bei den modernen Sorten war es umgekehrt, da der Anteil der  $\omega$ 1,2-Gliadine (2,6-9,1 %) höher war als der der  $\omega$ 5-Gliadine (1,1-3,9 %). Die  $\omega$ b-Gliadine hatten mit Werten zwischen 0,8 % und 1,5 % (Landsorten) sowie zwischen 1,0 % und 1,8 % (moderne Sorten) von allen Glutenproteinen den geringsten Anteil am Gesamtproteingehalt. Die Anteile sind vergleichbar mit denen der Weichweizensorten, welche von Geisslitz *et al.* (2018b) analysiert wurden.

### 3 ERGEBNISSE UND DISKUSSION

Der Mittelwert der  $\alpha$ -Gliadine war in der Gruppe der Landsorten (32,0 %) etwas höher als in der Gruppe der modernen Sorten (29,5 %). Die Landsorte WAR wies mit 37,3 % den höchsten Anteil an  $\alpha$ -Gliadinen auf, während die moderne Sorte BOS den niedrigsten Anteil (25,3 %) hatte. Dasselbe galt für die  $\gamma$ - und  $\omega_5$ -Gliadine mit Mittelwerten von 25,0 % und 3,7 % bei den Landsorten und 21,0 % und 2,9 % bei den modernen Sorten, wobei der Unterschied nur bei den  $\gamma$ -Gliadinen signifikant war. Der Mittelwert der  $\omega_{1,2}$ -Gliadine war bei den modernen Sorten (4,3 %) höher als bei den Landsorten (3,1 %), aber nur, weil die Probe BOS einen sehr hohen Anteil von 9,1 % aufwies. Diese moderne Sorte BOS hatte in allen drei Erntejahren sehr viel höhere Werte als die anderen modernen Sorten (8,2 %, 9,5 % und 9,6 %). Ohne Berücksichtigung dieser Sorte gab es in allen drei Jahren keinen Unterschied zwischen den beiden Gruppen (3,3 % bzw. 3,1 %). Insgesamt waren alle Gliadintypen mit Ausnahme der  $\omega_{1,2}$ -Gliadine in der Gruppe der Landsorten höher. Da der Gliadinanteil auch höher war, passen diese Ergebnisse zu denen der Proteinzusammensetzung (Kapitel 3.1.3). Insgesamt hatten sowohl das Erntejahr als auch die Genetik (Landsorte oder moderne Sorte) einen signifikanten Einfluss auf die Anteile der  $\alpha$ - und  $\gamma$ -Gliadine. Bei den  $\omega_5$ - und  $\omega_{1,2}$ -Gliadinen hatte jeweils nur der genetische Faktor einen Einfluss (Tabelle 4).

Tabelle 4. Ergebnisse der zweifaktoriellen Varianzanalysen der Weichweizensorten (Tukey's Test  $p < 0,05$ ).

Parameter	Faktor 1: Erntejahr (2021, 2022, 2023)		Faktor 2: Genetik (Landsorte oder moderne Sorte)	
	F-Wert	p-Wert	F-Wert	p-Wert
$\alpha$ -Gliadine	5,45	0,0069	6,86	0,0113
$\gamma$ -Gliadine	5,13	0,0091	29,88	< 0,0001
$\omega_5$ -Gliadine	2,74	0,0736	7,61	0,0079
$\omega_{1,2}$ -Gliadine	0,43	0,6515	6,78	0,0118
LMW-GS	15,83	< 0,0001	15,62	0,0002
HMW-GS	30,09	< 0,0001	7,89	0,0069
$\omega_b$ -Gliadine	37,19	< 0,0001	6,25	0,0155

Call *et al.* (2020) untersuchten ebenfalls die Auswirkungen der Züchtung auf die Proteinzusammensetzung von Weizen. Ihre Studie bestätigte diese Ergebnisse, dass alte Sorten höhere Anteile an  $\alpha$ - und  $\gamma$ -Gliadinen aufwiesen. Pronin *et al.* (2020) berichteten über ähnliche Ergebnisse und zeigten einen abnehmenden Trend für  $\alpha$ - und  $\gamma$ -Gliadine, aber keine Veränderungen bei  $\omega$ 5- und  $\omega$ 1,2-Gliadinen zwischen 1891 und 2010. Einen signifikant niedrigeren Anteil an  $\alpha$ -Gliadinen in kultivierten Weizensorten im Vergleich zu den wilden Vorfahren von Weich- und Hartweizen fanden auch Ozuna und Barro (2018).

Alle Glutenintypen waren in der Gruppe der modernen Sorten höher, wobei es nur bei den  $\omega$ b-Gliadinen und den LMW-GS einen signifikanten Unterschied gab. Dies stimmt auch mit der Proteinzusammensetzung überein, denn die modernen Sorten hatten generell einen höheren Gluteninanteil. Die  $\omega$ b-Gliadine hatten in der Gruppe der Landsorten einen Mittelwert von 1,0 % und in der Gruppe der modernen Sorten von 1,2 %. Die LMW-GS der Landsorten und der modernen Sorten hatten relative Anteile von 13,6 % bzw. 17,9 %. Der Mittelwert des HMW-GS bei den modernen Sorten betrug 5,7 % im Vergleich zu 4,6 % in der Gruppe der Landsorten. Die moderne Sorte BOS (8,0 %) hatte den höchsten Wert, die Landsorte WAR (2,7 %) den niedrigsten. Bei den Gluteninen wurde bei den LMW-GS, den HMW-GS und den  $\omega$ b-Gliadinen ein signifikanter Einfluss von Jahr und Genetik gefunden, wobei bei letzteren zwei der Einfluss des Erntejahres sehr viel höher war (Tabelle 4).

Geringere Anteile an Gluteninen und Gluteninuntereinheiten für die alten Sorten wurden auch durch die Studie von Pronin *et al.* (2020) bestätigt. Ein höherer Gehalt an HMW-GS in modernen Sorten wurde auch von Call *et al.* (2020) und Pronin *et al.* (2020) festgestellt. Dies ist wichtig, da hohe Gehalte an HMW-GS und niedrige Gliadin/Glutenin-Verhältnisse positiv mit einem hohen Brotvolumen korreliert sind (Geisslitz *et al.*, 2018b). Diese Ergebnisse könnten darauf hindeuten, dass moderne Sorten eine bessere Backqualität aufweisen als Landsorten. Um diese Hypothese zu überprüfen, wurden Backversuche durchgeführt.

### 3.1.5 BROTVOLUMEN

Die Brotvolumina der Landsorten sind in Abbildung 12 dargestellt. Eine detaillierte Auflistung der Brotvolumina der einzelnen Sorten befindet sich im Anhang (Tabelle 27). Sie lagen zwischen 480 mL (FLW in 2021) und 745 mL (SDL in 2022). Die der modernen Sorten lagen in einem ähnlichen Bereich mit 480 mL (ELX in 2021) und 730 mL (KWS in 2022).

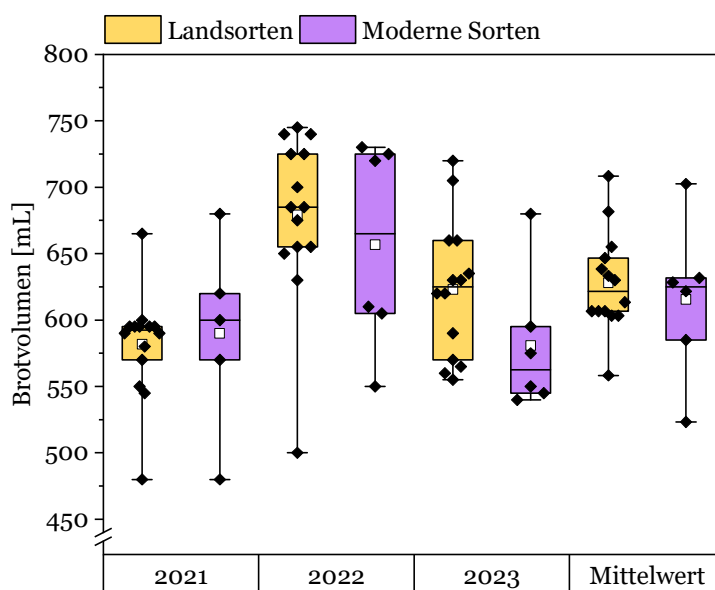


Abbildung 12. Brotvolumina der Landsorten ( $n = 14$ ) und modernen Sorten ( $n = 5$  für 2021,  $n = 6$  für die anderen Jahre und den Mittelwert). Boxplots zeigen den Interquartilbereich (Box), den Mittelwert (weißes Quadrat), den Median (horizontale Linie) sowie Minima und Maxima (Whisker). Einzelne Sorten werden innerhalb der Boxplots angezeigt (schwarze Rauten).

Im Jahr 2022 waren die Mittelwerte für beide Gruppen am höchsten (Landsorten 679 mL, moderne Sorten 657 mL), wobei der Mittelwert für die Landsorten geringfügig höher war als bei den modernen Sorten. Im Jahr 2023 war dies auch der Fall, die Landsorten hatten einen Mittelwert von 679 mL, die modernen Sorten lagen bei 657 mL. Lediglich im Jahr 2021 war der Mittelwert der modernen Sorten (590 mL) fast genauso hoch wie der der Landsorten (582 mL). Die Landsorte EGH fiel besonders auf, da sie in allen drei Jahren höhere Werte als der jeweilige Mittelwert aufwies (2021: 665 mL, 2022: 740 mL, 2023: 720 mL). Die moderne Sorte ELX hingegen wies in allen drei Jahren Werte auf, die deutlich unter dem Mittelwert lagen (2021: 480 mL, 2022: 550 mL, 2023: 540 mL). Insgesamt gab es jedoch in keinem der Jahre einen signifikanten Unterschied (einfaktorielle ANOVA) zwischen den beiden Gruppen. Dasselbe galt für die gemittelten Brotvolumina aus allen drei Jahren. Die Werte für die Landsorten lagen zwischen 558 mL (WAR) und 708 mL (EGH), was zu einem Mittelwert von 628 mL führte. Für

die modernen Sorten ergaben sich Volumina zwischen 585 mL (RGT) und 703 mL (WIW) was in einem Mittelwert von 615 mL resultierte. Insgesamt hatte nur das Jahr einen signifikanten Einfluss auf das Brotvolumen ( $F = 12,57$ ,  $p < 0,0001$ ), die Genetik hingegen nicht ( $F = 1,47$ ,  $p = 0,2302$ ).

Preiti *et al.* (2022) fanden ebenfalls keine Unterschiede in den Brotvolumina von Landsorten (413 mL) und modernen Sorten (418 mL). Generell waren die Volumina bei Preiti *et al.* (2022) etwas niedriger als die hier ermittelten, was vermutlich auf die unterschiedliche Rezeptur und Zubereitungsmethode zurückzuführen ist.

Eine Pearson-Korrelationsanalyse zwischen den HMW-GS und dem Brotvolumen ergab keine Korrelation ( $r = 0,50$ ). Im Korrelationsdiagramm (Abbildung 13A) grenzten sich die einzelnen Erntejahre teilweise optisch ab. Während die Sorten aus 2021 niedrige bis mittlere HMW-GS-Gehalte (ca. 2-6 mg/g) und niedrige bis mittlere Brotvolumina (ca. 470-600 mL) aufwiesen, hatten die Sorten von 2022 mittlere bis hohe HMW-GS-Gehalte (ca. 5-12 mg/g) und hohe Brotvolumina (ca. 650-750 mL). Für die Proben aus dem Erntejahr 2023 waren niedrige Gehalte an HMW-GS (ca. 1-4 mg/g) und mittlere bis hohe Brotvolumina (ca. 550-700 mL) charakteristisch.

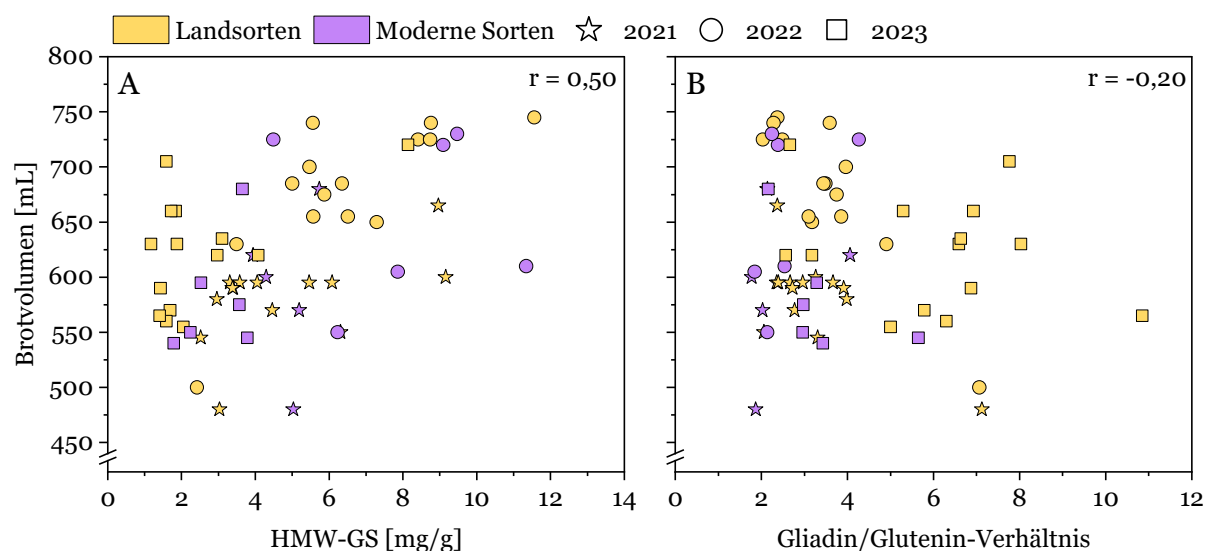


Abbildung 13. Korrelationsdiagramm zur Darstellung des Zusammenhangs zwischen dem Brotvolumen und den hochmolekularen Gluteninuntereinheiten (HMW-GS) (A) sowie dem Gliadin/Glutenin-Verhältnis (B) der Weichweizenproben aus allen drei Jahren. Pearson  $r$  zeigt mit 0,50 und -0,20 keine Korrelationen an.

Es wurde außerdem keine Korrelation ( $r = -0,20$ ) zwischen dem Gliadin/Glutenin-Verhältnis und dem Brotvolumen festgestellt. Nichtsdestotrotz tendierten die modernen Sorten dazu, sich in der unteren Hälfte des Korrelationsdiagramms (Abbildung 13B) zu gruppieren, mit niedrigem Gliadin/Glutenin-Verhältnis (ca. 2-4) und Brotvolumina zwischen etwa 500 mL und 625 mL. Diese Abbildung zeigt ebenfalls, dass eine grobe Unterscheidung zwischen den verschiedenen Erntejahren getroffen werden kann, unabhängig davon, ob es sich um eine Landsorte oder eine moderne Sorte handelt. Die meisten Sorten aus dem Jahr 2021 wiesen relativ niedrige Gliadin/Glutenin-Verhältnisse (2-4, mit Ausnahme von 7,1 von FLW) und Brotvolumina bis zu 600 mL auf. Der Großteil der Sorten aus dem Jahr 2022 wies ebenfalls ein Gliadin/Glutenin-Verhältnis zwischen 2 und 4 auf, hatte aber im Vergleich zu 2021 höhere Brotvolumina zwischen 600 mL und 745 mL. Die Proben aus dem Erntejahr 2023 wiesen mit Werten zwischen 2,2 und 10,9 bzw. zwischen 540 mL und 720 mL die größte Bandbreite von Gliadin/Glutenin-Verhältnis und Brotvolumen auf.

Diese Ergebnisse stehen im Widerspruch zu denen von Geisslitz *et al.* (2018b). Hier waren hohe Gehalte an HMW-GS und niedrige Gliadin/Glutenin-Verhältnisse positiv mit einem hohen Brotvolumen korreliert. Zwar wurden in dieser Studie Spearman- statt Pearson-Korrelationen durchgeführt, aber auch mithilfe der Spearman-Korrelation wurde in der vorliegenden Arbeit kein Zusammenhang zwischen dem Brotvolumen und dem Gehalt an HMW-GS ( $r = 0,49$ ) und dem Gliadin/Glutenin-Verhältnis ( $r = -0,14$ ) in Weichweizenproben gefunden. Vermutlich hängt die unterschiedliche Beobachtung mit der Art der Backversuche und der Probenanzahl zusammen. Die Probenanzahl bei Geisslitz *et al.* (2018b) war viel größer ( $n = 40$ ) und es wurden Mikrobackversuche durchgeführt.



### 3.1.6 AMYLASE/TRYPsin-INHIBITOREN

Bei den Weichweizensorten wurden der Gehalt sowie die Zusammensetzung und die inhibitorische Aktivität der ATIs analysiert.

#### 3.1.6.1 GEHALT

Der ATI-Gehalt aller Proben wurde als Summe der 13 ATIs berechnet (Abbildung 14A). Eine detaillierte Auflistung der Gehalte der einzelnen Sorten befindet sich im Anhang (Tabelle 28). In den Jahren 2021 und 2023 war der ATI-Gehalt von Landsorten und modernen Sorten ähnlich. Im Jahr 2021 hatten die Landsorten einen ATI-Gehalt zwischen 5,7 und 7,5 mg/g, während die modernen Sorten Gehalte zwischen 5,2 mg/g und 7,1 mg/g aufwiesen. Im Jahr 2023 lag der Gehalt bei 5,1-6,8 mg/g bzw. 4,9-7,1 mg/g. Im Erntejahr 2022 war der ATI-Gehalt am höchsten. Die Gehalte der Landsorten lagen zwischen 7,3 mg/g und 10,3 mg/g, die der modernen Sorten zwischen 6,8 mg/g und 10,4 mg/g. Eine zweifaktorielle ANOVA bestätigte, dass das Erntejahr einen größeren Einfluss auf den ATI-Gehalt hatte ( $F = 52,70$ ,  $p < 0,0001$ ) als der genetische Hintergrund (moderne Sorte oder Landsorte;  $F = 0,45$ ,  $p = 0,5038$ ).

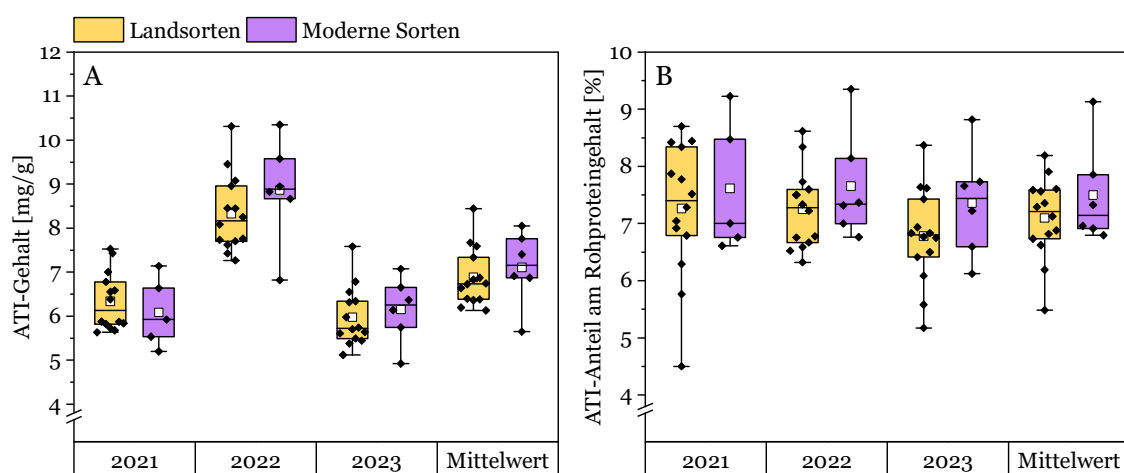


Abbildung 14. Amylase/Trypsin-Inhibitor (ATI)-Gehalt und -Anteil am Rohprotein der Landsorten ( $n = 14$ ) und modernen Sorten ( $n = 5$  für 2021,  $n = 6$  für die anderen Jahre und den Mittelwert). Boxplots zeigen den Interquartilbereich (Box), den Mittelwert (weißes Quadrat), den Median (horizontale Linie) sowie Minima und Maxima (Whisker). Einzelne Sorten werden innerhalb der Boxplots angezeigt (schwarze Rauten). Abbildung modifiziert nach Jahn *et al.* (2025a).

Um einen besseren Vergleich zu ermöglichen, wurden die ATI-Werte auch als Anteil am Rohproteingehalt berechnet (Abbildung 14B, Tabelle 29). Im Gegensatz zum absoluten Gehalt waren die ATI-Anteile in den einzelnen Jahren untereinander ähnlicher. Dieses ist darauf zurückzuführen, dass sowohl der ATI- als auch der Rohproteingehalt im Jahr 2022 am höchsten waren. Der Korrelationskoeffizient von  $r = 0,76$  zeigte eine mittlere Korrelation zwischen dem ATI- und dem Rohproteingehalt. Die mittleren ATI-Anteile für die Jahre 2021, 2022 und 2023 betrugen 7,3 %, 7,2 % und 6,8 % für Landsorten bzw. 7,6 %, 7,7 % und 7,4 % für moderne Sorten. Daraus ergaben sich Mittelwerte von 7,1 % und 7,5 % für alle drei Jahre.

Geisslitz *et al.* (2023) fanden ebenfalls Unterschiede zwischen den drei Erntejahren, mit Mittelwerten von 6,3, 5,0 und 2,3 mg/g für die Jahre 2015, 2017 und 2019. Insgesamt lagen die ATI-Gehalte und -Anteile in ähnlichen Bereichen wie die von anderen Studien. Weichweizenproben von Geisslitz *et al.* hatten Werte von 3,5-4,5 mg/g und 3,3-5,3 % (2020) und 3,8-5,5 mg/g, was zu Anteilen von 2,4-8,2 % führte (2023).

Es wurden keine signifikanten Unterschiede im ATI-Gehalt oder -Anteil zwischen Landsorten und modernen Sorten festgestellt (einfaktorielle ANOVA), weder in den einzelnen Jahren noch im Durchschnitt aller Jahre. Geisslitz *et al.* (2023), die 60 Winterweizensorten von 1891 bis 2010 aus drei Erntejahren analysierten, fanden ebenfalls keine Veränderungen im ATI-Gehalt und -Anteil von 1891 bis 1970 und danach lediglich einen schwach rückläufigen Trend. Call *et al.* (2020) fanden ebenfalls keinen signifikanten Trend für den ATI-Gehalt von Weichweizensorten aus dem Zeitraum 1850 bis 2016. Die Analyse von 33 Weichweizensorten aus den Jahren 1915-2020 ergab ebenfalls keinen signifikanten Anstieg des ATI-Gehalts (Bajgain *et al.*, 2023). El Hassouni *et al.* (2021) untersuchten 149 Weizensorten, welche zwischen 1921 und 2013 registriert wurden, und fanden ebenfalls keinen Unterschied zwischen alten und neuen Sorten.

Es gab jedoch Sorten, die in allen drei Jahren konstante ATI-Gehalte aufwiesen. Die Landsorte EGH wies mit 8,4 mg/g den höchsten mittleren Gehalt an ATIs auf (und auch den höchsten Wert in jedem Jahr separat: 7,4 mg/g im Jahr 2021, 10,3 mg/g im Jahr 2022 und 7,6 g/g im Jahr 2023). Die moderne Sorte RGT wies in allen drei Jahren mit 9,2 % im Jahr 2021, 9,3 % im Jahr 2022 und 8,8 % im Jahr 2023 den höchsten Anteil an ATIs auf, was auch den höchsten Mittelwert (8,4 %) über alle drei Jahre ergab. Die moderne Sorte ELX hatte in allen drei Jahren den niedrigsten ATI-Gehalt (5,2 mg/g, 6,8 mg/g und 4,9 mg/g) und damit auch den niedrigsten Mittelwert (5,6 mg/g). Die Landsorte WEI hatte die niedrigsten ATI-Anteile in den Jahren 2021 und 2023 (4,5 % und 5,2 %) und einen der fünf niedrigsten Werte im Jahr 2022 (6,8 %), woraus sich der niedrigste Mittelwert (5,0 %) ergab. Geisslitz *et al.* (2023) identifizierten auch eine moderne Sorte

(Dekan; aus den Jahren 2001-2010) mit einem niedrigen ATI-Gehalt in allen drei Erntejahren. Sorten wie diese sind vielversprechende Ansätze für Züchtungsprogramme gerade im Hinblick für Personen mit NCWS.

ATIs gehören zu den wasser- und salzlöslichen Albuminen und Globulinen. Die Korrelation zwischen dem ATI-Gehalt und dem Gehalt an Albuminen und Globulinen ergab eine starke Korrelation ( $r = 0,83$ ). Der ATI-Anteil auf Basis des Gehalts an Albuminen und Globulinen lag in allen drei Jahren sowohl bei den Landsorten (36,6 %, 38,3 % und 32,6 %) als auch bei den modernen Sorten (30,9 %, 38,3 % und 36,1 %) bei etwa einem Drittel (Tabelle 30). Die Mittelwerte der beiden Gruppen unterschieden sich nicht (35,6 % bzw. 35,4 %). Diese Ergebnisse stimmen mit denen von Geisslitz *et al.* (2023) überein. In dieser Studie wurden ebenfalls keine signifikanten Unterschiede zwischen den ATI-Anteilen auf der Grundlage des Gehalts an Albuminen und Globulinen von alten und modernen Sorten gefunden.

### 3.1.6.2 ZUSAMMENSETZUNG

Wie auch bei der Glutenproteinzusammensetzung, ist die Zusammensetzung der ATIs nur als Mittelwert aus allen drei Jahren dargestellt (Abbildung 15). Die Ergebnisse der einzelnen Jahre sowie eine detaillierte Auflistung der Gehalte und Anteile der einzelnen Sorten befinden sich im Anhang (Tabelle 31-Tabelle 42).

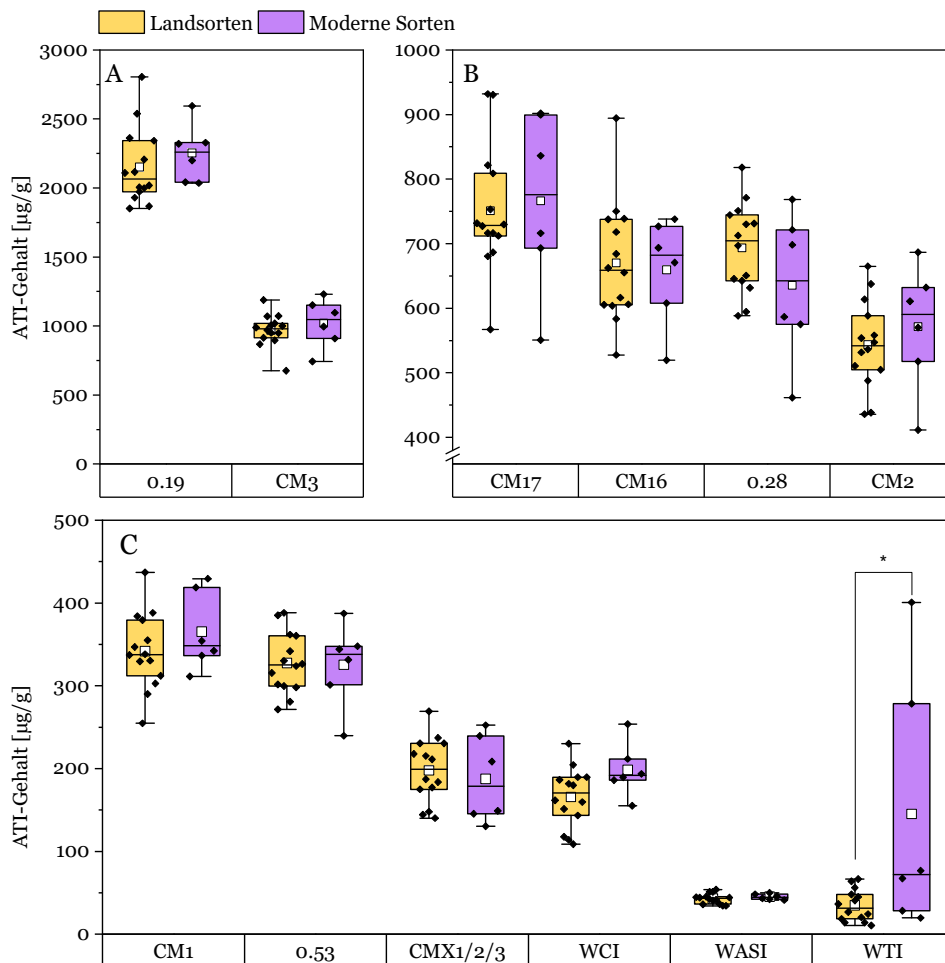


Abbildung 15. Amylase/Trypsin-Inhibitor (ATI)-Gehalt der einzelnen ATIs von Landsorten (n = 14) und modernen Sorten (n = 6). Dargestellt sind 0.19 und CM3 (A), CM17, CM16, 0.28 und CM2 (B) und CM1, 0.53, CMX1/2/3, WCI, WASI und WTI. CM: Chloroform/Methanol; WASI: Weizen-Amylase-Subtilisin-Inhibitor; WCI: Weizen-Chymotrypsin-Inhibitor; WTI: Weizen-Trypsin-Inhibitor. Signifikante Unterschiede (einfaktorielle ANOVA, Tukey's Test  $p < 0,05$ ) werden durch den \* angezeigt.

Den höchsten Gehalt hatten o.19 und CM3 (Abbildung 15A). Mit Mittelwerten von 2152 µg/g bei den Landsorten und 2253 µg/g bei den modernen Sorten unterschied sich der absolute Gehalt von o.19 nicht zwischen den Gruppen. Mit 31 % hatte o.19 den größten Anteil am gesamten ATI-Gehalt. Mit 969 µg/g bzw. 1021 µg/g für Landsorten und moderne Sorten gab es auch bei CM3 keinen Unterschied zwischen den beiden Gruppen. Sowohl bei Landsorten als auch bei modernen Sorten machten o.19 und CM3 zusammen etwa 45 % des gesamten ATI-Gehalts aus. Die Gehalte von CM16, CM17, CM2 und o.28 lagen in einem ähnlichen Bereich (Abbildung 15B). Der Mittelwert für CM17 lag bei 751 µg/g für die Landsorten und 766 µg/g für die modernen Sorten. Der Mittelwert für CM16 lag bei 670 µg/g für die Landsorten und 651 µg/g für die modernen Sorten. Bei o.28 lag der mittlere Gehalt bei 694 µg/g und 635 µg/g und bei CM2 bei 544 µg/g bzw. 572 µg/g. Zusammen ergab sich ein Anteil von ca. 40 % für CM17, CM16, o.28 und CM2 sowohl für die Landsorten als auch für die modernen Sorten. Der absolute Gehalt an CM1 und o.53 war sich ähnlich und auch in beiden Gruppen vergleichbar (Abbildung 15C). In der Gruppe der Landsorten lag der Gehalt an CM1 bei 342 µg/g und der von o.53 bei 328 µg/g. Bei den modernen Sorten lag dieser Gehalt bei 365 µg/g bzw. 325 µg/g. Beide ATIs tragen jeweils etwa 5 % zum gesamten ATI-Gehalt von Landsorten und modernen Sorten bei.

Der mittlere Gehalt für CMX1/2/3 betrug 198 µg/g für die Landsorten und 188 µg/g für die modernen Sorten. Für WCI hatten die Landsorten einen mittleren Gehalt von 166 µg/g und die modernen Sorten von 198 µg/g. Der mittlere Gehalt der Landsorten für WASI lag bei 43 µg/g und der der modernen Sorten bei 45 µg/g. Die Landsorten wiesen einen Gehalt von 35 µg/g und die modernen Sorten 145 µg/g für WTI auf, was einen signifikanten Unterschied darstellt. Der hohe Wert für die modernen Sorten war hauptsächlich auf zwei Sorten (RGT und BOS) zurückzuführen, die in allen drei Erntejahren hohe Gehalte aufwiesen. Ohne diese beiden Proben läge der Mittelwert der modernen Sorten bei 48 µg/g und damit in der gleichen Größenordnung wie der der Landsorten. Die Anteile von CMX1/2/3, WCI, WASI und WTI lagen jeweils zwischen 0,5 % und 3 % und machten zusammen 5-10 % des gesamten ATI-Gehalts aus.

Alles in allem waren der absolute und relative Gehalt an ATIs bei allen Proben sehr ähnlich, unabhängig davon, ob es sich um eine Landsorte oder eine moderne Sorte handelte. Einige wenige Proben fielen durch höhere oder niedrigere Anteile im Vergleich zu den anderen auf (Abbildung 16). Die Landsorte WEI hatte den höchsten Anteil an ATI o.19 (38,3 %) und den niedrigsten Anteil an CM3 (11,0 %). Der hohe mittlere Gehalt an WTI bei den modernen Sorten (145 µg/g) wurde durch die beiden Sorten RGT (401 µg/g) und BOS (278 µg/g) verursacht, was einem Anteil von 5,2 % bzw. 4,2 % am gesamten ATI-Gehalt entspricht. In allen drei Jahren waren die Werte für die

beiden deutlich höher als für die anderen modernen Sorten und Landsorten. Insgesamt lagen die Werte für die einzelnen ATIs (sowohl der absolute wie auch der relative Gehalt) in ähnlichen Bereichen wie in Studien von Geisslitz *et al.* (2020, 2023). In beiden Studien wurden ebenso wie in dieser Studie eine große Bandbreite des WTI-Gehalts der modernen Sorten festgestellt (15-282 µg/g und 19-146 µg/g). Der Gehalt von 0.19 war in dieser Arbeit mehr als doppelt so hoch wie die Werte aus den Studien von Geisslitz *et al.*, bei denen die mittleren Werte bei 713-1126 µg/g (2020) und 679-1304 µg/g (2023) lagen. Die höheren Werte sind wahrscheinlich auf das andere Peptid zurückzuführen, das für die Quantifizierung verwendet wurde. Die Auswahl der *Quantifier* wird in Kapitel 5.6.2.2 detailliert erläutert. Der in dieser Studie verwendete *Quantifier* (P/IS22, siehe Tabelle 13) ist spezifisch für 0.19, während der von Geisslitz *et al.* verwendete *Quantifier* (P/IS4) zusätzlich in 0.53 vorkommt. Dies führt zu Abweichungen in den berechneten Gehalten.

Es wurden keine signifikanten Unterschiede im Gehalt der einzelnen ATIs zwischen den beiden Gruppen festgestellt, mit Ausnahme des WTI, bei dem die modernen Sorten aufgrund der beiden oben erwähnten Proben einen höheren Mittelwert aufwiesen. Dasselbe galt für die Anteile der meisten ATIs im Verhältnis zum Gesamt-ATI. Ausnahmen waren 0.28, mit einem signifikant höheren Anteil bei den Landsorten und der WTI, mit einem signifikant höheren Anteil bei den modernen Sorten. Geisslitz *et al.* (2023) fanden für acht der zwölf ATIs ebenfalls keine signifikanten Unterschiede zwischen alten und modernen Sorten. Bei den anderen vier ATIs CM3, CM17, CM16 und 0.53 wiesen die modernen Sorten tendenziell einen etwas niedrigeren Gehalt auf.

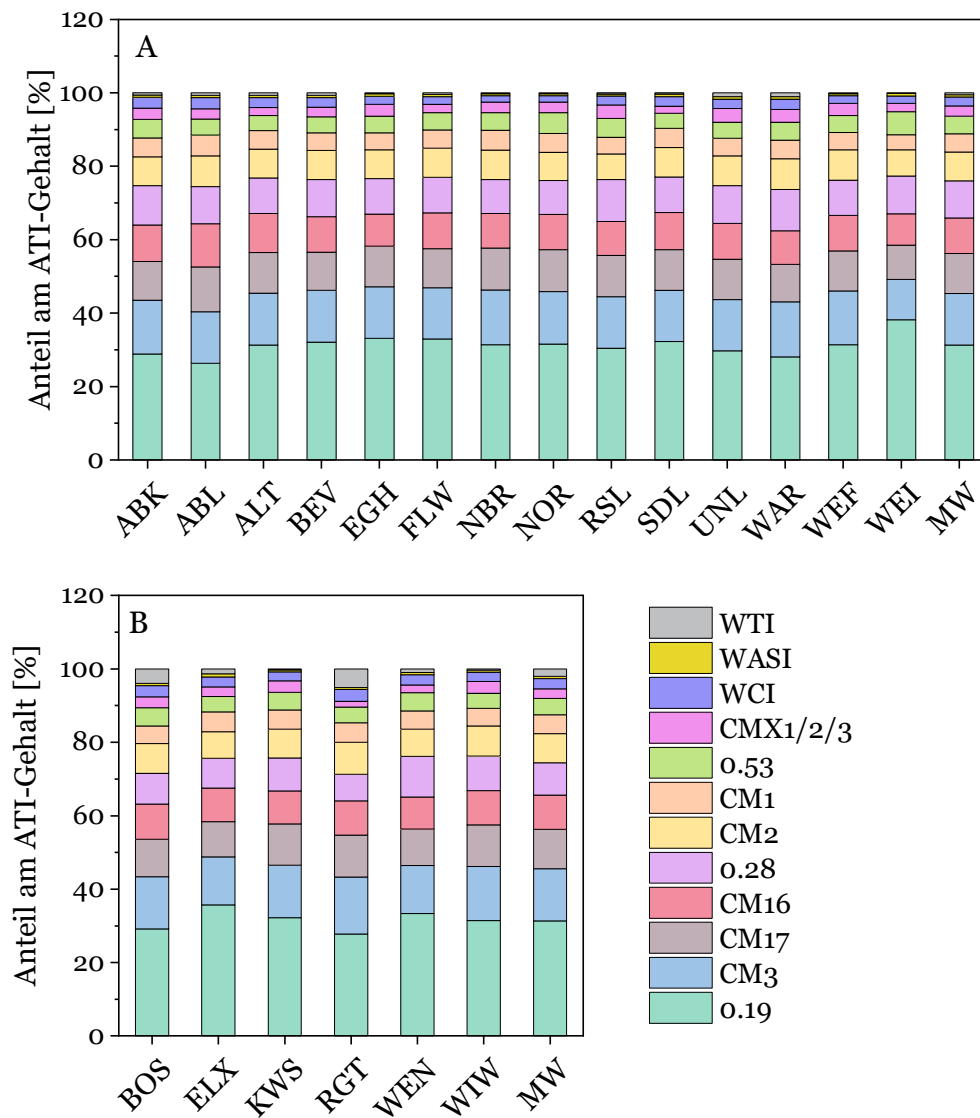


Abbildung 16. Amylase/Trypsin-Inhibitor (ATI)-Anteile der einzelnen ATIs von A: Landsorten und B: modernen Sorten. Die einzelnen Balken stellen die Mittelwerte aus allen drei Erntejahren dar. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. CM: Chloroform/Methanol; MW: Mittelwert (A: n = 14; B: n = 6); WASI: Weizen-Amylase-Subtilisin-Inhibitor; WCI: Weizen-Chymotrypsin-Inhibitor; WTI: Weizen-Trypsin-Inhibitor.

### 3.1.6.3 INHIBITORISCHE AKTIVITÄT

Die inhibitorische Aktivität gegenüber Schweinepankreas- $\alpha$ -Amylase wurde als Indikator für die Aktivität gegenüber menschlicher Speichelamylase (Jahn *et al.*, 2023) mittels eines Enzymassays gemessen (Abbildung 17). Eine detaillierte Auflistung der Aktivitäten der einzelnen Sorten befindet sich im Anhang (Tabelle 43).

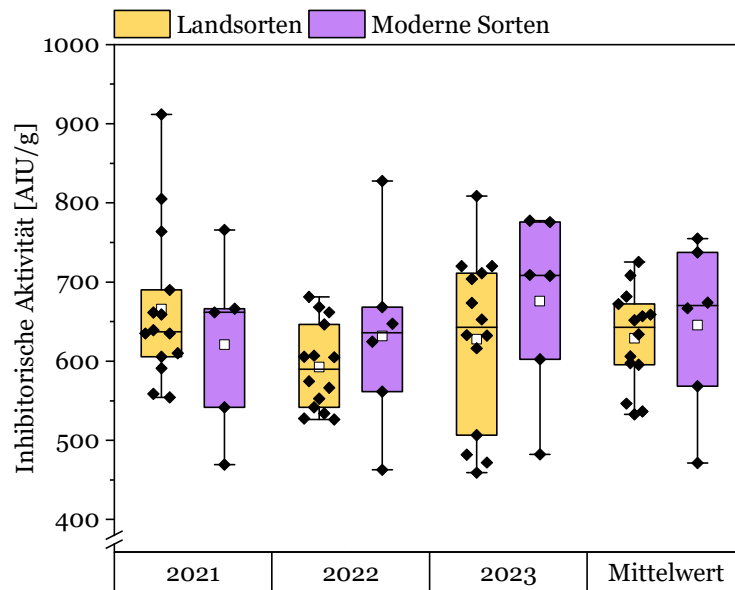


Abbildung 17. Inhibitorische Aktivität der Landsorten ( $n = 14$ ) und modernen Sorten ( $n = 5$  für 2021,  $n = 6$  für die anderen Jahre und den Mittelwert). Boxplots zeigen den Interquartilbereich (Box), den Mittelwert (weißes Quadrat), den Median (horizontale Linie) sowie Minima und Maxima (Whisker). Einzelne Sorten werden innerhalb der Boxplots angezeigt (schwarze Rauten). Abbildung modifiziert nach Jahn *et al.* (2025a).

Im Jahr 2021 betrug die inhibitorische Aktivität der Landsorten 554-912 AIU/g, die der modernen Sorten 469-766 AIU/g. Im Jahr 2022 waren die Aktivitäten der Landsorten 526-681 AIU/g, die der modernen Sorten 463-828 AIU/g. Im Jahr 2023 wiesen die Landsorten Werte zwischen 459-809 AIU/g auf, die modernen Sorten 482-778 AIU/g. Es wurden keine Unterschiede zwischen der mittleren Aktivität der Landsorten (629 AIU/g) und derjenigen der modernen Sorten (646 AIU/g) festgestellt. Eine zweifaktorielle ANOVA ergab, dass sowohl das Erntejahr ( $F = 0,74$ ,  $p = 0,4821$ ) als auch die Sorte ( $F = 0,25$ ,  $p = 0,6206$ ) keinen signifikanten Einfluss auf die inhibitorische Aktivität hatten. Die mittlere inhibitorische Aktivität gegen  $\alpha$ -Amylase der Landsorten und modernen Sorten lag in allen drei Jahren zwischen 471 AIU/g und 755 AIU/g und unterschied sich nicht zwischen Landsorten und modernen Sorten.



Diese Spanne ist kleiner als die der acht Weichweizenproben von drei Standorten, die in einer früheren Studie (Jahn *et al.*, 2023) analysiert wurden (580-2885 AIU/g). Simonetti *et al.* (2022b) analysierten die inhibitorische Aktivität von modernen und alten Weizengenotypen mit unterschiedlichen Ploidiegraden, darunter zwei alte und zwei moderne Weichweizensorten. Es wurde kein Trend zwischen den Aktivitäten dieser Sorten festgestellt, was mit diesen Ergebnissen übereinstimmt. Darüber hinaus wurde in dieser Arbeit keine Sorte gefunden, die durch eine besonders hohe oder niedrige Aktivität auffiel, mit Ausnahme der modernen Sorte ELX, die in allen drei Jahren niedrige Aktivitäten aufwies (469, 463 und 482 AIU/g).

Die Pearson-Korrelation zwischen der inhibitorischen Aktivität und dem ATI-Gehalt von allen Sorten in allen Jahren (Abbildung 18) ergab keine Korrelation ( $r = 0,07$ ). Wurden nur die Mittelwerte einberechnet, ergab sich eine schwache Korrelation ( $r = 0,56$ ). Da 0.19 und CM3 als die bioaktivsten ATIs bekannt sind (Junker *et al.*, 2012), und diese beiden ATIs auch den höchsten Gehalt in dieser Studie aufwiesen, wurde auch eine Korrelationsanalyse zwischen der mittleren inhibitorischen Aktivität und dem Gehalt dieser beiden ATIs durchgeführt. Es wurde keine Korrelation für 0.19 ( $r = 0,23$ ) und eine schwache Korrelation für CM3 ( $r = 0,63$ ) festgestellt. Da die inhibitorische Aktivität gegen  $\alpha$ -Amylase gemessen wurde, wurde ebenfalls eine Korrelationsanalyse nur mit dem mittleren Gehalt und der inhibitorischen Aktivität der ATIs durchgeführt, die hauptsächlich  $\alpha$ -Amylase hemmen (alle ATIs außer WASI, WTI, WCI und CMX1/2/3). Auch hier wurde keine Korrelation ( $r = 0,50$ ) festgestellt. Trotz der fehlenden Korrelation, gab es eine moderne Sorte (ELX), die den niedrigsten mittleren ATI-Gehalt und auch den niedrigsten Gehalt in allen drei Jahren separat aufwies. Diese Sorte hatte auch die niedrigste inhibitorische Aktivität.

Diese Ergebnisse stehen im Einklang mit einer früheren Studie (Jahn *et al.*, 2023) bei denen ebenfalls keine Korrelation zwischen dem ATI-Gehalt und der inhibitorischen Aktivität ( $r = 0,23$ ) nachgewiesen wurden. Dies könnte bedeuten, dass die inhibitorische Aktivität und der ATI-Gehalt unabhängig voneinander sind und dass nicht jeder ATI die gleiche Aktivität hat. Diese Ergebnisse machen deutlich, dass viele Faktoren und Parameter berücksichtigt werden müssen, wenn das immunreaktive Potenzial von Proteinen betrachtet wird.

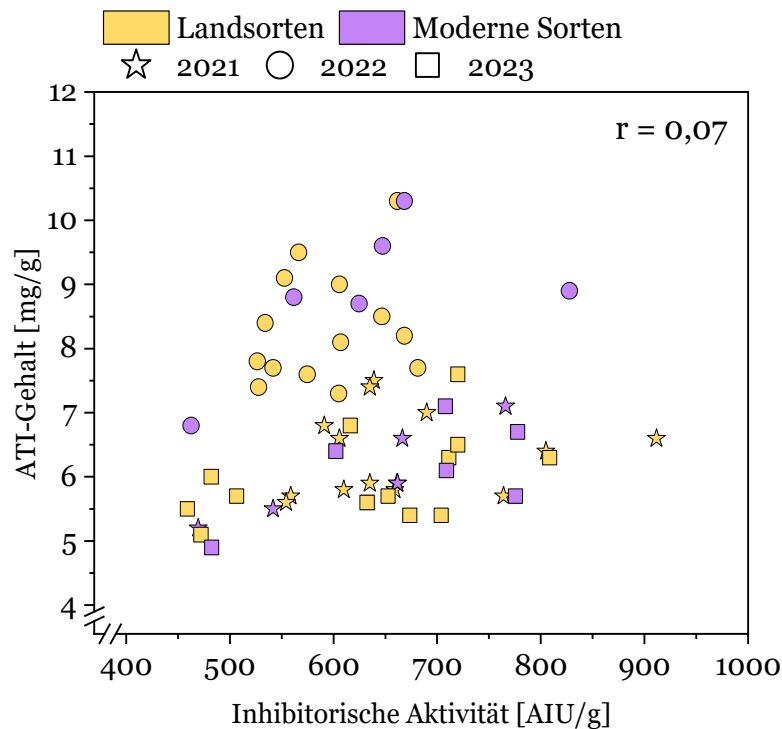


Abbildung 18. Korrelationsdiagramm zur Darstellung des Zusammenhangs zwischen dem Gehalt und der inhibitorischen Aktivität der Amylase/Trypsin-Inhibitoren (ATIs) der Weichweizenproben aus allen drei Jahren. Pearson  $r$  zeigt mit 0,07 keine Korrelationen an. Abbildung modifiziert nach Jahn *et al.* (2025a).

Es wurde eine Hauptkomponentenanalyse (*Principal component analysis*, PCA) auf der Grundlage der inhibitorischen Aktivität, des gesamten ATI-Gehalts und des Gehalts der einzelnen ATIs durchgeführt (Abbildung 19). Hauptkomponente 1 und 2 machten ca. 67 % der Gesamtvarianz aus. Die CM-Typen trugen am meisten zu Hauptkomponente 1 bei, während sich Hauptkomponente 2 hauptsächlich aus WTI, CMX1/2/3 und 0.19, 0.53 und 0.28 zusammensetzte. Es wurde keine Clusterbildung für die beiden Gruppen der Landsorten und der modernen Sorten beobachtet. Alle Eigenvektoren wiesen in die gleiche Richtung auf die positive Seite von Hauptkomponente 1 (Quadrant 1 und Quadrant 4), während zehn von 14 Landsorten auf die negative Seite projiziert wurden (Quadrant 2 und Quadrant 3).

Einige Sorten fielen besonders auf. Die modernen Sorten BOS und RGT waren beide aufgrund des hohen WTI-Gehaltes in der Nähe des WTI-Eigenvektors zu finden. Die Landsorte WEI war in der entgegengesetzten Richtung platziert, da sie den niedrigsten WTI-Gehalt aller Sorten aufwies. Die Landsorten EGH, KWS und FLW wiesen mit 0.19 den höchsten ATI-Gehalt auf und befanden sich somit in der Nähe dieses Eigenvektors. Die Sorte EGH fiel dabei am meisten auf, da sie den höchsten ATI-Gehalt an 0.19 und auch den höchsten Gehalt an 0.28 aufwies. Die moderne Sorte

ELX befand sich am entgegengesetzten Ende, da sie den niedrigsten ATI-Gehalt von 0.28 aufwies. Anhand des Gehaltes und der inhibitorischen Aktivität der ATIs war es nicht möglich, zwischen Landsorten und modernen Sorten zu unterscheiden.

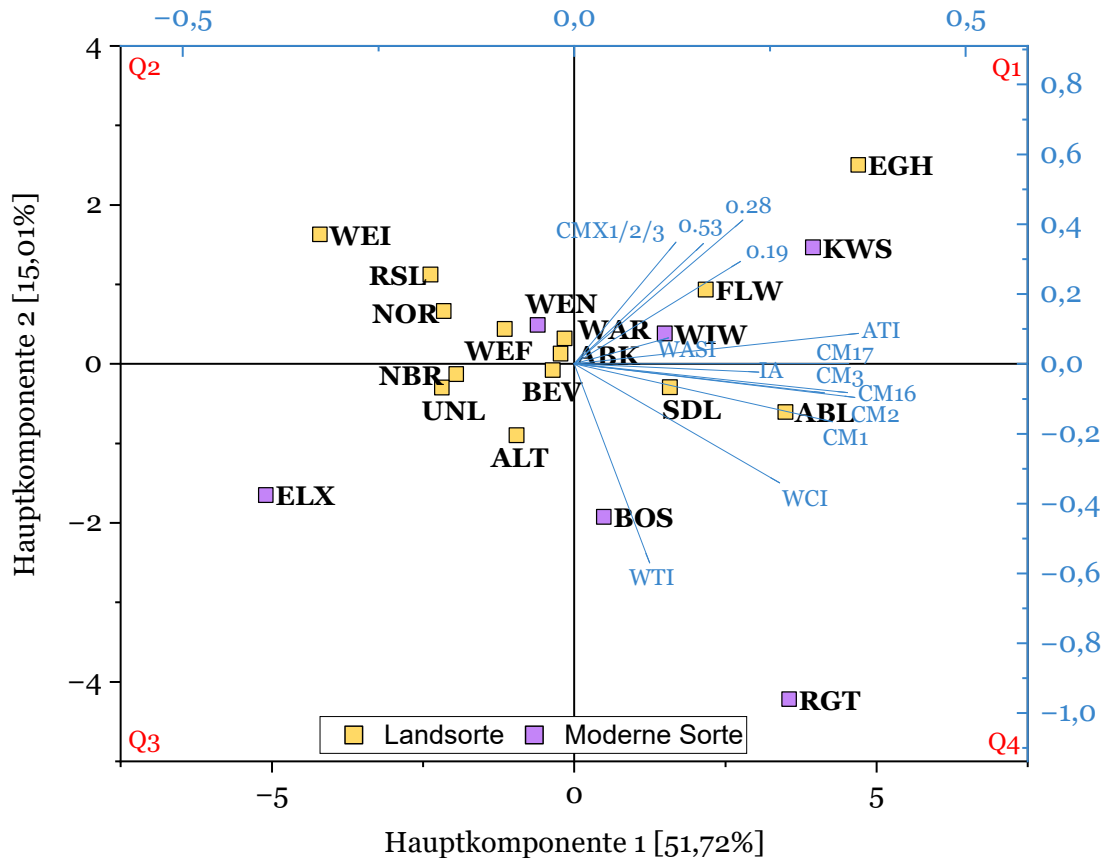


Abbildung 19. Biplot der Hauptkomponentenanalyse basierend auf dem Gehalt an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (ATIs), dem Gehalt der einzelnen ATIs und der inhibitorischen Aktivität (IA) gemittelt aus allen drei Erntejahren. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. CM: Chloroform/Methanol; Q1-4: Quadranten 1-4; WASI: Weizen-Amylase-Subtilisin-Inhibitor; WCI: Weizen-Chymotrypsin-Inhibitor; WTI: Weizen-Trypsin-Inhibitor. Abbildung modifiziert nach Jahn *et al.* (2025a).

### 3.1.7 GESAMTSTÄRKE

Von ausgewählten Proben (vier Landsorten, fünf moderne Sorten) aus dem Erntejahr 2022 wurde der Gesamtstärkegehalt gemessen, um herauszufinden, ob signifikante Unterschiede zu sehen sind, um gegebenenfalls weitere Analysen anzuschließen (z.B. Stärkezusammensetzung).

Der Stärkegehalt der Landsorten lag zwischen 62,8 % und 66,4 %, der der modernen Sorten zwischen 62,3 % und 66,4 % (Abbildung 20, Tabelle 44). Damit lag der Mittelwert aller Proben bei beiden Gruppen bei 64,5 % Stärke. Es wurde kein Unterschied zwischen den beiden Gruppen festgestellt. Die Stärkebestimmungen in den übrigen Proben und weitergehende Analysen erfolgten deswegen nicht. Die Werte von 64 % sind vergleichbar mit Stärkegehalten in anderen Weizenmehlen (Goesaert *et al.*, 2005). Shewry *et al.* (2020) analysierten 150 Weizensorten (inklusive alter Sorten aus dem 19. und 20. Jahrhundert, aber auch moderne Zuchtsorten) und beobachteten einen Anstieg des Stärkegehaltes im Laufe der Zeit. Der erhöhte Stärkegehalt in den modernen Sorten führte zu einer „Verdünnung“ des Proteingehaltes. So wurde bei den modernen Sorten auch ein geringerer Proteingehalt gefunden. Das passt zu diesen Ergebnissen, da weder in den Landsorten noch in den modernen Sorten Unterschiede im Stärke- und Proteingehalt gefunden wurden.

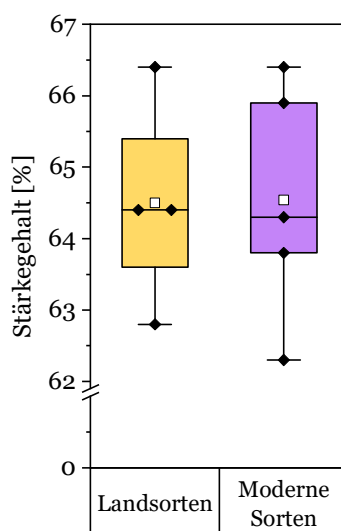


Abbildung 20. Stärkegehalt der Landsorten (n = 4) und modernen Sorten (n = 5). Boxplots zeigen den Interquartilbereich (Box), den Mittelwert (weißes Quadrat), den Median (horizontale Linie) sowie Minima und Maxima (Whisker). Einzelne Sorten werden innerhalb der Boxplots angezeigt (schwarze Rauten).

### 3.1.8 FODMAP-GEHALT

Der FODMAP-Gehalt wurde an der Monash University (Melbourne, Australien) analysiert. Aufgrund des großen Probenumfangs wurden nur ausgewählte Proben aus zwei Erntejahren (2022 und 2023) untersucht, fünf moderne Sorten und zehn Landsorten. Bei einer der Landsorten handelte es sich nicht um Weichweizen, sondern um eine tetraploide Weizenart (POW). Die weitere Charakterisierung dieser Sorte erfolgt in Kapitel 3.2.

96-100 % der FODMAPs in den analysierten Proben waren Fructane (Tabelle 45). Es fiel auf, dass bei den modernen Sorten in beiden Jahren der Anteil an Fructanen 100 % betrug. Bei den Landsorten waren bei ca. der Hälfte der Proben noch geringe Mengen an Raffinose vorhanden. Der Gehalt an Fructanen war sowohl für die Landsorten als auch für die modernen Sorten in beiden Jahren ähnlich (Abbildung 21). Über beide Jahre hinweg betrugen die Fructan-Gehalte durchschnittlich 0,59-0,87 % bei den modernen Sorten und 0,67-1,15 % bei den Landsorten. Der Gehalt an Fructanen war damit minimal höher in den Landsorten, insgesamt wurde aber kein signifikanter Unterschied gefunden. Die analysierten Fructan-Gehalte sind vergleichbar mit denen aus der Literatur, bei denen Gehalte von 0,84-1,85 % (Andersson *et al.*, 2013) und 0,7-2,9 % (Huynh *et al.*, 2008) gefunden wurden. Während Shewry *et al.* (2020) einen signifikanten Anstieg an Fructanen in den letzten 100 Jahren beobachteten, wurde von Bajgain *et al.* (2023) bestätigt, dass in dieser Zeit keine signifikanten Unterschiede in den FODMAP-Gehalten von Weizensorten zu sehen waren.

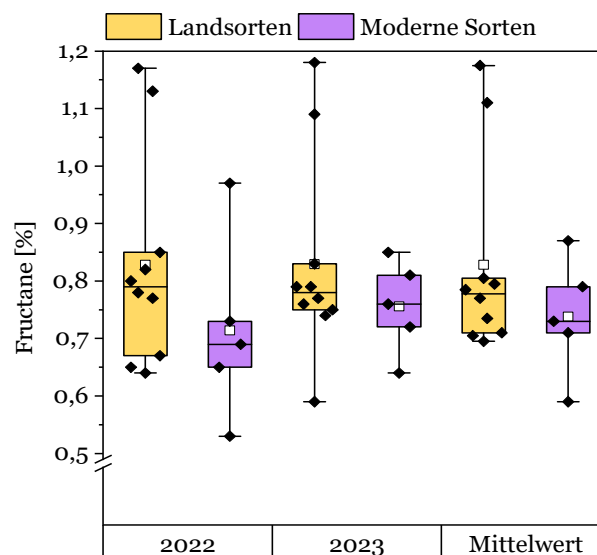


Abbildung 21. Fructan-Gehalte der Landsorten (n = 10) und modernen Sorten (n = 5). Boxplots zeigen den Interquartilbereich (Box), den Mittelwert (weißes Quadrat), den Median (horizontale Linie) sowie Minima und Maxima (Whisker). Einzelne Sorten werden innerhalb der Boxplots angezeigt (schwarze Rauten).

### 3.1.9 ZUSAMMENFASSENDE DISKUSSION

Insgesamt wurden 14 Landsorten und sechs moderne Weichweizensorten analysiert. Der Rohproteingehalt unterschied sich in beiden Gruppen nicht. Bei der Proteinzusammensetzung gab es signifikante Unterschiede im Anteil der Gliadine und Glutenine. Der höhere Anteil der Gliadine und niedrigerer Anteil der Glutenine bei den Landsorten führte auch zu einem signifikant höheren Gliadin/Glutenin-Verhältnis. Der Anteil der Albumine und Globuline sowie der von Gluten war bei beiden Gruppen ähnlich. Bei der Glutenproteinzusammensetzung gab es nur signifikante Unterschiede bei den Anteilen der  $\gamma$ - und  $\omega$ b-Gliadine sowie bei den HMW-GS. Ebenso wurden keine signifikanten Unterschiede in Bezug auf die ATIs gefunden. Der Gehalt sowie der Anteil an ATIs am Gesamtproteingehalt, ebenso wie die Gehalte der einzelnen ATIs und deren inhibitorische Aktivität unterschied sich zwischen Landsorten und modernen Sorten nicht. Das Brotvolumen unterschied sich zwischen den beiden Gruppen ebenfalls nicht. Es wurde außerdem kein Unterschied bezüglich des Gehalts an Stärke und FODMAPs (bzw. Fructanen) beobachtet.

Eine PCA mit einigen wichtigen Parametern wurde durchgeführt, um Landsorten zu identifizieren, die aufgrund bestimmter Eigenschaften auffallen oder eine hohe Ähnlichkeit zu modernen Sorten aufweisen, um eine Alternative für diese darzustellen. Als Parameter wurden unter anderem die Anteile an Gliadinen und Gluteninen ausgewählt, da diese signifikante Unterschiede zwischen den Landsorten und modernen Sorten aufwiesen. Außerdem hatten diese beiden Fraktionen zusammen einen hohen Anteil am Gesamtproteingehalt und deswegen einen großen Einfluss auf die Verarbeitungseigenschaften. Das Brotvolumen wurde als technologischer Parameter ausgewählt, da ein hohes Brotvolumen ein wichtiges Qualitätsmerkmal für die getreideverarbeitende Industrie ist. Der Anteil an  $\alpha$ -,  $\gamma$ - und  $\omega$ 5-Gliadinen sowie HMW-GS wurde ausgewählt, da diese als Auslöser für viele weizenbedingte Krankheiten gelten. Aus dem gleichen Grund wurde der Anteil an ATIs und der Anteil der zwei bioaktivsten am ATI-Gehalt ausgewählt.

Das Ladungsdiagramm und das Scorediagramm der PCA sind in Abbildung 22 dargestellt. Hauptkomponente 1 und 2 machten zusammen 67 % der Gesamtvarianz aus. Während der Anteil der Gliadine am meisten zu Hauptkomponente 1 beitrug, leisteten die Anteile der ATIs CM3 und 0.19 einen wesentlichen Beitrag zu Hauptkomponente 2. Die Eigenvektoren der verschiedenen Parameter waren gleichmäßig verteilt.

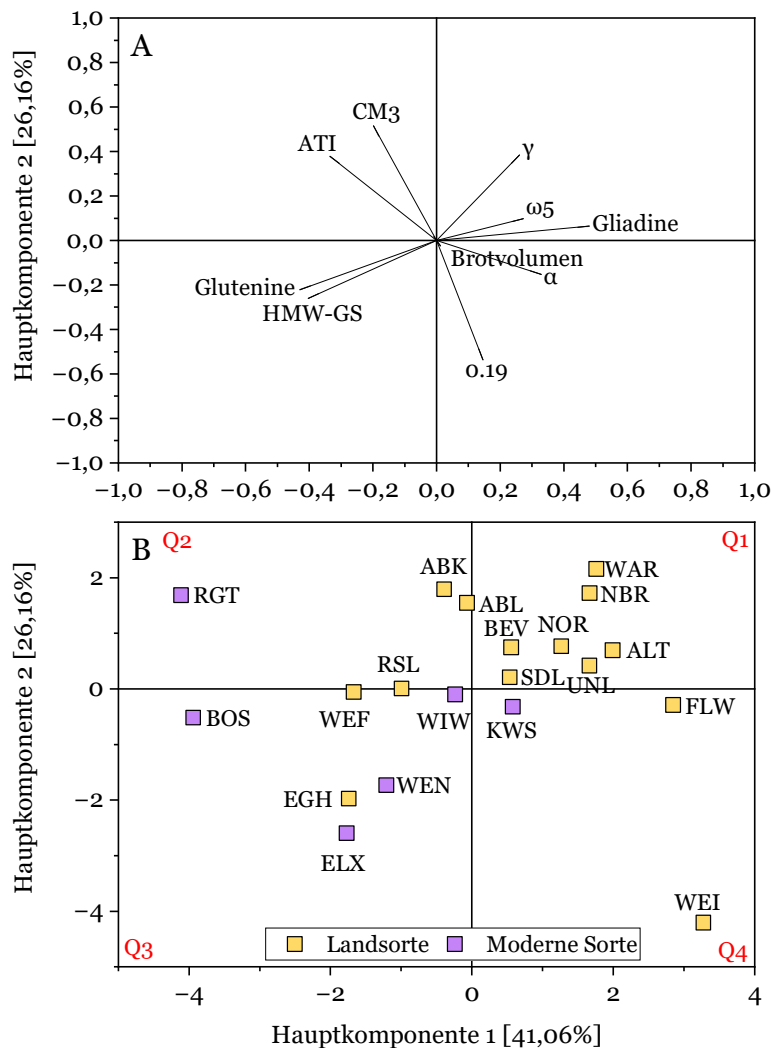


Abbildung 22. Ladungsdiagramm (A) und Scorediagramm (B) der Hauptkomponentenanalyse basierend auf dem Brotvolumen, den Anteilen an Gliadinen, Gluteninen,  $\alpha$ -Gliadinen ( $\alpha$ ),  $\gamma$ -Gliadinen ( $\gamma$ ),  $\omega 5$ -Gliadinen ( $\omega 5$ ), hochmolekularen Gluteninuntereinheiten (HMW-GS), Amylase/Trypsin-Inhibitoren (ATIs) am Proteingehalt sowie den Anteilen von den ATIs CM3 und 0.19 am ATI-Gehalt, jeweils gemittelt aus allen drei Erntejahren. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. Q1-4: Quadranten 1-4.

Visuell war eine grobe Trennung der Landsorten und modernen Sorten möglich. Die Landsorten befanden sich hauptsächlich im ersten Quadranten. Die Eigenvektoren der  $\gamma$ - und  $\omega 5$ -Gliadine sowie der gesamten Gliadine zeigten in diese Richtung. Dies visualisiert die signifikant höheren Anteile der ( $\gamma$ -)Gliadine bei den Landsorten. Im dritten Quadranten befanden sich vier der sechs modernen Sorten. Hier zeigten auch die Eigenvektoren der Glutenine und HMW-GS hin. Die Anteile dieser beiden Parameter hatten eine starke positive Korrelation untereinander ( $r = 0,83$ ). Dies stimmt ebenfalls mit der Beobachtung überein, dass moderne Sorten einen signifikant höheren Anteil an Gluteninen hatten. Die anderen beiden modernen Sorten befanden sich in

unmittelbarer Nähe im zweiten (RGT) und vierten (KWS) Quadranten. Zwischen den modernen Sorten im dritten Quadranten (bzw. an der Grenze zum zweiten) befanden sich drei Landsorten. Der Anteil der Glutenine war bei EGH (23,7 %), WEF (21,8 %) und RSL (21,0 %) näher am Mittelwert der modernen Sorten (22,0 %) als an dem (17,4 %) der Landsorten. Mit 7,1 %, 6,3 % und 5,9 % waren die Anteile der HMW-GS ebenfalls näher am Mittelwert der modernen Sorten (5,7 %) als an dem der Landsorten (4,6 %).

Zwei Proben befanden sich weiter entfernt von allen anderen Proben. In der linken oberen Ecke im zweiten Quadranten befand sich die moderne Sorte RGT. In diese Richtung zeigte der ATI-Eigenvektor. Die Sorte RGT war von allen Sorten diejenige mit dem höchsten ATI-Anteil. Diese Sorte hatte außerdem den höchsten Anteil an Albuminen und Globulinen (nicht in der PCA berücksichtigt) und den niedrigsten Anteil an  $\alpha$ -Gliadinen. Auf der gegenüberliegenden Seite in der rechten unteren Ecke im vierten Quadranten befand sich die Landsorte WEI. Diese Sorte hatte nicht nur den niedrigsten ATI-Anteil von allen, sondern auch einen der drei niedrigsten Anteile an Albuminen und Globulinen und den höchsten Anteil an  $\alpha$ -Gliadinen. Der Anteil an ATIs korrelierte jedoch nicht mit dem der  $\alpha$ -Gliadine (Pearson  $r = -0,32$ ). Da Junker *et al.* (2012) herausfanden, dass ATIs die Entzündungsreaktionen bei Zöliakie verstärken können und bisher nichts darüber bekannt ist, ob der Glutengehalt mit dem ATI-Gehalt korreliert, wurde eine Korrelationsanalyse durchgeführt. Mit einem Pearson Korrelationskoeffizienten  $r$  von  $-0,57$  wurde jedoch nur eine schwache negative Korrelation gefunden.

Alles in allem zeigten die verschiedenen Analysen, dass sich Landsorten kaum von modernen Sorten unterscheiden. Der größte Unterschied bestand im höheren Anteil der Gliadine und niedrigeren Anteil der Glutenine. Es ist jedoch zu erwähnen, dass trotz sorgfältiger Durchführung diese Studie eine Limitation aufweist. Die Unausgewogenheit aufgrund der unterschiedlichen Gruppengröße von Landsorten ( $n = 14$ ) und modernen Sorten ( $n = 6$ ) und der relativ kleinen Stichprobenmenge im Allgemeinen erfordert eine kritische Interpretation. Trotz dieser Unsicherheit kamen andere Studien zu ähnlichen Schlussfolgerungen. Diese beschäftigten sich nicht explizit mit Landsorten, sondern mit immunreaktiven Stoffen in alten (bis ca. 100 Jahre) und neuen Weizensorten.

Call *et al.* (2020) bestätigten höhere Gliadin/Glutenin-Verhältnisse, höhere Anteile an  $\alpha$ - und  $\gamma$ -Gliadinen sowie an HMW-GS. Sie fanden außerdem keinen Unterschied im ATI-Gehalt. El Hassouni *et al.* (2021) und Geisslitz *et al.* (2023) fanden ebenfalls keine Unterschiede im ATI-Gehalt. Shewry *et al.* (2020) fanden ebenfalls einen unveränderten ATI-Gehalt in modernen Sorten im Vergleich zu alten Sorten. Außerdem bestätigten sie eine Abnahme des



Gliadin/Glutenin-Verhältnisses im Laufe der Zeit. Ebenfalls keinen signifikanten Anstieg in den ATI- und FODMAP-Gehalten fanden Bajgain *et al.* (2023). Simonetti *et al.* (2022b) fanden keinen Trend in der inhibitorischen Aktivität. Keine Trends für einen veränderten Rohproteingehalt bestätigten Prandi *et al.* (2017). Ozuna und Barro (2018) fanden niedrigere Anteile an  $\alpha$ -Gliadinen in neueren Sorten. Abnehmende Trends für die Anteile an  $\alpha$ - und  $\gamma$ -Gliadinen und die gesamten Gliadine sowie zunehmende Trends für die Glutenine wurden auch von Pronin *et al.* (2020) beobachtet. Außerdem fanden sie keine Veränderungen bei den Anteilen der Albumine und Globuline sowie Gluten. D'Amico *et al.* (2020) schlussfolgerten letztendlich, dass alte Weizensorten und Landsorten keine bessere Verträglichkeit aufgrund ihrer Proteinzusammensetzung haben.

Nicht nur Weichweizenlandsorten sind in der letzten Zeit in den Fokus gerückt. Immer mehr Menschen greifen auch zu Dinkel- und Emmermehlen, aber auch Khorasan-Weizen und Einkorn. Im nächsten Kapitel (Kapitel 3.2) werden Landsorten von verschiedenen weiteren Weizenarten genauer betrachtet.

## 3.2 WEITERE WEIZENARTEN

Die Sorten der weiteren Weizenarten und deren Abkürzungen sind in Tabelle 11 zu finden. Unter den analysierten Landsorten befanden sich je zwei Dinkel- (BZV und MGA) und zwei Emmersorten (WEM1 und WEM2) sowie eine Hartweizensorte (WDS). Außerdem gab es je eine Sorte Polnischer Weizen (POW) und Khorasan-Weizen (KSW). Einer Sorte Einkorn (WEK) wurden im zweiten und dritten Versuchsjahr die Sorten Enkidu (ENK) und Terzino (TER) hinzugefügt. Diese zwei Sorten waren keine Landsorten und wurden als Vergleich mitgeführt. Da sonst keine modernen Sorten als Kontrolle vorhanden waren, war der Fokus der weiteren Weizenarten nicht auf dem Vergleich von Landsorten und modernen Sorten, sondern auf dem Vergleich von Landsorten verschiedener Weizenarten. Dafür wurde auch der Mittelwert der 14 Weichweizenlandsorten, hier als WW14 bezeichnet (Kapitel 3.1) für die einzelnen Analysen berechnet. Die einzelnen Sorten wurden aufgrund ihres Ploidiegrades verglichen (hexaploid, tetraploid, diploid). Teile dieses Kapitels wurden bei der Fachzeitschrift *Journal of Cereal Science* veröffentlicht (Jahn *et al.*, 2025b).

### 3.2.1 PROTEINGEHALT

Der Rohproteingehalt wurde mittels DUMAS-Methode bestimmt und reichte bei den weiteren Weizenarten von 7,3 % bis 14,7 % (Abbildung 23A, Tabelle 46). Von allen Sorten, die in allen drei Jahren geerntet wurden, hatten die Dinkelsorten BZV und MGA sowie die Hartweizensorte (WDS) im Jahr 2022 die höchsten Proteingehalte. Die Werte für die Jahre 2021 und 2023 waren nur für BZV gleich, bei MGA und WDS unterschieden sich die Jahre signifikant. Der Mittelwert aller Weichweizen Landsorten war ebenfalls im Jahr 2022 am höchsten (11,5 % gegenüber 9,0 % im Jahr 2021 und 8,9 % im Jahr 2023). Beide Emmersorten (WEM1 und WEM2) wiesen im Jahr 2021 den höchsten Rohproteingehalt auf (14,0 % und 14,1 %). Der Proteingehalt von KSW war mit 12,9 % in den Jahren 2021 und 2022 und 12,6 % im Jahr 2023 über die drei Jahre hinweg konstant. Die anderen Sorten wurden nur in zwei Jahren geerntet. Die Sorte POW hatte im Jahr 2023 einen höheren Gehalt (14,0 %) als im Jahr 2022 (11,1 %). Die Einkornsorten ENK und TER hatten im Jahr 2022 einen höheren Gehalt (10,9 % und 11,2 %) als im Jahr 2023 (9,8 % und 10,2 %). Die Landsorte WEK wies 2021 einen höheren Gehalt auf (13,5 %) als 2022 (11,8 %).

Den höchsten Rohproteingehalt gemittelt über drei Jahre (Abbildung 23B) hatte die Sorte KSW (12,8 %); direkt danach folgte die Sorte POW (12,6 %). Die beiden Emmersorten lagen bei 12,4 % (WEM1) und 11,2 % (WEM2), die Hartweizensorte WDS bei 10,1 %. Die Sorten ENK (10,3 %) und

TER (10,7 %) hatten einen etwas niedrigeren Proteingehalt als WEK (12,7 %). Die Dinkelprobe MGA wies den niedrigsten mittleren Rohproteingehalt (9,3 %) auf, ähnlich dem der analysierten Weichweizenlandsorten (9,8 %). Die andere Dinkelprobe (BZV) hatte einen Mittelwert von 11,8 %.

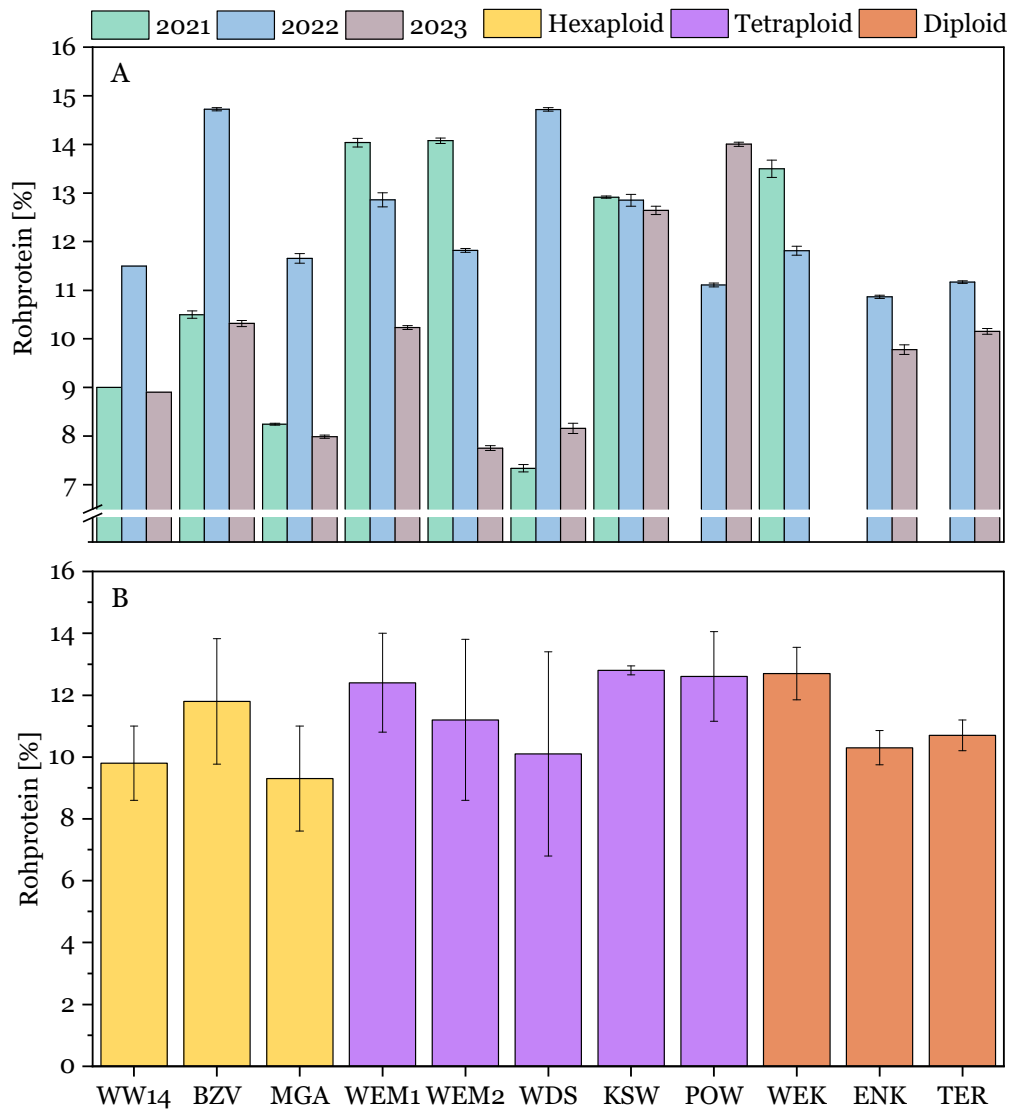


Abbildung 23. Rohproteingehalte der weiteren Weizenarten in den einzelnen Jahren (A) und als Mittelwert von drei Jahren (B). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Eine zweifaktorielle ANOVA mit allen Sorten (inklusive WW14) zeigte, dass weder der Ploidiegrad ( $F = 1,51$ ,  $p = 0,2448$ ) noch das Erntejahr ( $F = 3,30$ ,  $p = 0,0578$ ) einen signifikanten Einfluss auf den Rohproteingehalt hatten. Insgesamt waren sich die Rohproteingehalte zwischen den verschiedenen Weizenarten sehr ähnlich und es war kein signifikanter Unterschied bezüglich des Ploidiegrades vorhanden.

Dies zeigten auch andere Studien. Geisslitz *et al.* (2018b) untersuchten jeweils acht Sorten von Weich- und Hartweizen, Dinkel, Emmer und Einkorn auf ihren Proteingehalt. Die Rohproteingehalte lagen in der gleichen Größenordnung wie die Ergebnisse dieser Arbeit. Die Hartweizensorten hatten die höchsten Gehalte (13,0-15,5 %). Die Gehalte von Weichweizen lagen zwischen 9,3 % und 13,3 % und die von Dinkel zwischen 10,8 % und 16,1 %. Emmer und Einkorn hatten Gehalte von 11,2-12,4 % und 11,6-13,9 %. In einer weiteren Studie von Geisslitz *et al.* (2019) in der 15 Sorten dieser Weizenarten von je vier Standorten untersucht wurden, kamen ähnliche Ergebnisse zustande, ebenso wie bei Call *et al.* (2020), die 33 Weichweizensorten, sechs Hartweizensorten, neun Dinkel-, vier Emmer- und sieben Einkornsorten analysierten. Die höchsten Gehalte wurden für Einkorn (15,5-19,8 %), Emmer (14,9-16,9 %) und Dinkel (14,9-18,3 %) ermittelt. Die Proteingehalte von Hartweizen lagen zwischen 12,7 % und 16,4 %, die von Weichweizen zwischen 11,9 % und 16,8 %.

Bieńkowska *et al.* (2020) analysierten 17 Sorten Polnischen Weizen und fanden einen mittleren Proteingehalt von 16,6 %. Di Loreto *et al.* (2017) analysierten 21 Khorasan-Weizensorten, die zwischen 1989 und 2012 angebaut wurden. Die Rohproteingehalte der Sorten schwankten zwischen 12,3 % und 23,7 %. Im Vergleich zu diesen Studien sind die hier ermittelten Werte etwas niedriger. Eine Erklärung dafür könnte die fehlende Düngung sein, da der Anbau unter ökologischen Anbaubedingungen durchgeführt wurde.

### 3.2.2 VERGLEICH PROTEINGEHALT NACH DUMAS UND NACH OSBORNE

Die Proteingehalte der weiteren Weizenarten, gemessen nach DUMAS und Osborne (Tabelle 47) sind in Abbildung 24 dargestellt. Wie auch bei den Weichweizenproben wurde eine starke positive Korrelation gefunden ( $r = 0,99$ ). Hier waren die Proteingehalte nach Osborne ebenfalls geringfügig höher als die mittels DUMAS gemessenen (Faktor 1,05). Wie bereits bei den Weichweizensorten (Kapitel 3.1.2) diskutiert, kommen die geringen Abweichungen vermutlich aufgrund der verschiedenen Methoden und unterschiedlichen Kalibrierungen zustande.

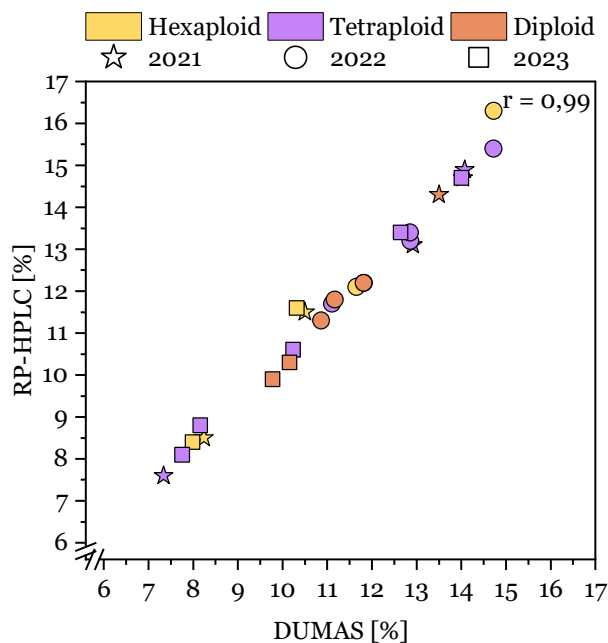


Abbildung 24. Korrelationsdiagramm der weiteren Weizenarten zur Darstellung des Zusammenhangs zwischen den beiden Methoden Umkehrphasen-Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (RP-HPLC) und DUMAS zur Bestimmung des Gesamtproteingehaltes. Pearson  $r$  zeigt mit 0,99 eine starke positive Korrelation.

### 3.2.3 PROTEINZUSAMMENSETZUNG

Die Proteinzusammensetzung ist als Mittelwert aller Erntejahre dargestellt (Abbildung 25). Die Werte der einzelnen Jahre sowie eine Auflistung der Zahlenwerte der einzelnen Sorten sind dem Anhang zu entnehmen (Tabelle 48-Tabelle 51).

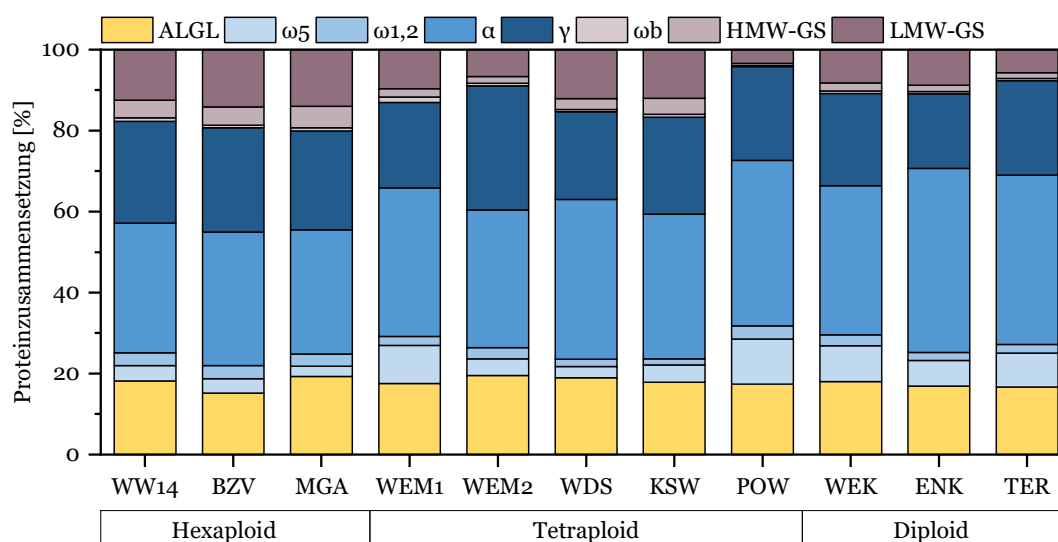


Abbildung 25. Proteinzusammensetzung der weiteren Weizenarten dargestellt als Mittelwert aus drei Erntejahren. Die Proteinfractionen sind relativ zum Gesamtproteingehalt (Summe aller Fraktionen) angegeben und umfassen Albumine und Globuline (ALGL), Gliadine und Glutenine. Gliadine werden als  $\omega_5$ -Gliadine ( $\omega_5$ ),  $\omega_{1,2}$ -Gliadine ( $\omega_{1,2}$ ),  $\alpha$ -Gliadine ( $\alpha$ ) und  $\gamma$ -Gliadine ( $\gamma$ ) dargestellt. Die Gluteninfraktion umfasst Gluteninuntereinheiten mit niedrigem Molekulargewicht (LMW-GS), Gluteninuntereinheiten mit hohem Molekulargewicht (HMW-GS) und  $\omega_b$ -Gliadine ( $\omega_b$ ). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. Abbildung modifiziert nach Jahn *et al.* (2025b).

Bei den Albuminen und Globulinen gab es bei den verschiedenen Weizenarten kaum Unterschiede. Der Anteil schwankte zwischen 15,3 % (BZV) und 20,1 % (WEM2). Weder das Erntejahr ( $F = 1,78$ ,  $p = 0,1902$ ) noch der Ploidiegrad ( $F = 0,64$ ,  $p = 0,5340$ ) hatten einen signifikanten Einfluss auf den Anteil der Albumine und Globuline.

Der Anteil der Gliadine reichte von 60,2 % bis 78,5 %. Den niedrigsten Anteil hatte die Dinkelsorte MGA, den höchsten die tetraploide Sorte POW. Die drei Einkornsorten folgten mit 75,5 % (TER), 72,0 % (ENK) und 70,9 % (WEK) und hatten damit von den drei Gruppen (hexaploid, tetraploid, diploid) den höchsten Anteil. Die tetraploiden Sorten hatten einen höheren Anteil (65,4-70,4 %) als die hexaploiden Sorten (60,2-66,0 %), womit diese den niedrigsten Anteil an Gliadinen aufwiesen. Bei den Gluteninen war es umgekehrt. Die Anteile der hexaploiden Arten waren höher

### 3 ERGEBNISSE UND DISKUSSION

(17,4-20,4 %) als die der diploiden (7,8-11,1 %) und tetraploiden (4,1-16,7 %). Innerhalb der tetraploiden Arten hatte die Sorte POW den niedrigsten Gluteninanteil (4,1 %).

Die Ergebnisse sind in Einklang mit denen von Geisslitz *et al.* (2018b), die ebenfalls einen zunehmenden Anteil an Gliadinen und abnehmenden Anteil an Gluteninen von den hexaploiden zu den tetraploiden bis zu den diploiden Sorten fanden.

Die Gliadine wurden maßgeblich vom Einfluss des Ploidiegrades geprägt ( $F = 6,70$ ,  $p = 0,0049$ ) und nicht vom Erntejahr ( $F = 1,44$ ,  $p = 0,2570$ ). Bei den Gluteninen hatten sowohl der Ploidiegrad ( $F = 8,18$ ,  $p = 0,0020$ ) als auch das Erntejahr ( $F = 4,60$ ,  $p = 0,0204$ ) einen signifikanten Einfluss.

Die höheren Gliadin- und niedrigeren Gluteninanteile bei den tetraploiden und diploiden Arten führten auch zu höheren Gliadin/Glutenin-Verhältnissen (Tabelle 5). Diese schwankten insgesamt sehr, abhängig von der Sorte und dem Erntejahr. Eine zweifaktorielle ANOVA ergab weder einen signifikanten Einfluss des Jahres ( $F = 0,61$ ,  $p = 0,5553$ ), noch des Ploidiegrades ( $F = 3,30$ ,  $p = 0,0577$ ).

Tabelle 5. Gliadin/Glutenin-Verhältnisse der Weizensorten. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	Ploidiegrad	2021	2022	2023	Mittelwert
WW14	Hexaploid	3,3	3,5	6,0	3,7
BZV		3,6	2,6	5,0	3,7
MGA		2,4	3,6	3,0	3,0
WEM1	Tetraploid	3,2	9,1	8,9	7,1
WEM2		7,1	7,4	7,9	7,5
WDS		3,5	3,5	9,0	5,3
KSW		2,9	3,2	7,8	4,6
POW		-	19,6	18,5	19,1
WEK	Diploid	7,8	5,5	-	6,7
ENK		-	8,9	5,0	7,0
TER		-	11,4	8,4	9,9

Die tetraploide Sorte POW hatte im Mittel über drei Jahre mit 19,1 das höchste Gliadin/Glutenin-Verhältnis. Ebenfalls relativ hohe Verhältnisse hatten die beiden Emmersorten WEM1 (7,1) und WEM2 (7,5) und lagen damit im gleichen Bereich wie die diploiden Einkornproben (6,7, 7,0 und 9,9). Die Sorten KSW und WDS lagen bei 4,6 und 5,3. Die niedrigsten

Verhältnisse wurden bei den hexaploiden Arten gefunden. Die Dinkelsorten BZV und MGA hatten Mittelwerte von 3,7 und 3,0. Die gemittelten 14 Weichweizenlandsorten lagen mit 3,7 im gleichen Bereich.

Diese Ergebnisse sind mit denen von Geisslitz *et al.* (2018b) konsistent. Weichweizen und Dinkel hatten die niedrigsten Verhältnisse (2,0-3,2 und 2,8-4,0), gefolgt von Hartweizen (2,2-5,3), Emmer (3,6-6,7) und Einkorn (4,2-12,0). Ozuna und Barro (2018) fanden ebenfalls Gliadin/Glutenin-Verhältnisse in demselben Bereich. Die hexaploiden Arten hatten mittlere Verhältnisse von 2,3 und 3,6. Tetraploide Arten hatten ein mittleres Verhältnis von 2,5 und 6,7. Einkorn wies mit 7,8 das höchste Verhältnis auf. Das Verhältnis der polnischen Weizensorten war mit 4,7 bei Ozuna und Barro (2018) etwa viermal niedriger als das Verhältnis bei der Sorte POW in dieser Studie. Der Unterschied lässt sich dadurch erklären, dass in dieser Studie acht verschiedene Sorten analysiert wurden, während unser Wert lediglich eine einzelne Sorte widerspiegelt.

#### 3.2.4 GLUTENPROTEINZUSAMMENSETZUNG

Im weiteren Verlauf wurde die Zusammensetzung des Glutens der weiteren Weizenarten genauer untersucht (Abbildung 25, Tabelle 52-Tabelle 55). Die Anteile der  $\alpha$ -Gliadine am Gesamtprotein gemittelt über drei Jahre reichten von 30,4 % (MGA) bis 45,3 % (ENK). Die diploiden Arten hatten die höchsten Anteile (36,7-45,3 %), gefolgt von den tetraploiden Arten (33,8-40,9 %). Die hexaploiden Arten wiesen die geringsten Anteile auf (30,4-33,1 %). Der Anteil der  $\gamma$ -Gliadine war bei den hexaploiden (25,1 %), tetraploiden (23,9 %) und diploiden (21,5 %) ähnlich und reichte von 18,3 % bis 29,9 %. Die Einkornsorte ENK wies dabei den geringsten Anteil auf, die Sorte WEM2 den höchsten. Der Anteil der  $\omega$ 5-Gliadine reichte von 2,6 % (MGA) bis 11,4 % (POW). Die Landsorte POW hatte den höchsten Anteil an  $\omega$ 5-Gliadinen, aber auch die diploiden Sorten und die Sorte WEM2 wiesen höhere Werte auf (6,4-9,2 %) als die übrigen Sorten (2,6-4,3 %). Die  $\omega$ 1,2-Gliadine machten bei allen Sorten den geringsten Anteil aus (1,5-3,3 %). In den hexaploiden Sorten hatten sie einen höheren Anteil (3,1 %) als bei den tetraploiden und diploiden Sorten (2,3 % bei beiden).

Die LMW-GS wiesen den größten Anteil und die größte Spannweite aller Gluteninuntereinheiten auf. Der Anteil variierte zwischen 3,4 % (POW) und 14,4 % (ENK). Der Anteil der  $\omega$ b-Gliadine reichte von 0,2 % (POW) bis 1,2 % (WEM1), der von den HMW-GS von 0,6 % (POW) bis 5,3 % (MGA). Die HMW-GS hatten die höchsten Anteile bei den hexaploiden Arten (4,8 %); die bei den



tetraploiden (2,1 %) und diploiden (1,9 %) waren ähnlich. Insgesamt gab es Gemeinsamkeiten in der Glutenzusammensetzung bei Sorten mit dem gleichen Ploidiegrad. Das wurde durch eine zweifaktorielle ANOVA bestätigt. Das Erntejahr hatte nur auf die HMW- und LMW-GS sowie die  $\omega$ b-Gliadine einen signifikanten Einfluss. Der Ploidiegrad hatte auf alle Glutenproteine einen Einfluss, außer auf die  $\omega$ b- und die  $\gamma$ -Gliadine (Tabelle 6).

Tabelle 6. Ergebnisse der zweifaktoriellen Varianzanalysen der weiteren Weizenarten (inklusive des Mittelwerts der 14 Weichweizenlandsorten) (Tukey's Test  $p < 0,05$ ).

Parameter	Faktor 1: Erntejahr (2021, 2022, 2023)		Faktor 2: Ploidiegrad (hexaploid, tetraploid, diploid)	
	F-Wert	p-Wert	F-Wert	p-Wert
$\alpha$ -Gliadine	1,43	0,2588	14,46	< 0,0001
$\gamma$ -Gliadine	0,59	0,5646	2,45	0,1077
$\omega$ 5-Gliadine	0,13	0,8811	4,84	0,0171
$\omega$ 1,2-Gliadine	2,57	0,0975	4,73	0,0185
LMW-GS	3,99	0,0318	7,14	0,0037
HMW-GS	7,05	0,0039	17,20	< 0,0001
$\omega$ b-Gliadine	6,18	0,0068	0,07	0,9280

In einer anderen Studie (Geisslitz *et al.*, 2018b) wurden ebenfalls steigende Anteile der  $\alpha$ -Gliadine bei den hexaploiden über die tetraploiden bis hin zu den diploiden Arten gefunden. Die  $\gamma$ -Gliadine waren zudem bei den Einkornsorten am niedrigsten und bei den Emmersorten am höchsten. Außerdem waren die  $\omega$ 5-Gliadine bei den Einkornsorten am höchsten. Es unterschieden sich die Protein- und Glutenzusammensetzung, aber es wurde keine Sorte bzw. Weizenart als besonders vorteilhaft identifiziert.

### 3.2.5 AMYLASE/TRYPsin-INHIBITOREN

#### 3.2.5.1 GEHALT

Der ATI-Gehalt der weiteren Weizenarten ist in Abbildung 26 dargestellt. Eine detaillierte Auflistung der Zahlenwerte der einzelnen Sorten befindet sich im Anhang (Tabelle 56). Bei fast allen Sorten war der ATI-Gehalt im Jahr 2022 am höchsten (POW, ENK und TER ausgenommen). In den beiden anderen Jahren waren die ATI-Gehalte oft ähnlich.

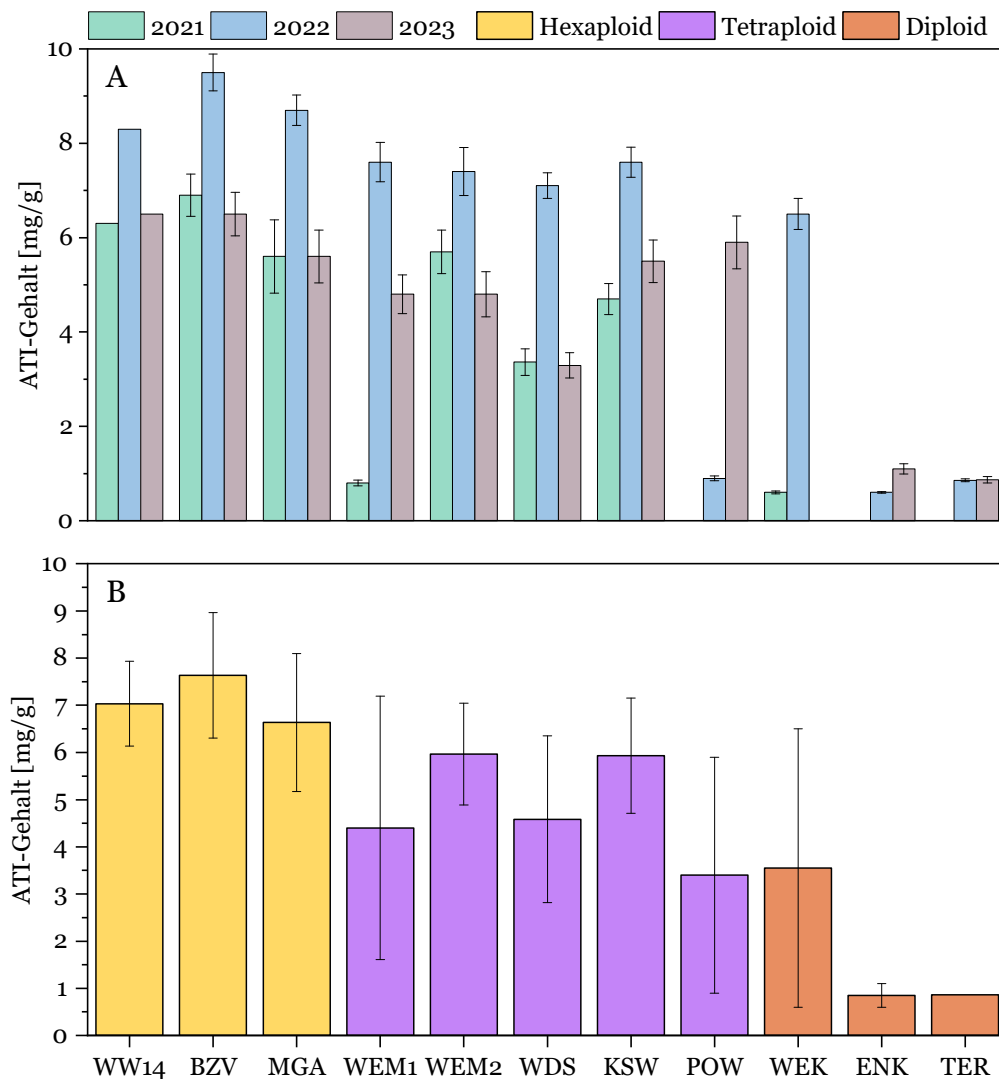


Abbildung 26. Gehalte der Amylase/Trypsin-Inhibitoren (ATIs) der weiteren Weizenarten in den einzelnen Jahren (A) und als Mittelwert von drei Jahren (B). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. Abbildung modifiziert nach Jahn *et al.* (2025b).

Die höchsten Gehalte wiesen die Dinkelsorten BZV (6,5-9,5 mg/g) und MGA (5,6-8,7 mg/g) auf. Sie waren in einem ähnlichen Bereich wie der Durchschnitt der 14 Weichweizenlandsorten (6,0-8,3 mg/g). Die tetraploiden Sorten KSW und WDS lagen bei 4,7-7,6 mg/g und 3,3-7,1 mg/g. Die beiden Emmersorten WEM1 und WEM2 waren sich sehr ähnlich in den Jahren 2022 (7,6 und 7,4 mg/g) und 2023 (4,6 mg/g beide). Im Jahr 2021 unterschieden sie sich. Der Wert für WEM2 war ca. siebenfach höher (5,7 mg/g) als der für WEM1 (0,8 mg/g), der eher den Einkornsorten glich. Die Sorten ENK und TER wurden nur in zwei Jahren geerntet und wiesen Gehalte von 0,6-1,1 mg/g und 0,9 mg/g auf. Die Sorte WEK wurde ebenfalls nur in zwei Jahren analysiert. Hier ergaben sich sehr große Unterschiede zwischen den Jahren. Während der Gehalt 2021 mit 0,6 mg/g im gleichen Bereich wie bei den anderen Einkornsorten lag, war er 2022 mehr als zehnmal so hoch (6,5 mg/g). Die gleiche Beobachtung wurde für die tetraploide Sorte POW gemacht. Im Jahr 2023 war der Gehalt mit 5,9 mg/g fast siebenmal so hoch wie der in 2022 (0,9 mg/g). Wurden die Mittelwerte über alle drei Jahre betrachtet ergaben sich die höchsten Gehalte für die hexaploiden Sorten (6,6-7,6 mg/g), gefolgt von den tetraploiden (3,4-6,0 mg/g). Den geringsten Gehalt hatten die diploiden Einkornsorten (0,9-3,6 mg/g). Eine zweifaktorielle ANOVA bestätigte, dass der Ploidiegrad ( $F = 13,54$ ,  $p = 0,0002$ ) einen größeren Einfluss auf den ATI-Gehalt hatte als das Erntejahr ( $F = 3,47$ ,  $p = 0,0509$ ).

Die Anteile der ATIs bezogen auf den Rohproteingehalt (Tabelle 57) lagen zwischen 0,4 % (WEK in 2021) und 7,3 % (WW14 in 2021 und 2022) und folgten dem gleichen Muster wie der absolute Gehalt. Sie waren über die verschiedenen Jahre hinweg konstanter, da auch der Rohproteingehalt im Jahr 2022 bei fast allen Proben am höchsten war (Abbildung 23). Da die Gehalte der Albumine und Globuline der Proben nicht stark voneinander abwichen (15,3-20,1 mg/g), die ATI-Gehalte jedoch stark variierten, wies auch der ATI-Anteil an den Albuminen und Globulinen (Tabelle 58) eine große Bandbreite auf. Die beiden Einkornsorten ENK und TER wiesen mit rund 5 % die geringsten Anteile auf. POW, WEK und WEM1 hatten Anteile von 13,5-17,4 %, gefolgt von WDS, KSW und WEM2 mit Werten von 22,3-26,1 %. Die hexaploiden Arten Dinkel und Weichweizen wiesen die höchsten Anteile auf, die zwischen 35,3 % und 38,1 % lagen.

Geisslitz *et al.* (2020) analysierten je acht Sorten von Weich- und Hartweizen, Emmer, Dinkel und Einkorn. Die Gehalte lagen mit 0,2 mg/g bis 6,6 mg/g in einem ähnlichen Bereich wie bei uns. Sie fanden auch heraus, dass Dinkel die Art mit dem höchsten ATI-Gehalt war, gefolgt von Weichweizen und Emmer und dann Hartweizen. Dies wurde auch durch eine andere Studie bestätigt (Siellaff *et al.*, 2021). Die Gehalte der Einkornsorten waren mit rund 0,2 mg/g ebenfalls die niedrigsten. Gleichmaßen wiesen Weichweizen- und Dinkelsorten in der Studie von Call *et al.* (2020) die höchsten Gehalte auf, gefolgt von Emmer, Hartweizen und Einkorn. Insgesamt gab

es Unterschiede je nach Ploidiegrad der Sorten. Es wurde jedoch keine Sorte gefunden, in der keine ATIs nachgewiesen wurden. Einkorn bietet aufgrund der niedrigen Gehalte jedoch Potential für zukünftige Forschung.

### 3.2.5.2 ZUSAMMENSETZUNG

Die Verteilung der einzelnen ATIs von allen Weizenarten und allen drei (bzw. zwei bei manchen Sorten) Jahren ist in Abbildung 27 dargestellt. Eine detaillierte Auflistung der Zahlenwerte der einzelnen Sorten befindet sich im Anhang (Tabelle 59-Tabelle 70). Auf den ersten Blick wird sichtbar, dass die Zusammensetzung hauptsächlich vom Ploidiegrad abhing.

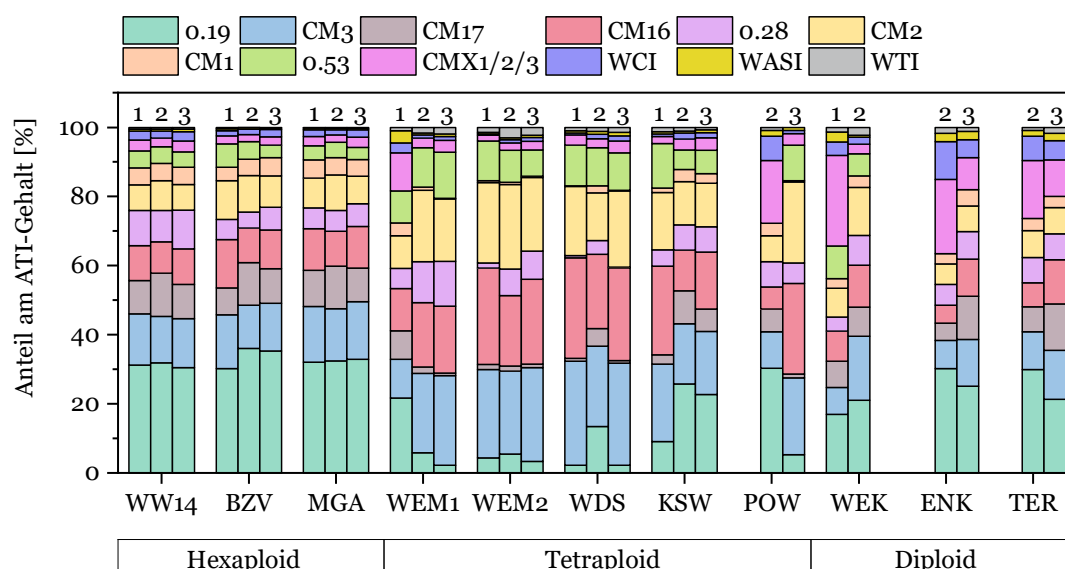


Abbildung 27. Amylase/Trypsin-Inhibitor (ATI)-Anteil basierend auf dem ATI-Gehalt in allen Erntejahren. 1: 2021; 2: 2022; 3: 2023; CM: Chloroform/Methanol; WASI: Weizen-Amylase-Subtilisin-Inhibitor; WCI: Weizen-Chymotrypsin-Inhibitor; WTI: Weizen-Trypsin-Inhibitor. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. Abbildung modifiziert nach Jahn *et al.* (2025b).

Die beiden Dinkelsorten BZV und MGA ähneln im Hinblick auf die ATI-Zusammensetzung dem Mittelwert der 14 Weichweizenlandsorten. CM3 und 0.19 hatten mit insgesamt rund 50 % die höchsten Anteile. CM17, CM16, 0.28 und CM2 trugen jeweils rund 10 % zu den gesamten ATIs bei, sowie CM1 und 0.53 jeweils etwa 5 %. CMX1/2/3, WCI, WASI und WTI machten die letzten 10 % aus.

Die tetraploiden Sorten WEM1 (in den Jahren 2022 und 2023), WEM2, WDS und POW (im Jahr 2023) hatten eine ähnliche ATI-Verteilung. Im Vergleich zu den hexaploiden Arten waren die

Anteile von CM3 und 0.19 geringer und lagen zwischen 30 % und 40 %. Die Anteile von CM17 und CM1 waren mit rund 5 % und 1 % ebenfalls geringer. Im Gegensatz dazu waren die Anteile von CM16 und CM2 mit etwa 20 % bis 25 % höher. Der Anteil von 0.53 war mit rund 10 % doppelt so hoch. CMX1/2/3, WCI, WASI und WTI hatten einen ähnlichen Anteil (ca. 10 %) bei den tetraploiden und den hexaploiden Arten.

Insgesamt war die Variation in der ATI-Verteilung zwischen den drei Erntejahren bei den tetraploiden Sorten viel größer als bei den hexaploiden Sorten. Im Jahr 2021 hatte die Sorte KSW ähnliche Anteile wie alle anderen tetraploiden Sorten, aber in den Jahren 2022 und 2023 war die ATI-Zusammensetzung den hexaploiden Sorten ähnlicher. Auffällig war auch die Sorte WEM1 im Jahr 2021, die im Vergleich zu den anderen beiden Jahren einen viel höheren Anteil von 0.19 und damit einen geringeren Anteil an CM3 aufwies. Außerdem waren die Anteile von CM16, 0.28 und CM2 geringer, während die Anteile von CM17, CM1, CMX1/2/3 und WASI im Vergleich zu 2022 und 2023 deutlich höher waren. Die Sorte POW im Jahr 2022 hatte eine ähnliche Verteilung wie die Sorte WEM1 im Jahr 2021 und wies daher auch eine andere ATI-Verteilung auf als im Jahr 2023. Diese beiden Sorten wiesen in diesen Jahren einen höheren Anteil an CMX1/2/3 und WASI auf. Das gleiche traf auf die Einkornsorten zu. WTI hatten mittlere Anteile von 1,4-1,7 % und CMX1/2/3 13,2-15,2 %.

Die beiden diploiden Sorten ENK und TER hatten eine ähnliche ATI-Zusammensetzung. Die ATIs 0.19 und CM3 machten zusammen etwa 40 % aus. CM17 und CM16 trugen jeweils etwa 10 % bei, während die Anteile von 0.28 und CM2 etwas geringer waren. Die Anteile von CM1 waren mit rund 4 % ähnlich wie bei den hexaploiden Arten, während 0.53 in den beiden Sorten nicht nachweisbar war. Rund 15 % gehörten zu CMX1/2/3 und 5 % bis 10 % zu WCI. Die restlichen 5 % beinhalteten WTI und WASI. Die ATI-Verteilung von WEK war in den beiden Erntejahren sehr unterschiedlich. Im Jahr 2022 war die Verteilung ähnlich wie bei der tetraploiden Sorte KSW in den Jahren 2022 und 2023. Im Jahr 2023 war sie ähnlich zu den hexaploiden Sorten Dinkel und Weichweizen. In beiden Jahren war es möglich, 0.53 zu quantifizieren.

Verschiedene Studien (Geisslitz *et al.*, 2020, Simonetti *et al.*, 2022a) unterstützen die Ergebnisse in dieser Arbeit. Geisslitz *et al.* (2020) fanden ähnliche Verteilungen der verschiedenen ATIs in Weichweizen und Dinkel und in Hartweizen und Emmer. In Einkorn wurden nur CMX1/2/3 und WASI in allen Einkornsorten nachgewiesen. Simonetti *et al.* (2022a) führten eine Gensequenzierung durch und bestätigten, dass die zehn untersuchten Weizensorten anhand ihres Ploidiegrades unterschieden werden konnten.

### 3.2.5.3 INHIBITORISCHE AKTIVITÄT

Die inhibitorische Aktivität gegen  $\alpha$ -Amylase war stark vom Erntejahr und der Sorte abhängig (Abbildung 28, Tabelle 71).

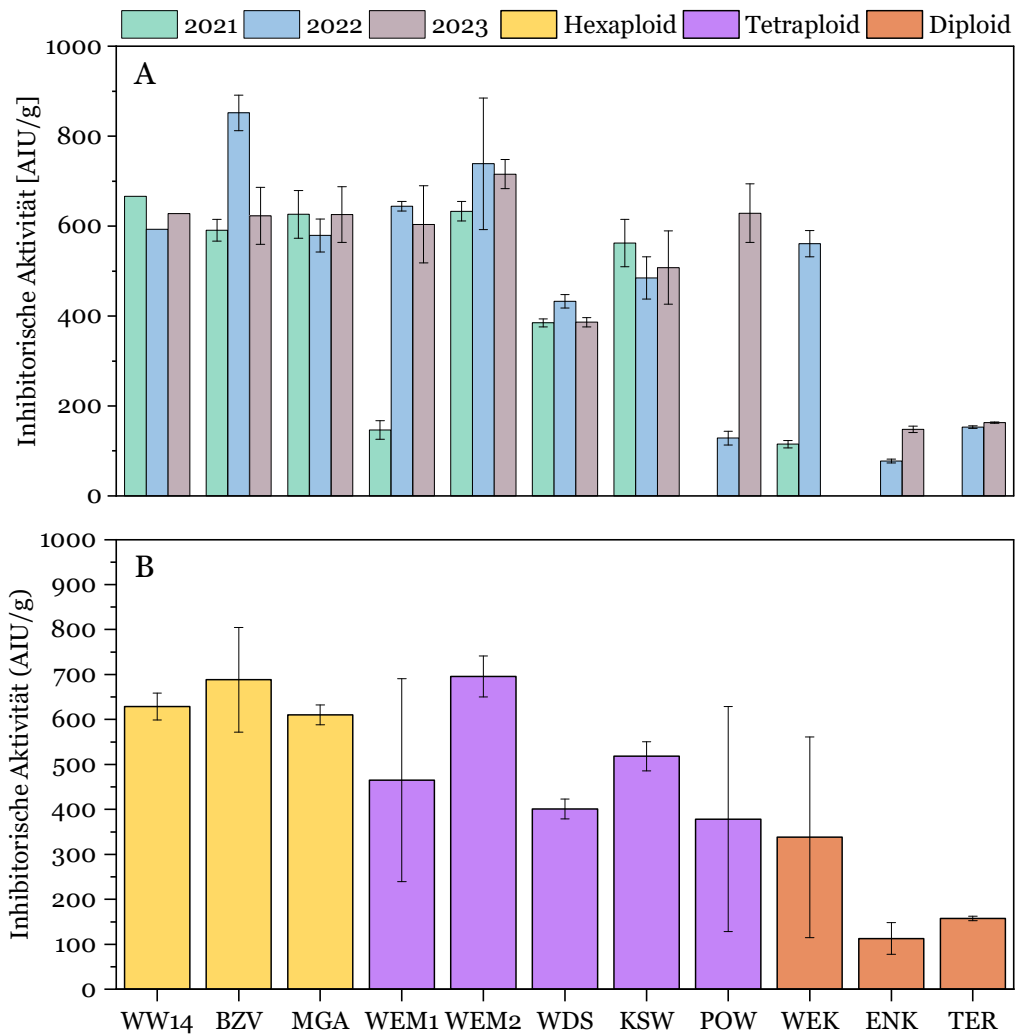


Abbildung 28. Inhibitorische Aktivität der Amylase/Trypsin-Inhibitoren der weiteren Weizenarten in den einzelnen Jahren (A) und als Mittelwert von drei Jahren (B). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. Abbildung modifiziert nach Jahn *et al.* (2025b).

Die höchste Aktivität wurde mit 852 AIU/g bei der Dinkelsorte BZV im Jahr 2022 festgestellt. In den Jahren 2021 (591 AIU/g) und 2023 (623 AIU/g) waren die inhibitorischen Aktivitäten etwas geringer. Die andere Dinkelsorte MGA hatte ähnliche inhibitorische Aktivitäten. In den Jahren 2021 und 2023 lag sie bei 626 AIU/g und in 2022 bei 579 AIU/g. Die 14 analysierten Weichweizenlandsorten hatten Werte von 666 AIU/g (2021), 593 AIU/g (2022) und 628 AIU/g

(2023). Die hexaploiden Sorten wiesen damit insgesamt die höchsten inhibitorischen Aktivitäten auf.

Die tetraploiden Sorten hatten mittlere Aktivitäten. Eine Ausnahme stellt die tetraploide Sorte WEM2 dar, die Werte von 633 AIU/g (2021), 739 AIU/g (2022) und 716 AIU/g (2023) aufwies. Ebenso waren hohe Gehalte bei WEM1 zu finden, allerdings nur in den Jahren 2022 (644 AIU/g) und 2023 (604 AIU/g). Im Jahr 2021 war die Aktivität signifikant niedriger (147 AIU/g). Bei den tetraploiden Sorten WDS und KSW lagen die Werte bei 385-432 AIU/g und 486-562 AIU/g. Die Sorte POW war nur in zwei Jahren vorhanden und wies signifikante Unterschiede zwischen den Jahren auf. Im Jahr 2022 lag sie bei 128 AIU/g, im Jahr 2023 war sie ca. fünfmal so hoch (629 AIU/g).

Die diploiden Einkornsorten hatten die geringsten Aktivitäten. Die von ENK (77 und 148 AIU/g in 2022 und 2023) und TER (153 und 163 AIU/g in 2022 und 2023) waren sich sehr ähnlich. Die Aktivität von WEK lag 2021 ebenfalls im gleichen Bereich (115 AIU/g). In 2022 war sie wie bei der Sorte POW fast fünfmal so hoch (561 AIU/g).

Anhand der Mittelwerte aus drei Jahren (Abbildung 28B) ist zu erkennen, dass die inhibitorische Aktivität bei den hexaploiden Sorten am höchsten ist, gefolgt von den tetraploiden (Ausnahme WEM2) und den diploiden Weizenarten mit den geringsten Aktivitäten (Ausnahme WEK). Obwohl es einige Sorten gab, die starke Schwankungen zwischen den Jahren aufwiesen, ergab eine zweifaktorielle ANOVA, dass nur der Ploidiegrad ( $F = 11,27$ ,  $p = 0,0005$ ) einen signifikanten Einfluss auf die inhibitorische Aktivität hatte, das Erntejahr ( $F = 0,42$ ,  $p = 0,6631$ ) hingegen nicht.

Die Ergebnisse decken sich mit anderen Studien. In einer früheren Studie wurde festgestellt, dass die hexaploiden Arten Dinkel und Weichweizen die höchsten inhibitorischen Aktivitäten aufwiesen, gefolgt von den tetraploiden Arten Emmer und Hartweizen. Es gab jedoch nur wenige Sorten (Emmer), die ähnliche Aktivitäten wie die hexaploiden Arten aufwiesen. Bei den Einkornproben wurden keine Aktivitäten festgestellt (Jahn *et al.*, 2023). Simonetti *et al.* (2022b) verwendeten zwar eine andere Methode, erhielten aber dennoch ähnliche Ergebnisse. Es wurden Sorten von Weich- und Hartweizen, Dinkel, Einkorn, Emmer und Khorasan untersucht, die in drei Jahren an jeweils zwei verschiedenen Standorten geerntet wurden. Die inhibitorischen Aktivitäten waren stark vom Erntejahr, vom Standort und von der Sorte abhängig. Es wurde kein Trend beobachtet, außer dass die hexaploiden Sorten die höchsten und die Einkornsorten die niedrigsten Aktivitäten aufwiesen. Obwohl Gélinas und Gagnon (2018) wiederum eine andere Methode zur Bestimmung der inhibitorischen Aktivität verwendeten, stimmen die Ergebnissen mit den

vorliegenden überein. Khorasan-Weizen, Emmer, Hartweizen, Dinkel und Weichweizen zeigten ähnliche Aktivitäten. Müller *et al.* (2024) untersuchten die inhibitorischen Aktivitäten gegen  $\alpha$ -Amylase in Weichweizen- (Type 405 und Vollkorn), Dinkel- (Type 630 und Vollkorn) sowie Einkornmehlen und fanden ebenfalls ähnliche Aktivitäten in allen Proben.

#### 3.2.6 BROTVOLUMEN

Die Brotvolumina konnten nicht von allen Proben bestimmt werden, da nicht von allen Sorten genug Probenmaterial zur Verfügung stand (Tabelle 72). Sie reichten von 305 mL (TER in 2023) bis hin zu 660 mL (MAG in 2022). Der Mittelwert der 14 Weichweizenlandsorten war mit 679 mL (2022) am höchsten. Der Mittelwert über alle drei Jahre war auch bei den Weichweizenlandsorten am höchsten (628 mL). Die Mittelwerte der Dinkelsorten lagen bei 615 mL (BZV) und 588 mL (MGA). Die Brotvolumina der hexaploiden Arten waren damit am höchsten. Die der tetraploiden Arten lagen in einem mittleren Bereich (430-530 mL). Die diploiden Sorten erzielten mit 345-400 mL die geringsten Brotvolumina. Diese Ergebnisse machen deutlich, warum hauptsächlich die hexaploiden Weizenarten Weichweizen und Dinkel als Brotgetreide verwendet werden.

Geisslitz *et al.* (2018b) fanden Korrelationen zwischen dem Brotvolumen und dem Gliadin/Glutenin-Verhältnis sowie mit dem Gluteningehalt. Eine Pearson-Korrelationsanalyse zwischen dem Gliadin/Glutenin-Verhältnis und dem Brotvolumen mit den weiteren Weizenarten ergab keine Korrelation zwischen den beiden Parametern ( $r = -0,40$ ). Zwischen dem Gluteningehalt und dem Brotvolumen wurde ebenfalls keine Korrelation gefunden (Pearson  $r = -0,17$ ). Die Korrelationsdiagramme der beiden Analysen (Abbildung 29) zeigen jeweils eine optische Gruppierung anhand des Ploidiegrades.



### 3 ERGEBNISSE UND DISKUSSION

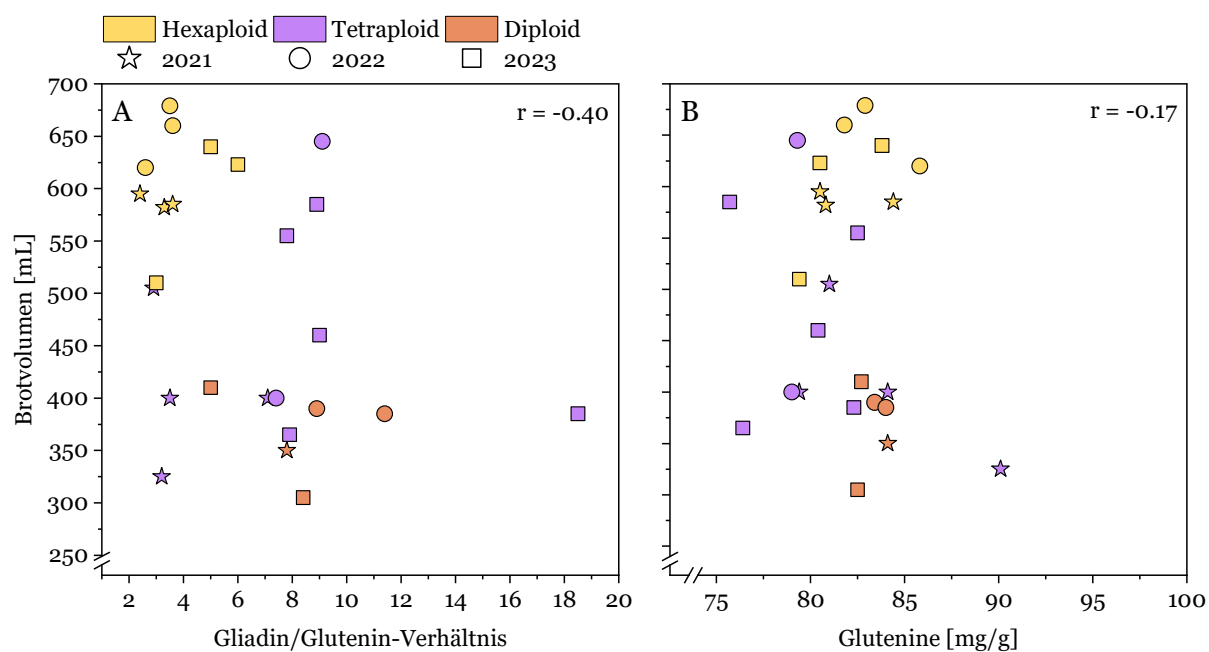


Abbildung 29. Korrelationsdiagramm zur Darstellung des Zusammenhangs zwischen dem Brotvolumen und dem Gliadin/Glutenin-Verhältnis (A) sowie dem Gehalt der Glutenine (B) der weiteren Weizenproben aus allen drei Jahren. Pearson  $r$  zeigt mit -0,40 und -0,17 keine Korrelationen an. Abbildung modifiziert nach Jahn *et al.* (2025b).



Hauptkomponente 1 (hauptsächlich bestehend aus dem ATI-Anteil sowie den Anteilen von Gliadinen,  $\omega$ 5- und  $\alpha$ -Gliadinen) und Hauptkomponente 2 (größtenteils zusammengesetzt aus dem Anteil von LMW-GS und  $\omega$ b-Gliadinen) trugen zu 61,6 % der Gesamtvarianz bei. Die Eigenvektoren waren gleichmäßig in alle Richtungen verteilt. Wie auch bei den Weichweizenproben zeigten die Vektoren für die Gliadine und die  $\alpha$ -Gliadine in eine Richtung, ebenso wie die für die Glutenine und HMW-GS. Eine Besonderheit der weiteren Weizenarten war, dass die Eigenvektoren des ATI-Gehaltes und der inhibitorischen Aktivität in eine Richtung zeigten. Für die Mittelwerte über drei Jahre ergab sich eine mittlere Korrelation ( $r = 0,77$ ); bei der Berechnung über die Werte aus den einzelnen Jahren ergab sich sogar eine starke Korrelation ( $r = 0,91$ ) für die beiden Parameter. Dies steht im Gegensatz zu den Ergebnissen von Jahn *et al.* (2023) und den Ergebnissen der Weichweizensorten (Kapitel 3.1.6.3), bei denen keine Korrelation gefunden wurde. Eine mögliche Erklärung für diese Diskrepanz liegt in der Genetik. Hier wurde nicht nur eine Weizenart untersucht, sondern viele verschiedene, die sich im Ploidiegrad unterscheiden. Im Vergleich zur Studie von 2023 war diese Stichprobe zudem viel kleiner. Das stellt eine Einschränkung dieser Studie dar. Ein weiterer Schwachpunkt liegt darin, dass für jede Weizenart nur wenige Sorten verfügbar waren. Für zukünftige Untersuchungen bietet es sich an, größere Stichprobenmengen zu analysieren. Zusätzliche Sorten, welche nicht als „Landsorten“ deklariert sind, können zudem als Kontrollgruppe dienen.

Die verschiedenen Weizensorten waren ebenso gleichmäßig in alle Richtungen verteilt. Die Sorten, die den gleichen Ploidiegrad wie andere Sorten aufwiesen, bildeten Cluster. Die hexaploiden Arten (Weichweizen und Dinkel) waren hauptsächlich im ersten (und vierten) Quadranten vorzufinden. Fast alle tetraploiden Arten waren im dritten (und vierten) Quadranten lokalisiert, jedoch mit einigen Ausnahmen. WDS und KSW aus den Jahren 2021 und 2022 befanden sich in einer separaten Gruppe nahe bei den hexaploiden Arten im ersten Quadranten. Die diploiden Einkornproben bildeten nur bedingt ein Cluster. Alle diploiden Sorten außer eine (WEK aus 2022) befanden sich an der Grenze zu bzw. in Quadrant zwei. Dort befand sich außerdem die tetraploide Sorte WEM1 aus dem Jahr 2021. Die Sorte WEK aus dem Jahr 2022 war in der Gruppe der hexaploiden Arten im vierten Quadranten zu finden. Insgesamt wurden einige Sorten identifiziert, die aufgrund bestimmter Eigenschaften auffielen. Diese sind jedoch für die Züchtung nicht interessant, da diese Merkmale nur in einem der zwei bzw. drei Jahre auftraten und deswegen nicht von der Genetik, sondern von Umweltbedingungen abhängig sind.

Einige Studien beschäftigten sich bereits mit unterschiedlichen Weizenarten und Unterschieden zwischen „alten“ (Emmer, Einkorn, Dinkel, Khorasan-Weizen) und „neuen“ (Weichweizen, Hartweizen) Arten (D'Amico *et al.*, 2020, Geisslitz *et al.*, 2020, Geisslitz *et al.*, 2019, Shewry, 2018,

Shewry und Hey, 2015). Ähnlich wie bei Landsorten wurde bei den alten Weizenarten vermutet, dass sie ein niedrigeres immunreaktives Potential haben und deswegen für Menschen mit weizenbedingten Erkrankungen verträglicher sein könnten. Diese Studien fanden keine Hinweise darauf, dass alte Weizenarten sich in ihrer Zusammensetzung von gezüchteten Weizenarten unterscheiden. Ozuna und Barro (2018) untersuchten Glutenproteine und immunreaktive Epitope in verschiedenen Weizenarten und kamen ebenfalls zu dem Schluss, dass die Züchtung nicht zu einer erhöhten Immunreaktivität geführt hat, da kein Anstieg im Gliadin- und Glutengehalt beobachtet wurde und moderne Arten wie Hart- und Weichweizen sogar niedrigere Gehalte an  $\alpha$ -Gliadinen, welche das immunreaktivste 33-mer Peptid enthalten (Kissing Kucek *et al.*, 2015), aufwiesen. Zevallos *et al.* (2017) untersuchten die Bioaktivität von ATIs mithilfe von Zelllinien und fanden heraus, dass Emmer, Einkorn, Dinkel und Khorasan-Weizen eine geringere Bioaktivität aufwiesen als Weichweizen. Müller *et al.* (2024) analysierten die inhibitorische Aktivität mittels Hochleistungsdünnschichtchromatographie von Weichweizen-, Dinkel- und Emmermehlen und fanden ähnliche inhibitorische Aktivitäten gegen  $\alpha$ -Amylase und Trypsin in allen Mehlen.

Das deckt sich mit den Ergebnissen dieser Arbeit. Alle analysierten Weizenarten enthielten alle Glutenfraktionen und ATIs. Alte Arten wie Dinkel wiesen beispielsweise sogar höhere ATI-Gehalte und Einkornsorten höhere Anteile an  $\omega$ 5-Gliadinen, die Hauptauslöser für WDEIA (Scherf *et al.*, 2016), auf. Die Landsorten der weiteren Weizenarten scheinen nicht bessere Eigenschaften aufzuweisen als die Weichweizenlandsorten. Vielmehr lässt sich sagen, dass auf Basis der analysierten Parameter die Sorten anhand des Ploidiegrades der Weizenart unterschieden werden können. Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass die Züchtung nicht zu einem höheren immunreaktiven Potenzial geführt hat und dass Landsorten alter Weizenarten wahrscheinlich keine verbesserte Verträglichkeit für bestimmte Personengruppen aufweisen.

Nichtsdestotrotz können Landsorten, insbesondere im ökologischen Landbau, von Bedeutung sein, da sie eine genetische Vielfalt bieten und gut an die regionalen Bedingungen angepasst sind. Besonders interessant ist hier beispielsweise Dinkel. Wie Weichweizen ist Dinkel hexaploid, und die hier durchgeführten Analysen zeigten, dass die Dinkellandsorten den Weichweizenlandsorten ähnlich sind. Da keine Unterschiede zwischen Landsorten und modernen Weichweizensorten gefunden wurden, können Dinkellandsorten eine gute Alternative zu modernem Weichweizen sein. Dinkel ist besonders interessant, da es sich um Brotgetreide handelt und deswegen eine hohe wirtschaftliche Bedeutung hat. Obwohl auch die anderen alten Sorten teilweise vergleichbare Brotvolumina zu den hexaploiden Sorten aufwiesen, ist trotzdem eine angepasste Handhabung notwendig, da aufgrund der hohen Gliadinegehalte die Teige sehr zähflüssig sind.

### 3.3 ROGGEN

Insgesamt befanden sich fünf verschiedene Roggensorten im Probensortiment, davon jedoch nur die zwei Landsorten (CHR, MAR) in allen drei Jahren. Die modernen Sorten wurden nur in einem (KSE, SUB) bzw. in zwei Jahren (KTA) angebaut und analysiert. Bei den Roggenproben wurden nicht alle Analysen durchgeführt, die auch bei den Weizenproben umgesetzt wurden.

#### 3.3.1 PROTEINGEHALT

Der Rohproteingehalt der Roggensorten wurde nach der DUMAS-Methode bestimmt. Als Vergleich diente der Proteingehalt nach der Osborne-Methode (Summe der Albumine und Globuline, Prolamine und Gluteline). Die Ergebnisse sind in Tabelle 7 zusammengefasst. Von allen untersuchten Getreidearten hatten die Roggensorten die niedrigsten Proteingehalte. Die Gehalte waren zwischen den Jahren sehr ähnlich. Sie wiesen im Jahr 2021 die größte Spannweite auf und lagen 2021 zwischen 4,7 % und 6,3 % (4,0-5,7 % nach Osborne). Im Jahr 2022 lagen sie zwischen 5,1 % und 6,1 % (4,1-5,0 % nach Osborne) und 2023 zwischen 4,9 % und 5,2 % (4,0-4,3 % nach Osborne).

Tabelle 7: Rohproteingehalt der Roggenlandsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre, angegeben in %. Gemessen wurde mittels der DUMAS-Methode (A) und der Osborne-Methode (Summe aller Osborne-Fractionen, B).

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
CHR	6,3	5,7	5,9	5,0	5,2	4,3	5,8	5,0
MAR	5,8	5,5	6,1	5,2	5,1	4,3	5,7	5,0
Mittelwert Landsorten	6,1	5,6	6,0	5,1	5,2	4,3	5,8	5,0
KTA*	4,7	4,1	5,1	4,1	-	-	4,9	4,1
KSE*	4,7	4,0	-	-	-	-	4,7	4,0
SUB*	-	-	-	-	4,9	4,0	4,9	4,0
Mittelwert moderne Sorten	4,7	4,1	5,1	4,1	4,9	4,0	4,8	4,0

Die Unterschiede zwischen den Sorten wurden anhand der Einteilung in Landsorten und moderne Sorten sichtbar. So hatten die beiden Landsorten CHR und MAR in allen Jahren höhere Gehalte als die modernen Sorten. Der Mittelwert aus allen Jahren wies einen signifikanten Unterschied zwischen den beiden Gruppen auf. Er lag bei 5,8 % bei den Landsorten und bei 4,8 % bei den modernen Sorten. Durch eine zweifaktorielle ANOVA wurde bestätigt, dass der Faktor Erntejahr ( $F = 3,07$ ,  $p = 0,1206$ ) im Gegensatz zur Genetik (Landsorte oder moderne Sorte) ( $F = 18,17$ ,  $p = 0,0053$ ) keinen signifikanten Einfluss auf den Rohproteingehalt hatte.

Xhaferaj *et al.* (2023a) untersuchten den Proteingehalt von verschiedenen Roggenproben. Dieser war mit einem durchschnittlichen Gehalt von ca. 9 % etwas höher als bei den hier analysierten Proben (5,2 %). Der Unterschied resultiert vermutlich aus der höheren Anzahl der analysierten Proben ( $n = 32$ ) im Vergleich zu den hier analysierten Proben ( $n = 5$ ). Ein weiterer Grund könnte die fehlende Düngung in dem hier analysierten Probenset sein. Schalk *et al.* (2017) fanden einen Proteingehalt von 7,1 % in einer Mehlmischung von vier Sorten. Sardella *et al.* (2023) untersuchten drei Roggenlandsorten und zwei moderne Sorten. Sie fanden höhere Gehalte in den Landsorten (9,1-10,6 %) als in den modernen Sorten (9,1-9,5 %) was mit unseren Ergebnissen übereinstimmt, obwohl die Unterschiede bei ihnen nicht signifikant waren.

Die Proteingehalte der Sorten aus den einzelnen Jahre lagen mit der DUMAS-Methode zwischen 4,7 % und 6,3 % und mit der Osborne-Methode zwischen 4,0 % und 5,7 %. Die beiden Methoden zeigten wie auch bei den Weichweizensorten (Kapitel 3.1.2) und den Sorten der weiteren Weizenarten (Kapitel 3.2.2) eine starke Korrelation ( $r = 0,95$ ). Im Gegensatz zu diesen Sorten waren die Werte nach DUMAS hier jedoch um den Faktor 1,2 höher (und nicht niedriger). Ein Grund für diesen Unterschied liegt vermutlich am verwendeten Referenzmaterial für die Osborne-Methode. Hierfür wird standardmäßig das PWG-Gliadin verwendet, welches aus 28 verschiedenen modernen Weichweizensorten hergestellt wurde. Gliadine unterscheiden sich strukturell von Prolaminen aus Roggen (Schalk *et al.*, 2017). Es ist deswegen möglich, dass es bei unterschiedlichen Getreidearten zu unterschiedlichen Ergebnissen kommt. Ein weiterer Grund könnte der verwendete Faktor sein, welcher zur Umrechnung des Stickstoffgehaltes in den Proteingehalt bei der DUMAS-Methode verwendet wird. Dieser ist spezifisch für bestimmte Produktgruppen. Die Rohproteingehalte der Roggensorten wurden hier wie auch in anderen Studien (Schalk *et al.*, 2017, Xhaferaj *et al.*, 2023a) und wie die Weizenproben mit einem Faktor von 5,71 berechnet. Da Roggen eine andere Aminosäurezusammensetzung als Weizen aufweist (siehe Kapitel 1.2), werden für Roggen auch andere Faktoren (5,33 und 5,35) vorgeschlagen (Mariotti *et al.*, 2008). Xhaferaj *et al.* (2023a) fanden ebenfalls eine starke Korrelation der beiden Methoden ( $r = 0,98$ ) und höhere Gehalte mit der DUMAS-Methode (Faktor 1,9), den sie vor allem

durch den nicht extrahierbaren Rückstand bei der Osborne-Methode erklären. Diese Erklärung erscheint hier jedoch unwahrscheinlich, da der nicht extrahierbare Rückstand auch bei der Analyse der Weizenproben vorhanden war.

### 3.3.2 PROTEINZUSAMMENSETZUNG

Die Proteinzusammensetzung der Roggenproben wurde mittels RP-HPLC gemessen und ist in Abbildung 31 dargestellt. Detaillierte Zahlenwerte sind dem Anhang zu entnehmen (Tabelle 73 und Tabelle 74).

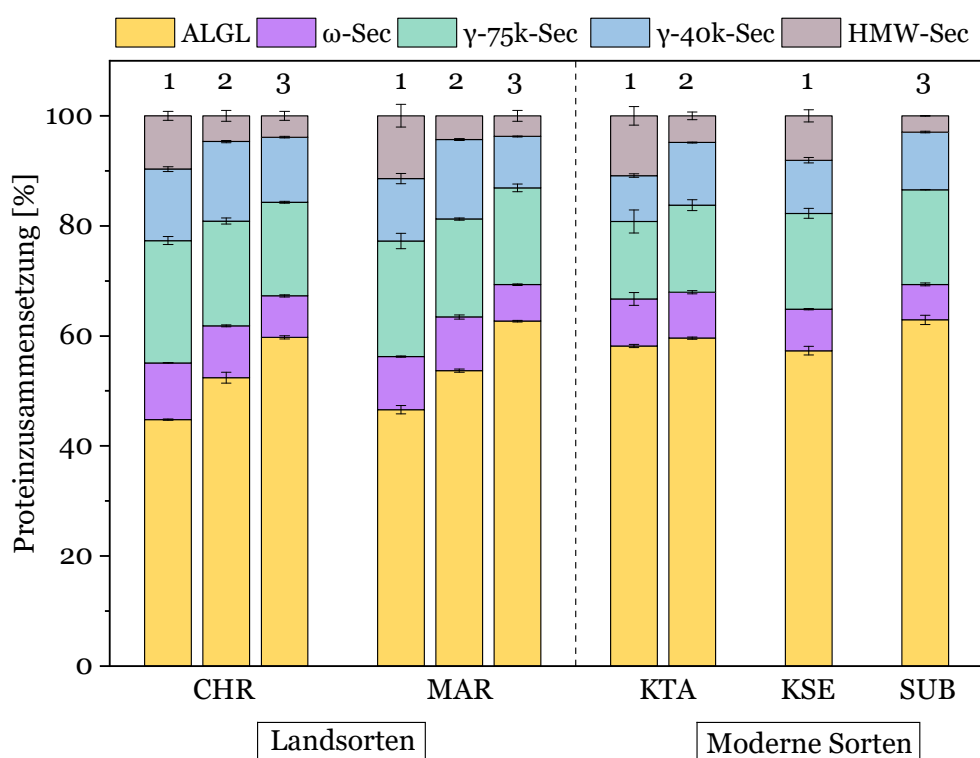


Abbildung 31. Proteinzusammensetzung der Roggensorten dargestellt in allen Erntejahren. 1: 2021; 2: 2022; 3: 2023. Die Proteinfaktionen sind relativ zum Gesamtproteingehalt (Summe aller Fraktionen) angegeben und umfassen die Albumine und Globuline (ALGL), ω-Secaline (ω-Sec), γ-75k-Secaline (γ-75k-Sec), γ-40k-Secaline (γ-40k-Sec) sowie die hochmolekulare Secaline (HMW-Sec). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Die Anteile der Albumine und Globuline lagen bei den beiden Landsorten zwischen 44,8 % und 61,8 %. Die Anteile stiegen dabei mit den Jahren. 2021 war der Anteil bei CHR und MAR am geringsten, 2023 am höchsten. Der Anteil der modernen Sorten lag mit 50,1-61,6 % in einem ähnlichen Bereich wie bei den Landsorten. Bei der modernen Sorte KTA wurde ebenfalls ein Anstieg zwischen den beiden Erntejahren beobachtet. Die beiden anderen modernen Sorten KSE

und SUB waren nur in einem Jahr vorhanden. Der Anteil der  $\omega$ -Secaline lag bei den Landsorten zwischen 6,5 % und 10,3 % und bei den modernen Sorten zwischen 6,3 % und 8,6 %. Die  $\gamma$ -75k- und  $\gamma$ -40k-Secaline lagen bei den Landsorten zwischen 16,9-22,3 % und 9,2-14,5 % und bei den modernen Sorten zwischen 14,1-17,4 % und 8,4-11,3 %. Die HMW-Secaline hatten Werte zwischen 3,7 % und 11,4 % bei den Landsorten und 2,9 % und 10,9 % bei den modernen Sorten. Insgesamt lässt sich sagen, dass nur geringe Unterschiede in der Proteinzusammensetzung zwischen Landsorten und modernen Sorten sichtbar waren.

Mithilfe von zweifaktoriellen ANOVAs wurden die Einflüsse des Jahres und der Genetik (moderne Sorte oder Landsorte) überprüft. Sowohl das Jahr ( $F = 9,91$ ,  $p = 0,0125$ ) als auch die Genetik ( $F = 13,62$ ,  $p = 0,0102$ ) hatten einen signifikanten Einfluss auf den Anteil der Albumine und Globuline. Das gleiche galt für die  $\omega$ -Secaline ( $F = 19,90$ ,  $p = 0,0022$  und  $F = 14,24$ ,  $p = 0,0092$ ). Für die  $\gamma$ -75k-Secaline ( $F = 7,73$ ,  $p = 0,0319$ ) und  $\gamma$ -40k-Secaline ( $F = 7,83$ ,  $p = 0,0312$ ) hatte jeweils nur die Genetik einen signifikanten Einfluss und nicht das Erntejahr ( $F \leq 4,91$ ,  $p \geq 0,0546$ ). Bei den HMW-Secalinen hatte hingegen nur das Jahr ( $F = 41,52$ ,  $p = 0,0003$ ) und nicht die Genetik ( $F = 0,85$ ,  $p = 0,3923$ ) einen Einfluss.

Die Anteile der Albumine und Globuline waren mit ca. 45-62 % sehr viel höher als die der Weichweizensorten (20-25 %) und die der weiteren Weizenarten (15-20 %), passen aber zu den mittleren Gehalten (40 %) von Xhaferaj *et al.* (2023a). Ebenso lagen die mittleren Anteile der  $\omega$ -Secaline (14 %),  $\gamma$ -75k-Secaline (23 %),  $\gamma$ -40k-Secaline (17 %) und HMW-Secaline (6 %) von Xhaferaj *et al.* (2023a) in einem ähnlichen Bereich. Es wurde keine Studie gefunden, die die Proteinzusammensetzung von Roggenlandsorten und modernen Sorten vergleicht.

Zusätzlich zur Proteinverteilung wurde das Verhältnis aus Prolaminen und Glutelinen betrachtet (Tabelle 8). Die Verhältnisse waren im Jahr 2022 am höchsten, die in 2021 und 2023 waren ähnlich, wobei sie in 2023 tendenziell etwas höher waren. Die Verhältnisse der modernen Sorten waren geringfügig niedriger als die der Landsorten. Der Mittelwert der Landsorten war mit 4,8 zwar höher als der der modernen Sorten (3,6); dieser Unterschied war allerdings nicht signifikant. Die höheren Verhältnisse der Landsorten resultierten aus den höheren Prolaminanteilen (Tabelle 73). Eine zweifaktorielle ANOVA bestätigte einen signifikanten Einfluss des Erntejahres ( $F = 20,57$ ,  $p = 0,0021$ ) und keinen Einfluss der Genetik ( $F = 5,54$ ,  $p = 0,057$ ).

Die Verhältnisse waren damit in einem ähnlichen Bereich wie die der hexaploiden Weizenarten (3,0-3,7; Kapitel 3.2.3). Ozuna und Barro (2018) untersuchten 17 Roggensorten (davon fünf Landsorten), aber quantifizierten die Glutenfraktionen analog zu den Weizenproben ( $\alpha$ -,  $\gamma$ -,  $\omega$ 5-,  $\omega$ 1,2-Gliadine sowie HMW- und LMW-GS und  $\omega$ b-Gliadine) weswegen ein Vergleich der



verschiedenen Glutenproteine nicht möglich war. Das mittlere Verhältnis zwischen Prolaminen und Glutelin war mit 4,6 hingegen vergleichbar mit dem mittleren Verhältnis der Landsorten. Andere Studien kamen mit 4,5 (Schalk *et al.*, 2017) und 4,4 (Xhaferaj *et al.*, 2023a) zu den gleichen Ergebnissen.

Tabelle 8. Prolamin/Glutelin-Verhältnisse der Roggenlandsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre.

Sorte	2021	2022	2023	Mittelwert
CHR	3,1	7,0	4,3	4,8
MAR	3,9	6,3	4,2	4,8
Mittelwert Landsorten	3,5	6,7	4,3	4,8
KTA*	3,4	4,9	-	4,2
KSE*	3,4	-	-	3,4
SUB*	-	-	3,3	3,3
Mittelwert moderne Sorten	3,4	4,9	3,3	3,6

### 3.3.3 INHIBITORISCHE AKTIVITÄT

In den Roggenproben wurde keine inhibitorische Aktivität gegen  $\alpha$ -Amylase gefunden. Da die inhibitorische Aktivität nicht mit dem Gehalt an ATIs zusammenhängt (Jahn *et al.*, 2023), ist es trotzdem möglich, dass ATIs in Roggen vorhanden sind. Die inhibitorische Aktivität wurde gegen  $\alpha$ -Amylase aus Schweinepankreas gemessen. Einige ATIs können nur Amylasen bestimmter Herkunft hemmen. Es könnte deswegen sein, dass Roggen ATIs Amylasen anderer Herkunft und/oder andere Enzyme wie Trypsin und/oder Subtilisin hemmen.

Aktuell gibt es keine Studien zur Quantifizierung von ATIs in Roggen. Roggen-ATIs sind andere als die, die in Weizen vorkommen. Es gibt allerdings Homologien in den Aminosäuresequenzen (Iulek *et al.*, 2000). Eine Suche nach „*secale cereale amylase trypsin inhibitors*“ bei UniProt (The UniProt Consortium, 2016) im Februar 2025 ergab zwei Treffer. Die Suche nach „*triticum aestivum amylase trypsin inhibitors*“ hingegen ergab 57 Treffer, was deutlich macht, dass der Schwerpunkt der Forschung auf den ATIs in Weizen liegt. Grund dafür ist vermutlich die höhere wirtschaftliche Bedeutung. Mehr Forschung auf dem Gebiet der Roggen ATIs ist notwendig, um Roggenlandsorten in Bezug auf ATIs mit modernen Sorten zu vergleichen.

## 3.3.4 ZUSAMMENFASSENDE DISKUSSION

Es wurde eine PCA aus den analysierten Daten erstellt (Rohproteingehalt sowie Anteile der verschiedenen Proteinfractionen von allen Proben aus allen Jahren). Der Biplot ist in Abbildung 32 dargestellt und ergibt eine repräsentative Zusammenfassung der Ergebnisse. Insgesamt sind die Ergebnisse jedoch mit Vorsicht zu interpretieren. Bei dem vorliegenden Probenset liegt ein sehr geringer Umfang vor ( $n = 4$ ). Nur je zwei Landsorten und moderne Sorten waren enthalten. Die modernen Sorten waren nur in einem Jahr (2021) beide verfügbar, in den anderen beiden Jahren gab es jeweils nur eine moderne Sorte als Vergleich. Es ist deswegen schwierig, Statistik anzuwenden und allgemeine Aussagen zu treffen. Die Ergebnisse geben jedoch einen ersten Hinweis und können hilfreich sein für zukünftige Untersuchungen an Roggenlandsorten.

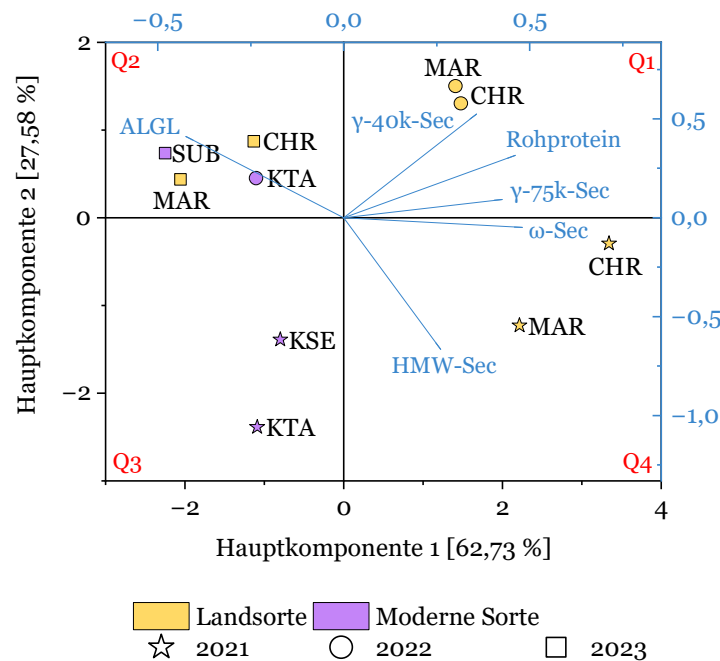


Abbildung 32. Biplot der Hauptkomponentenanalyse basierend auf dem Rohproteingehalt und den Anteilen der verschiedenen Proteinfractionen Albumine und Globuline (ALGL),  $\omega$ -Secaline ( $\omega$ -Sec),  $\gamma$ -75k Secaline ( $\gamma$ -75k Sec),  $\gamma$ -40k-Secaline ( $\gamma$ -40k-Sec) sowie die hochmolekularen Secaline (HMW-Sec) von allen Roggenproben aus allen drei Erntejahren. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. Q1-4: Quadranten 1-4.

Während sich Hauptkomponente 1 hauptsächlich aus dem Rohproteingehalt und den  $\omega$ -Secalinen zusammensetzte, trugen die HMW- und die  $\gamma$ 40k-Secaline maßgeblich zu Hauptkomponente 2 bei. Beide Hauptkomponenten trugen zu 90,3 % der Gesamtvarianz bei. Die Ladungsdiagramme sowie die unterschiedlichen Proben waren im Diagramm gleichmäßig verteilt. Insgesamt ist eine Gruppierung nach Genetik (Landsorte oder moderne Sorte) oder nach Erntejahr möglich. Die

Sorten MAR und CHR aus 2021 waren im vierten Quadranten zu finden, die beiden modernen Sorten KSE und KTA aus diesem Jahr befanden sich im dritten Quadranten. Die Landsorten aus 2022 waren im ersten Quadranten, die moderne Sorte KTA aus diesem Jahr befand sich im zweiten Quadranten bei den beiden Landsorten aus 2023 sowie der modernen Sorte SUB aus 2023. Insgesamt lässt sich schlussfolgern, dass bei den Roggensorten das Erntejahr einen sehr großen Einfluss hat. Um Landsorten zukünftig wiedereinzusetzen, ist es wichtig, dass sie unabhängig von den Umweltbedingungen gleichbleibende Merkmale aufweisen. Für weitere Forschung ist es deswegen sinnvoll noch weitere Sorten zu analysieren.

### 3.4 GERSTE

Zwei Gerstenlandsorten (SPG und STR) und zwei moderne Sorten (RGP und ACC) befanden sich im Probensortiment. Alle Sorten wurden in allen drei Jahren geerntet. Es wurden die gleichen Analysen wie bei den Roggensorten durchgeführt.

#### 3.4.1 PROTEINGEHALT

Der Rohproteingehalt wurde analog zu Kapitel 3.3.1 mittels DUMAS-Methode gemessen und mit dem Proteingehalt nach Osborne verglichen (Tabelle 9). Im Jahr 2021 (6,7-11,4 %) und 2022 (7,4-11,6 %) waren sich die Rohproteingehalte (nach DUMAS) sehr ähnlich. Im Jahr 2023 waren die Gehalte geringfügig niedriger (5,5-7,5 %). Die Proteingehalte nach Osborne waren ähnlich (durchschnittlich ca. 1,1-fach niedriger). Ebenso wie bei Roggen wurde auch hier eine starke Korrelation zwischen den beiden Methoden zur Bestimmung des Proteingehaltes gefunden ( $r = 0,97$ ). Die Gründe dafür wurden bereits in Kapitel 3.1.2 diskutiert.

Tabelle 9: Rohproteingehalt der Gerstenlandsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre, angegeben in %. Gemessen wurde mittels der DUMAS-Methode (A) und der Osborne-Methode (Summe aller Osborne-Fractionen, B).

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
SPG	11,4	11,1	11,6	11,6	7,5	8,2	10,2	10,3
STR	9,6	8,9	8,9	8,6	6,8	7,2	8,4	8,2
Mittelwert Landsorten	10,5	10,0	10,3	10,1	7,2	7,7	9,3	9,3
RGP*	7,4	6,3	7,4	6,9	5,5	4,9	6,8	6,0
ACC*	6,7	6,0	7,9	7,7	5,8	5,6	6,8	6,4
Mittelwert moderne Sorten	7,1	6,2	7,7	7,3	5,7	5,3	6,8	6,2

Die Gehalte der Landsorten waren in allen drei Jahren höher als bei den modernen Sorten. Der Mittelwert der Landsorten aus allen drei Jahren (9,3 %) unterschied sich trotzdem nicht signifikant von dem der modernen Sorten (6,8 %). Sowohl das Erntejahr ( $F = 8,29$ ,  $p = 0,0112$ ), als auch die Genetik (Landsorte oder moderne Sorte;  $F = 19,4$ ,  $p = 0,0023$ ) hatten einen signifikanten Einfluss auf den Rohproteingehalt.

Ähnliche Ergebnisse erhielten auch Schalk *et al.* (2017) (7,7 %) und Xhaferaj *et al.* (2023b) (8,8-19,9 %). Hagenblad *et al.* (2022) untersuchten 80 Gerstensorten und fanden ebenfalls keinen signifikanten Unterschied im Proteingehalt zwischen alten und neuen Sorten.

### 3.4.2 PROTEINZUSAMMENSETZUNG

Die Proteinzusammensetzung der Gerstenproben wurde mittels RP-HPLC gemessen und ist in Abbildung 33 dargestellt. Detaillierte Zahlenwerte sind dem Anhang zu entnehmen (Tabelle 75 und Tabelle 76).

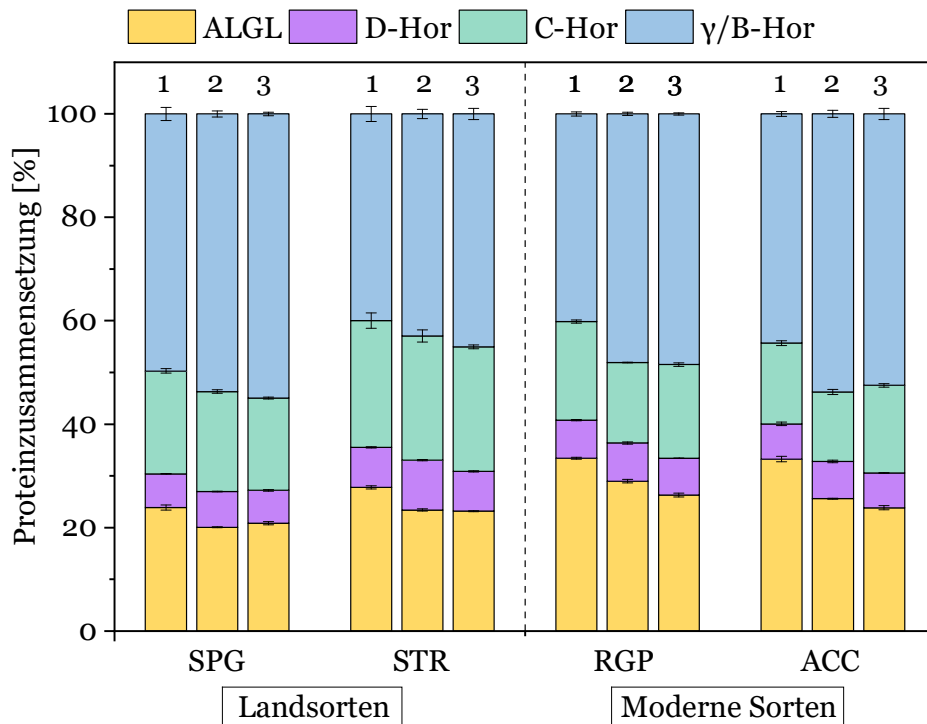


Abbildung 33. Proteinzusammensetzung der Gerstensorten dargestellt in allen Erntejahren. 1: 2021; 2: 2022; 3: 2023. Die Proteinfractionen sind relativ zum Gesamtproteingehalt (Summe aller Fraktionen) angegeben und umfassen Albumine und Globuline (ALGL), D-Hordeine (D-Hor), C-Hordeine (C-Hor) und γ/B-Hordeine (γ/B-Hor). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Die Anteile der Albumine und Globuline lagen bei den Landsorten zwischen 20,0 % und 27,8 % und bei den modernen Sorten zwischen 23,8 % und 33,4 %. Sowohl bei den Landsorten als auch bei den modernen Sorten war der Anteil im Jahr 2021 am höchsten und in den anderen beiden Jahren etwa gleich. Die D-Hordeine hatten bei beiden Gruppen den niedrigsten Anteil mit der geringsten Schwankung: 6,4-9,6 % für die Landsorten und 6,8-7,4 % für die modernen Sorten. Die

### 3 ERGEBNISSE UND DISKUSSION

C-Hordeine lagen bei 17,9-24,5 % (Landsorten) und 13,4-19,0 % (moderne Sorten). Den größten Anteil hatten die  $\gamma$ /B-Hordeine mit 40,0-53,6 % für die Landsorten und 40,2-53,7 % für die modernen Sorten. Auf die  $\gamma$ /B- und die D-Hordeine hatte weder das Jahr ( $F \leq 2,16$ ,  $p \geq 0,1781$ ) noch die Genetik ( $F \leq 0,57$ ,  $p \geq 0,4723$ ) einen Einfluss. Die C-Hordeine wurden signifikant von der Genetik beeinflusst ( $F = 11,3$ ,  $p = 0,0099$ ), nicht jedoch vom Erntejahr ( $F = 0,42$ ,  $p = 0,6682$ ). Bei den Albuminen und Globulinen hatten wie bei Roggen und Weichweizen das Erntejahr ( $F = 9,75$ ,  $p = 0,0072$ ) und die Genetik ( $F = 19,91$ ,  $p = 0,0021$ ) einen signifikanten Einfluss.

Der Glutenanteil ist mit ca. 70 % sehr viel größer als der von Roggen (ca. 40-55 %) jedoch geringer als von Weizen (ca. 75-85 %). Die Anteile der Proteinfractionen lagen in dem gleichen Bereich wie die von Xhaferaj *et al.* (2023b), die Anteile von 25 % für die Albumine und Globuline, 11 % für die D-Hordeine, 19 % für die C-Hordeine und 45 % für die  $\gamma$ /B-Hordeine fanden.

Die Prolamin/Glutelin-Verhältnisse der Proben sind in Tabelle 10 dargestellt. Sie waren sich in den drei Jahren sowohl bei den Landsorten als auch bei den modernen Sorten ähnlich. Die der Landsorten lagen zwischen 2,6 und 3,1, die der modernen Sorten zwischen 0,9 und 1,5. Das resultierte in Mittelwerten aus drei Jahren von 2,9 und 2,8 für die Landsorten und 1,4 und 1,1 für die modernen Sorten. Die höheren Verhältnisse resultierten aus den höheren Prolamingehalten (Tabelle 75). Der Mittelwert der Landsorten unterschied sich signifikant von dem der modernen Sorten. Eine zweifaktorielle ANOVA bestätigte einen signifikant höheren Einfluss der Genetik ( $F = 355,1$ ,  $p < 0,0001$ ) als des Jahres ( $F = 7,51$ ,  $p = 0,0146$ ) auf das Prolamin/Glutelin-Verhältnis.

Tabelle 10. Prolamin/Glutelin-Verhältnisse der Gerstenlandsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre.

Sorte	2021	2022	2023	Mittelwert
SPG	3,0	2,6	3,1	2,9
STR	3,0	2,6	2,9	2,8
Mittelwert Landsorten	3,0	2,6	3,0	2,9
RGP*	1,5	1,2	1,5	1,4
ACC*	1,1	0,9	1,3	1,1
Mittelwert moderne Sorten	1,3	1,1	1,4	1,3

Die Verhältnisse der Gerstensorten waren vergleichbar mit Werten aus anderen Studien. Mit einem mittleren Verhältnis von 1,9 lagen die 31 Gerstensorten (davon 20 Landsorten) von Ozuna und Barro (2018) zwischen den Landsorten und den modernen Sorten. Der Mittelwert von Schalk *et al.* (2017) lag mit 2,8 im Bereich der analysierten Landsorten, der von Xhaferaj *et al.* (2023b) mit 0,5-3 eher im Bereich der modernen Sorten. Es wurde keine Studie gefunden, die sich mit der Proteinzusammensetzung von Gerstenlandsorten und modernen Sorten im direkten Vergleich beschäftigte.

#### 3.4.3 INHIBITORISCHE AKTIVITÄT

Ebenso wie in den Roggenproben wurde in den Gerstenproben keine inhibitorische Aktivität gegen  $\alpha$ -Amylase gefunden. Wie bereits in Kapitel 3.3.3 erläutert wurde, können sich trotzdem ATIs in den Sorten befinden. Von Barber *et al.* (1986) wurden in Gerste ATIs identifiziert, die ähnlich zu den CM-Typen in Weizen sind (CMa-e). Von diesen fünf ATIs hatte nur einer (CMA) die Fähigkeit,  $\alpha$ -Amylase von Insekten zu inhibieren. CMc und CMe waren in der Lage Trypsin zu hemmen. Bei CMb und CMd wurde bei keinem der getesteten Enzyme eine inhibitorische Aktivität gemessen. Dies erklärt, warum keine inhibitorische Aktivität gegen die Schweinepankreas  $\alpha$ -Amylase in den Gerstensorten gemessen wurde.

Für Gerste ist aktuell keine Methode zur absoluten Quantifizierung von ATIs publiziert. Eine Suche nach „*hordeum vulgare amylase trypsin inhibitors*“ bei UniProt (The UniProt Consortium, 2016) im Februar 2025 ergab sechs Treffer (vgl. mit zwei Treffern für Roggen). Weitere Forschung ist notwendig, um Gerstenlandsorten in Bezug auf ATIs mit modernen Sorten zu vergleichen.

#### 3.4.4 ZUSAMMENFASSENDE DISKUSSION

Mithilfe der Daten aus den Analysen des Rohproteins und der Proteinzusammensetzung wurde eine PCA (Abbildung 34) durchgeführt. Hauptkomponente 1 (hauptsächlich beeinflusst durch die  $\gamma$ /B-Hordeine) und Hauptkomponente 2 (hauptsächlicher Einflussfaktor sind die C-Hordeine) hatten zusammen 77,9 % Anteil an der Varianz. Sowohl die Ladungsdiagramme als auch die einzelnen Proben waren im Diagramm verteilt.

Die Landsorten und die modernen Sorten konnten anhand der PCA unterschieden werden. Die Landsorten befanden sich in den ersten zwei Quadranten (bzw. auf der Grenze dazu) und die modernen Sorten befanden sich im dritten und vierten Quadranten. Außerdem war innerhalb der

Gruppen jeweils eine Abgrenzung der Sorten möglich. So befand sich die Landsorte STR aus 2021 in unmittelbarer Nähe zu dieser Sorte aus den anderen Jahren (im ersten Quadranten). Das gleiche galt für die Landsorte SPG, die sich im zweiten Quadranten befand (bzw. SPG aus 2023 an der Grenze zum dritten Quadranten). Bei den modernen Sorten war die Trennung nicht ganz so eindeutig, aber auch dort befand sich die gleiche Sorte aus unterschiedlichen Jahren in geringer Entfernung zueinander.

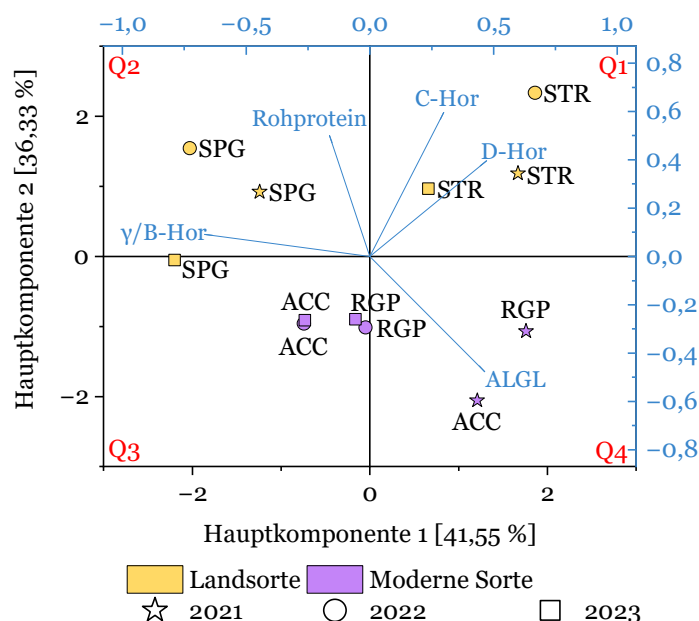


Abbildung 34. Biplot der Hauptkomponentenanalyse basierend auf dem Rohproteingehalt sowie den Anteilen der verschiedenen Proteinfractionen Albumine und Globuline (ALGL), C-Hordeine (C-Hor), γ/B-Hordeine (γ/B-Hor) und D-Hordeine (D-Hor), von allen Gerstenproben aus allen drei Erntejahren. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. Q1-4: Quadranten 1-4.

Grundsätzlich besteht das gleiche Problem wie bei den Roggensorten, dass der Stichprobenumfang insgesamt zu klein war. Im Gegensatz zu den Roggensorten waren aber alle Sorten in allen drei Erntejahren verfügbar. Trotzdem müssen die Ergebnisse mit Vorsicht interpretiert und kritisch hinterfragt werden. Hier bietet sich ebenfalls an, erneute Untersuchungen mit einem größeren Stichprobenumfang durchzuführen, um die Ergebnisse zu verifizieren.



### 4 FAZIT UND AUSBLICK

Das Ziel dieser Arbeit lag in der Untersuchung des Einflusses der Züchtung auf die Inhaltsstoffzusammensetzung deutscher Getreidelandsorten. Die Relevanz dieses Themas wird deutlich anhand der Hypothese, dass die bei der Züchtung angewandten Selektionskriterien möglicherweise zu Veränderungen in der Inhaltsstoffzusammensetzung in Getreide geführt haben. Moderne Sorten sollen deswegen eine gesteigerte immunreaktive Wirkung haben und für die vermehrte Prävalenz weizen- bzw. glutenbedingter Krankheiten verantwortlich sein.

Um dieser Fragestellung nachzugehen, wurden verschiedene Inhaltsstoffe von unterschiedlichen Getreidelandsorten sowie modernen Sorten, die an einem Standort in Deutschland in drei aufeinanderfolgenden Jahren angebaut wurden, analysiert. Dazu gehörte beispielsweise die Proteinzusammensetzung. Ein besonderer Fokus lag dabei auf Gluten und ATIs, da diese im Zusammenhang mit verschiedenen getreideassoziierten Krankheiten stehen. Die Protein- sowie Glutenzusammensetzung wurde mittels RP-HPLC analysiert. Der Gehalt und die Zusammensetzung von ATIs wurden mittels LC-MS/MS analysiert. Die inhibitorische Aktivität der ATIs wurde mittels eines Enzymassays untersucht.

Bei allen Getreidelandsorten war der Prolaminanteil höher und der Glutelinanteil niedriger als bei modernen Sorten, was insgesamt auch zu höheren Prolamin/Glutelin-Verhältnissen bei den Landsorten geführt hat. Der hohe Prolaminanteil kann zu Problemen beim Verarbeiten führen, da hohe Gliadinanteile in Weizenmehlen zu klebrigen Teigen führen. Obwohl mit den Weizenlandsorten ähnliche Brotvolumina erzielt wurden wie mit den modernen Sorten, ist bei der Handhabung handwerkliches Geschick und Wissen gefragt. Bei den weiteren Analysen wie der Gluten- und ATI-Zusammensetzung konnten (mit wenigen Ausnahmen) keine signifikanten Unterschiede gefunden werden. In allen untersuchten Sorten wurden alle Glutenfraktionen und alle ATIs nachgewiesen. Lediglich zwei Einkornsorten hatten sehr geringe ATI-Gehalte und inhibitorische Aktivitäten. Die anderen Sorten der weiteren Weizenarten wie Khorasan-Weizen oder Polnischer Weizen konnten insgesamt anhand des Ploidiegrades unterschieden werden. Alles in allem gab es kaum Unterschiede im Inhaltsstoffprofil zwischen Landsorten und modernen Sorten. Die Hypothese, dass Landsorten weniger immunreaktive Inhaltsstoffe enthalten als moderne Sorten wurde im Rahmen dieser Arbeit nicht bestätigt. Es wurde keine Landsorte identifiziert, die besonders wenige immunreaktive Inhaltsstoffe aufweist.

Diese Ergebnisse lassen darauf schließen, dass die Züchtung nicht für das vermehrte Auftreten bestimmter Krankheiten verantwortlich ist. Es bedarf also weiterer Forschung, warum es in den

letzten Jahrzehnten zu einer erhöhten Prävalenz bestimmter Krankheiten kam. Verschiedene Faktoren können dabei wichtig sein. Ein wichtiger Punkt besteht in der Diagnose von Krankheiten. Heutzutage ist die Diagnostik sehr viel ausgereifter als noch vor vielen Jahren und Krankheiten können viel besser erkannt werden.

Ein weiterer Faktor ist, dass viele Menschen mit den Begriffen „Landsorten“ und „Urgetreide“ besondere Eigenschaften wie eine bewusste und gesunde Ernährung assoziieren (Wang *et al.*, 2024). Eine aktuelle Studie (de Graaf *et al.*, 2024) zeigte, dass die Erwartung, Gluten zu verzehren, eine wichtige Rolle bei der Entstehung von Symptomen spielen kann; manchmal sogar mehr als die tatsächliche Aufnahme von Gluten. Dies deutet darauf hin, dass psychologische Faktoren zu den Symptomen bei Krankheiten wie NCWS beitragen können. Das macht deutlich, dass weiterer Forschungsbedarf zu den Mechanismen zur Entstehung dieser Erkrankungen notwendig ist.

Was außerdem zu beachten ist, ist die Verarbeitung vom Rohstoff zum Produkt. Die Verarbeitungstechniken von der Pflanze bis hin zum fertigen Produkt haben sich in den letzten Jahrzehnten verändert. So wird heutzutage hauptsächlich Hefe statt langer Gärung und Sauerteig verwendet. Die Verarbeitung kann Einfluss haben auf die Inhaltsstoffzusammensetzung, da z.B. Sauerteig zu einem Abbau von ATIs und FODMAPs führen kann (Laatikainen *et al.*, 2017).

Obwohl die Ergebnisse dieser Arbeit darauf schließen lassen, dass die Züchtung nicht zu einem erhöhten immunreaktivem Potential geführt hat, sind die Ergebnisse trotzdem von Bedeutung. Ein weiterer wichtiger Faktor ist beispielsweise die genetische Vielfalt der Getreidelandsorten im Hinblick auf den Klimawandel. Umweltfaktoren wie Niederschläge, Temperaturen, Kohlenstoffdioxid- und Ozongehalt in der Luft sowie Unkrautwachstum können sich negativ auf das Wachstum und die Standfestigkeit von Getreidesorten auswirken. Da Landsorten genetisch vielfältig sind und lokal angepasst, stellen sie eine große Chance für die Zukunft dar, sich gut an spezifische Anbaubedingungen im Rahmen des Klimawandels anzupassen.

Alles in allem zeigt diese Arbeit, dass Landsorten eine gute Alternative zu modernen Sorten sein können, insbesondere im ökologischen Landbau. Es ist möglich, Produkte von gleicher Qualität wie mit modernen Sorten herzustellen. Landsorten bieten vor allem für kleine und mittlere Betriebe eine große Chance, handwerkliche Spezialitäten herzustellen.

## 5 EXPERIMENTELLER TEIL

### 5.1 PROBENSORTIMENT

Die Proben (Tabelle 11) wurden an der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (Ruhstorf an der Rott, Deutschland) angebaut und in den Jahren 2021, 2022 und 2023 geerntet. Der Anbau erfolgte unter ökologischen Anbaubedingungen ohne Düngung. Die Versuchsanordnung war ein randomisierter Versuch im lateinischen Rechteck mit drei Wiederholungen, die gemeinsam geerntet und gemahlen wurden. Alle Getreidesorten wurden nach der Ernte gereinigt. Die Körner wurden mit einer Quadrumat Junior Mühle von Brabender (Duisburg, Deutschland) gemahlen, um Mehle der Type 550 (Aschegehalt von 0,51 % bis 0,63 %, bezogen auf die Trockenmasse) gemäß der deutschen Mehlsklassifizierung zu erhalten.

Tabelle 11: Verschiedene Sorten der unterschiedlichen Getreidearten Weizen (*Triticum*), Roggen (*Secale*) und Gerste (*Hordeum*). Bei mit \* gekennzeichneten Sorten handelt es sich um moderne Sorten.

Wissenschaftlicher Name	Sorte	Abkürzung	Erntejahre
<i>T. aestivum</i> ssp. <i>aestivum</i>	Ackermanns Bayernkönig	ABK	2021, 2022, 2023
	Alpiner begrannter Land	ABL	2021, 2022, 2023
	Altbanater	ALT	2021, 2022, 2023
	Berchtesgadener Vogel	BEV	2021, 2022, 2023
	Boss*	BOS	2021, 2022, 2023
	Eglfinger Hohenstaufen	EGH	2021, 2022, 2023
	Elixer*	ELX	2021, 2022, 2023
	Freisinger Landweizen	FLW	2021, 2022, 2023
	KWS Sharki*	KWS	2021, 2022, 2023
	Niederbayerischer Braun	NBR	2021, 2022, 2023
	Nördlinger Roter	NOR	2021, 2022, 2023
	RGT Reform*	RGT	2021, 2022, 2023
	Roter Sächsischer Landweizen	RSL	2021, 2022, 2023
	Schwäbischer Dickkopf	SDL	2021, 2022, 2023
	Landweizen		
	Unterfränkischer Land	UNL	2021, 2022, 2023
	Wahrberger Ruf	WAR	2021, 2022, 2023
	Wendelin*	WEN	2021, 2022, 2023
	Wetterauer Fuchs	WEF	2021, 2022, 2023
	Wiwa*	WIW	2022, 2023
<i>T. aestivum</i> ssp. <i>compactum</i>	Weihenstephan (Igelweizen)	WEI	2021, 2022, 2023

## 5 EXPERIMENTELLER TEIL

Fortsetzung Tabelle 11			
<i>T. aestivum ssp. spelta</i>	Babenhausener Zuchtvesen	BZV	2021, 2022, 2023
	Müllers Gaiberger	MGA	2021, 2022, 2023
<i>T. turgidum ssp. dicoccum</i>	Weihenstephan Emmer 1	WEM1	2021, 2022, 2023
	Weihenstephan Emmer 2	WEM2	2021, 2022, 2023
<i>T. turgidum ssp. durum</i>	Winterdurum Sambadur	WDS	2021, 2022, 2023
<i>T. turgidum ssp. turanicum</i>	Khorasan-Weizen	KSW	2021, 2022
<i>T. turgidum ssp. polonicum</i>	Polnischer Weizen	POW	2022, 2023
<i>T. monococcum</i>	Enkidu*	ENK	2022, 2023
	Terzino*	TER	2022, 2023
	Wildeinkorn	WEK	2021, 2022
<i>S. cereale</i>	Champagnerroggen	CHR	2021, 2022, 2023
	KWS Serafino*	KSE	2021
	KWS Tayo*	KTA	2021, 2022
	Marienroggen	MAR	2021, 2022, 2023
	SU Bendix*	SUB	2023
<i>H. vulgare</i>	Accordine*	ACC	2021, 2022, 2023
	RGT Planet*	RGP	2021, 2022, 2023
	Spiegelgerste	SPG	2021, 2022, 2023
	Stadlers Ratisbona	STR	2021, 2022, 2023

## 5.2 CHEMIKALIEN UND ENZYME

Die für die folgenden Analysen verwendeten Chemikalien und Enzyme sind Tabelle 12 zusammengefasst. Hergestellte Lösungen sind direkt in den entsprechenden Kapiteln zur jeweiligen Methode zu finden.

Tabelle 12. Verwendete Chemikalien und Enzyme mit Herstellenden-Angabe und Reinheit.

<b>Chemikalie</b>	<b>Herstellende</b>	<b>Reinheit</b>
1-Propanol	VWR (Radnor, PA, USA)	100 %
1,4-Dithiothreitol	Applichem (Darmstadt, Deutschland)	Min. 99,5 %
2-Chloracetamid	Acros Organics (Geel, Belgien)	98 %
Acetonitril	VWR	99,9 %
	Thermo Fisher Scientific (Waltham, MA, USA)	100 %
Ameisensäure	VWR	≥99,9 %
Ammoniumbicarbonat (NH <sub>4</sub> HCO <sub>3</sub> )	Carl Roth (Karlsruhe, Deutschland)	99 %
Dinatriumhydrogenphosphat-Dihydrat (Na <sub>2</sub> HPO <sub>4</sub> x 2 H <sub>2</sub> O)	VWR	99,9 %
Ethanol abs.	VWR	100 %
Harnstoff		>99,5 %
Kaliumhydrogenphosphat (KH <sub>2</sub> PO <sub>4</sub> )	VWR	99,9 %
Natriumchlorid (NaCl)	VWR	99,9 %
Prolamin Working Group-Gliadin (PWG)	Arbeitsgemeinschaft Getreideforschung e.V. (Detmold, Deutschland)	93,1 %
Salzsäure (HCl)	VWR	p.A.
Schweinepankreas α-Amylase (Typ VI-B, ≥5 units/mg)	Sigma-Aldrich (St. Louis, MO, USA)	-
Trifluoressigsäure	Alfa Aesar (Ward Hill, MA, USA)	99,5 %
Tris(2-carboxyethyl)phosphin Hydrochlorid	Alfa Aesar	98 %
Tris(hydroxymethyl)aminomethan	VWR	100 %
Tris(hydroxymethyl)aminomethan Hydrochlorid	Carl Roth	≥99 %, p.A.
Trypsin aus Rinderpankreas	Sigma-Aldrich	-

Des Weiteren wurden Natriumacetatpuffer und DQ™-Stärke-Reagenz aus dem EnzCheck™ Ultra Amylase Assay Kit (Thermo Fisher Scientific) verwendet.

### 5.3 PEPTIDSTANDARDS

Die Peptide (Tabelle 13) wurden von GenScript (Piscataway, NJ, USA) als unmarkierte Peptide (P1–P22) und als mit stabilen Isotopen markierte interne Standards (IS1–IS22) synthetisiert. Für die Stammlösungen wurden die Peptide in Wasser (1 mg/mL) gelöst und vor der Verwendung bei -80 °C gelagert.

Tabelle 13. Unmarkierte (P) und markierte Peptide (IS), welche als Standard zur Quantifizierung der Amylase/Trypsin-Inhibitoren verwendet werden. C, S-Carboxyamidomethylcystein; Q, Pyroglutamyl; \*P, Prolin (<sup>13</sup>C<sub>5</sub>, <sup>15</sup>N); \*V, Valin (<sup>13</sup>C<sub>5</sub>, <sup>15</sup>N); \*K, Lysin (<sup>13</sup>C<sub>6</sub>, <sup>15</sup>N<sub>2</sub>); \*R, Arginin (<sup>13</sup>C<sub>6</sub>, <sup>15</sup>N<sub>4</sub>). CM: Chloroform/Methanol; WASI: Weizen-Amylase-Subtilisin-Inhibitor; WCI: Weizen-Chymotrypsin-Inhibitor; WTI: Weizen-Trypsin-Inhibitor.

Peptide	ATI	Aminosäuresequenz	Reinheit [%]
P1/IS1	0.28	LQCVGSQV*PEA*VLR	95,7/80,5
P2/IS2	0.28	LTAASVPEVC*K	99,8/96,8
P3/IS3	0.19+0.53	LQCNGSQV*PEA*VLR	90,9/89,6
		LQCNGSQVPEAVL*R	93,4
P4/IS4	0.19+0.53	LTAASITAVC*R	94,0/90,7
P5/IS5	0.53	EHGVSEGQAGTGAFPSC*R	93,0/96,0
P6/IS6	CM1	SDPNSSVL*K	97,0/94,9
P7	CM2	EYVAQQTCTGVGIVGSPVSTEPGNTPR	90,5
P8/IS8	CM2	TSDPNSGVL*K	96,7/95,6
P9/IS9	CM3	YFIALPVPSQPVPD*R	90,4/91,5
P10/IS10	CM3	SGNVGESGLIDL*PGC*PR	90,5/43,0
P11/IS11	CM16	DYVEQQAC*R	93,7/97,8
P12/IS12	CM16	QQCCGELANIPQQC*R	90,2/95,7
P13/IS13	CM17	NYVEEQAC*R	92,8/97,3
P14/IS14	WASI	HVITGPV*R	98,6/97,6
P15/IS15	WASI	YSGAEVHEY*K	95,4/99,5
P16/IS16	CMX1/2/3	EFIAGIVG*R	98,1/95,4
P17/IS17	WCI	ELAAISSNC*R	94,0/91,5
P18/IS18	WCI	AFPPSQSQGGGPPQPPLAP*R	96,3/96,1
P19/IS19	WTI	ELEAVSEEC*R	92,9/92,2
P20/IS20	WTI	LEGVPEGCT*R	92,0/97,7
P21/IS21	CMX1/3	GSLLDMS*R	98,6/92,7
P22/IS22	0.19	EHGAQEGQAGTGAFP*R	94,1/90,1

## 5.4 PROTEINGEHALT

Der Stickstoffgehalt der Weizen-, Roggen- und Gerstenmehle wurde mit dem Stickstoffanalysator DUMATHERM® N PRO (Gerhardt Instruments, Königswinter, Deutschland) nach *International Association for Cereal Science and Technology* (ICC) Standard Nr.167 bestimmt. Dafür wurden die Proben eingewogen und direkt gemessen. Es erfolgte jeweils eine Dreifachbestimmung. Durch Multiplikation mit einem Faktor von 5,71 wurde der Rohproteingehalt berechnet.

## 5.5 PROTEINZUSAMMENSETZUNG

Die Bestimmung der Proteinzusammensetzung der Weizen-, Roggen und Gerstenmehle erfolgte mithilfe der modifizierten Osborne-Fraktionierung nach Wieser *et al.* (1998).

### 5.5.1 PROTEINEXTRAKTION

Die Extraktion der Albumine und Globuline, Gliadine und Glutenine erfolgte schrittweise aus 100 mg Mehl. Dabei wurden folgende Lösungen verwendet:

- Lösung A: 0,4 mol/L NaCl + 0,067 mol/L Na<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>/KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> (pH 7,6)
- Lösung B: 60 % (v/v) Ethanol
- Lösung C: 50 % (v/v) 1-Propanol + 2 mol/L Harnstoff + 0,05 mol/L Tris(hydroxymethyl)aminomethan Hydrochlorid (TRIS-HCl) (pH 7,5) + 1 % (w/v) DTT

Zunächst wurden die Albumine und Globuline zweimal mit je 1 mL der Lösung A extrahiert. Danach erfolgte dreimal die Extraktion der Prolamine mit 0,5 mL der Lösung B. Zum Schluss wurden die Gluteline zweimal mit 1 mL des Puffers C extrahiert. Jeder Extraktionsschritt startete mit 2 Minuten Vortex-Mischen, gefolgt von 10 Minuten Rühren bei 22 °C (Albumine und Globuline, Prolamine) bzw. 30 Minuten bei 60 °C (Gluteline). Dann wurden die Proben 30 min bei 25°C und 3550 rcf zentrifugiert. Die Überstände wurden abgenommen und mit der jeweiligen Extraktionslösung auf 2 ml verdünnt und durch einen 0,45 µm-Spritzenfilter mit regenerierter Zellulosemembran (WICOM, Heppenheim, Deutschland) filtriert. Der gefilterte Extrakt wurde für die Analyse mittels RP-HPLC verwendet. Bei den Roggen- und Gerstenproben erfolgte zusätzlich die Zugabe von ca. 1 mg/mL DTT zum Prolamin-Extrakt (bzw. zur Hälfte des Extrakts bei den Roggenproben).

## 5.5.2 QUANTIFIZIERUNG

Die Messung der Extrakte erfolgte mittels RP-HPLC. Die Bedingungen sind in Tabelle 14 dargestellt.

Tabelle 14: Parameter/Bedingungen für die Messung der Osborne-Fraktion mittels Umkehrphasen-Hochleistungsflüssigkeitschromatographie. PWG: Prolamin Working Group; TFA: Trifluoressigsäure.

Vorsäule	Phenomenex (Torrance, CA, USA) Security Guard Widepore C18		
Säule	YMC (Dinslaken, Deutschland) Triart Bio C18 150 mm × 2,1 mm, 3 µm		
Injektionsvolumen Albumine und Globuline	20-30 µL		
Injektionsvolumen Prolamine	5-30 µL		
Injektionsvolumen Gluteline	15-60 µL		
Injektionsvolumen PWG-Kalibrierung	5, 10, 15 und 20 µL		
Säulentemperatur	60 °C		
Wellenlänge	210 nm		
Flussrate	0,5 mL/min		
Eluenten	Eluent A: Wasser/TFA (99,9/0,1; v/v) Eluent B: Acetonitril/TFA (99,9/0,1; v/v)		
Gradient Albumine und Globuline	Zeit [min]	A [%]	B [%]
	0	100	0
	0,4	100	0
	0,5	80	20
	8,0	40	60
	8,1	0	100
	13,0	0	100
	13,1	100	0
	27,0	100	0
Gradient Gliadine, Glutenine und PWG-Standard	Zeit [min]	A [%]	B [%]
	0	95	5
	0,4	95	5
	0,5	70	30
	16,0	40	60
	16,1	0	100
	22,1	0	100
	22,2	95	5
	36,0	95	5



Die externe Kalibrierung wurde mit dem PWG-Gliadin (Arbeitsgemeinschaft Getreideforschung e.V., Detmold, Deutschland) (van Eckert *et al.*, 2006) durchgeführt, das in Lösung B im Ultraschallbad gelöst (2,5 mg/mL) und anschließend filtriert wurde.

Der Gehalt an Albuminen Globulinen, Prolaminen und Glutelinen wurde für alle Getreidearten anhand der entsprechenden Gesamtpeakfläche berechnet. Für die Weizenproben wurden die  $\omega$ 5-Gliadine,  $\omega$ 1,2-Gliadine,  $\alpha$ -Gliadine und  $\gamma$ -Gliadine anhand ihres Anteils an der Gesamtpeakfläche der Gliadine quantifiziert. HMW- und LMW-GS sowie  $\omega$ b-Gliadine wurden entsprechend ihres prozentualen Anteils an der Gesamtpeakfläche der Glutenine quantifiziert. Da die Unterfraktionen für Roggen und Gerste nicht spezifisch den Prolaminen und Glutelinen zugeordnet werden können, wird der Anteil für alle Fraktionen an den Prolaminen und Glutelinen berechnet. Für die Gerstenproben wurden die Gehalte an B-, C-, D- und  $\gamma$ -Hordeinen jeweils am Anteil der reduzierten Prolamine und am Anteil der Glutenine berechnet und addiert. Bei den Roggenproben erfolgte die Berechnung der  $\omega$ -Secaline über die Gesamtfläche der Prolamine, bei den  $\gamma$ -75k- und  $\gamma$ -40k-Secalinen über die Summe aus den Anteilen an den reduzierten Prolaminen und den Glutelinen. Für die Berechnung der HMW-Secaline wurde der Anteil der Prolamine von dem der reduzierten Prolamine abgezogen und der Anteil an der Glutenin-Fläche addiert. Es erfolgte eine Basislinienkorrektur mit dem jeweiligen Lösungsmittel.

## 5.6 GEHALT UND ZUSAMMENSETZUNG VON AMYLASE/TRYPsin-INHIBITOREN

Die Bestimmung des ATI-Gehalts und der -Zusammensetzung der Weizenproben erfolgte nach Geisslitz *et al.* (2020). Dabei handelt es sich um eine LC-MS/MS Methode mit Stabilisotopen-Verdünnungsanalyse. Die Methode wurde an ein Q Exactive Plus Orbitrap (Thermo Fisher Scientific) Massenspektrometriesystem angepasst, das mit einem Vanquish Ultra-Hochleistungsflüssigkeitschromatographiesystem (Thermo Fisher Scientific) gekoppelt ist. Die Methode wurde leicht modifiziert, da nicht alle internen Standards einbezogen wurden, neue hinzukamen und markierte Aminosäuren variiert wurden. Die aktualisierte Methode wurde in Jahn *et al.* (2025a) veröffentlicht.

### 5.6.1 EXTRAKTION DER AMYLASE/TRYPsin-INHIBITOREN

Mehl (50 mg) wurde zweimal mit Ammoniumbicarbonatlösung (0,5 mL, 50 mmol/L, pH 7,8) für 30 min bei 22 °C unter Verwendung eines Magnetrührers extrahiert. Nach jedem Extraktionsschritt wurden die Suspensionen zentrifugiert (25 min, 22 °C, 3750 rcf) und die Überstände vereinigt. Mit einem Rotations-Vakuum-Konzentrator (Christ, Osterode, Deutschland) wurden die Extrakte dann zur Trockne eingedampft. Der Rückstand wurde in 350 µL TRIS-HCl (0,5 mol/L, pH 8,5) und 350 µL 1-Propanol gelöst. Dann wurden 50 µL der Standardlösung (IS1-22) hinzugefügt. Die Konzentration der einzelnen IS in dieser Lösung wurde auf den erwarteten Peptidgehalt in den Proben eingestellt. Danach wurden 50 µL TCEP zugegeben (0,05 mol/L TCEP in 0,5 mol/L TRIS-HCl, pH 8,5) und für 30 min bei 60°C in einem Thermoschüttler inkubiert, um die Reduktion der Disulfidbindungen durchzuführen. Die Alkylierung erfolgte durch Zugabe von 100 µL CAA (0,5 mol/L CAA in 0,5 mol/L TRIS-HCl, pH 8,5) und Inkubation für 45 min bei 37 °C im Dunkeln. Das Lösungsmittel wurde wieder durch Eindampfen zur Trockne entfernt. Zuletzt wurden 0,5 mL Trypsinlösung (Enzym-zu-Substrat-Verhältnis 1:30, 0,04 mol/L Harnstoff in 0,1 mol/L Tris-HCl, pH 7,8) für den tryptischen Verdau für 18 h über Nacht bei 37 °C im Dunkeln zugegeben. Danach wurde die Reaktion mit 5 µL TFA gestoppt. Die Lösung wurde eingedampft und der Rückstand in 1 mL Wasser mit 2 % ACN und 0,1 % FA für die LC-MS/MS Analyse gelöst.

## 5.6.2 QUANTIFIZIERUNG

Die Proben wurden an einem Q Exactive Plus Orbitrap (Thermo Fisher Scientific) Massenspektrometriesystem gemessen, das mit einer Vanquish Ultra-Hochleistungsflüssigkeitschromatographiesystem (Thermo Fisher Scientific) gekoppelt ist. Die Messung erfolgte *targeted* mit den in Tabelle 15 aufgelisteten Einstellungen. Die MS-Parameter für die einzelnen Peptide sind dem Anhang (Tabelle 77) zu entnehmen.

Tabelle 15. Parameter für die Messung der Amylase/Trypsin-Inhibitor-Gehalte. FA: Ameisensäure.

Säule	Aeris Peptide XB-C18 150 mm × 2,1 mm, 1,7 µm		
Säulentemperatur	30 °C		
Wellenlänge	210 nm		
Flussrate	0,2 mL/min		
Injektionsvolumen Proben	2 µL		
Injektionsvolumen Kalibrierlösungen	10 µL		
Eluenten	Eluent A: Wasser/FA (99,9/0,1; v/v) Eluent B: Acetonitril/FA (99,9/0,1; v/v)		
Gradient	Zeit [min]	A [%]	B [%]
	0	95	5
	12	85	15
	18	70	30
	19	20	80
	21	20	80
	22	95	5
	30	9	5
Ionenquelle	Elektrospray-Ionisation im positiven Modus		
<i>Sheath Gas</i>	35 au		
<i>Auxiliary Gas</i>	10 au		
<i>Sweep Gas</i>	0 au		
<i>Spray Voltage</i>	3.00 kV		
Kapillartemperatur	350 °C		
S-Lens Level	60		
Auflösung	17.500		
<i>Automatic Gain Control</i>	2e <sup>4</sup>		
Maximale Injektionszeit	50 ms		
Isolierungsfenster	1,6 m/z		

### 5.6.2.1 KALIBRIERUNG

Zur Kalibrierung wurden zwei Lösungen (25-100 µg/ml jedes Peptids) aus den Stammlösungen hergestellt, Lösung 1 mit P1-P22 und Lösung 2 mit IS1-IS22 (ausgenommen IS7). Jeweils 200 µL der hergestellten Lösungen wurden getrennt voneinander mit 120 µL TRIS-HCl (1,5 mol/L, pH 8,5) und 320 µL 1-Propanol versetzt. Zur Reduktion der Disulfidbrücken wurden danach 70 µL TCEP zugegeben (0,05 mol/L TCEP in 0,5 mol/L TRIS-HCl, pH 8,5) und für 30 min bei 60 °C in einem Thermoschüttler inkubiert. Die Alkylierung erfolgte durch Zugabe von 100 µL CAA (0,5 mol/L CAA in 0,5 mol/L TRIS-HCl, pH 8,5) und Inkubation für 45 min bei 37 °C im Dunkeln. Jeweils 900 µL der alkylierten Lösungen 1 und 2 (0,3-1,3 µg/ml jedes Peptids) wurden mit 8100 µL Wasser (MS-Grade) verdünnt und in Molverhältnissen  $n(P)/n(IS)$  zwischen 9,1 und 0,1 (9+1, 7+1, 5+1, 3+1, 1+1, 1+3, 1+5, 1+7 und 1+9) gemischt und zur Quantifizierung verwendet.

### 5.6.2.2 AUSWERTUNG MIT SKYLINE

Die Datenauswertung erfolgte mit der Software Skyline 23.1.0.380 (MacCoss Lab Software, University of Washington, Seattle, WA, USA) (MacLean *et al.*, 2010). Die automatische Integration und das Vorhandensein aller ausgewählter Fragmente (Tabelle 77) wurde manuell überprüft. Die für die Quantifizierung notwendige Kalibriergeraden wurden erstellt, indem die Peakflächen-Verhältnisse gegen die Stoffmengenverhältnisse (P/IS) der einzelnen Peptide aufgetragen wurden. Die Probenaufarbeitung erfolgte in einer Dreifachbestimmung, die jeweils einmal gemessen wurde. Der Proteingehalt wurde über die Multiplikation des Peptidgehalts mit einem Faktor berechnet. Dieser Faktor ergab sich aus dem Quotienten der molaren Masse des Proteins (ohne Signalpeptid) und der molaren Masse des Peptids.

### 5.6.2.3 AUSWAHL DER PEPTIDE ZUR QUANTIFIZIERUNG

Für die Quantifizierung wurde für jeden ATI ein Peptid (*Quantifier*) ausgewählt. Falls verfügbar, wurde das andere Peptid als *Qualifier* verwendet, um die korrekte Identifizierung sicherzustellen. Für die ATIs CM1 und CM17 war jeweils nur ein Peptid verfügbar, da keine anderen einzigartigen Peptide identifiziert wurden (Geisslitz *et al.*, 2020, Geisslitz *et al.*, 2018a). Für CM2 wurde IS7 aufgrund der geringen Stabilität in Lösung aus der Methode entfernt (P7 wurde zur richtigen Identifizierung von CM2 beibehalten). Für 0.19 waren drei Peptide P/IS 3, 4 und 22 verfügbar. Dasselbe galt für 0.53, bei dem P/IS 3, 4 und 5 zur Quantifizierung in Frage kamen. Da P/IS3 und

4 sowohl im 0.19 als auch im 0.53 vorhanden waren, wurden P/IS22 und P/IS5 als *Quantifier* für diese ATIs gewählt. Von IS3 wurden zwei verschiedene Versionen genutzt, da der neue eine statt zwei Markierungen aufwies, was niedrigere Beschaffungskosten zur Folge hat.

Für die anderen ATIs waren jeweils zwei Peptide verfügbar (Tabelle 78-Tabelle 83). P/IS1 und 2 waren mögliche *Quantifier* für den ATI 0.28. Die Werte für beide waren ähnlich und wiesen eine starke Korrelation auf ( $r = 0,92$ ), so dass P/IS1 aufgrund der niedrigeren Nachweis- (LOD) und Bestimmungsgrenze (LOQ) (Tabelle 84) als *Quantifier* ausgewählt wurde. Die Peptide P/IS9 und 10 waren für die Quantifizierung von CM3 verfügbar. Die Ergebnisse für beide Peptide korrelierten ebenfalls ( $r = 0,86$ ), weshalb P/IS9 aufgrund der niedrigeren LOD/LOQ und der geringeren Anzahl von Aminosäuren als *Quantifier* gewählt wurde. Die Quantifizierung von CM16 war entweder mit P/IS11 oder P/IS12 möglich. Hier zeigten die Ergebnisse ebenfalls eine hohe Korrelation ( $r = 0,86$ ). P/IS11 wurde als *Quantifier* gewählt, da der Gehalt an P/IS12 aufgrund des Wasserverlustes am N-terminalen Glutamin auf der Grundlage von zwei Peptiden berechnet werden muss. Für CMX1/2/3 waren P/IS16 und 21 verfügbar, aber da P/IS21 in keiner der Weichweizenproben in dieser Studie nachgewiesen werden konnte, wurde P/IS16 für die Quantifizierung der jeweiligen ATIs verwendet. P/IS14 und 15 waren Peptide für WASI, aber es bestand nur eine schwache Korrelation zwischen dem Gehalt dieser beiden Peptide ( $r = 0,64$ ). P/IS14 wurde aufgrund der geringeren Anzahl von Aminosäuren und des niedrigeren LOD/LOQ als *Quantifier* ausgewählt. Für WCI waren P/IS17 und 18 vorhanden. Die Standardabweichungen für die Proben waren bei P/IS18 geringer, obwohl das Peptid länger war. Da sich die Gehalte der beiden Peptide kaum unterschieden ( $r = 0,94$ ) und die LOD und LOQ niedriger waren, wurde P/IS18 als *Quantifier* gewählt. Der WTI-Gehalt war für die beiden Peptide P/IS19 und 20 ebenfalls stark korreliert ( $r = 0,99$ ). Da beide Peptide aus zehn Aminosäuren bestehen, wurde das Peptid mit den geringeren Standardabweichungen und den niedrigeren LOD- und LOQ-Werten ausgewählt: P/IS20.

## 5.7 INHIBITORISCHE AKTIVITÄT VON AMYLASE/TRYPsin-INHIBITOREN

Die Bestimmung der inhibitorischen Aktivität der ATIs gegen Schweinepankreas  $\alpha$ -Amylase der Weizen, Roggen- und Gerstenmehle erfolgte nach Jahn *et al.* (2023). Es erfolgte jeweils eine Dreifachbestimmung.

### 5.7.1 EXTRAKTION DER AMYLASE/TRYPsin-INHIBITOREN

100 mg Mehl wurde mit Extraktionspuffer (1 mL, 0,02 mol/L  $\text{Na}_2\text{HPO}_4 \times 2 \text{H}_2\text{O}$ , 0,1 mol/L NaCl, pH 7,5) für 1 h bei 22°C extrahiert. Nach 25-minütiger Zentrifugation bei 22°C (3750 rcf) wurde der Überstand 20 Minuten lang bei 80°C und 500 rpm unter Schütteln inkubiert, um endogene Enzyme zu inaktivieren. Die Suspension wurde erneut zentrifugiert (15 min, 22 °C, 5000 rcf) und der resultierende Überstand verdünnt, um eine Steigung zu erhalten, die idealerweise halb so hoch ist wie die Steigung der positiven Probe. Verdünnungsfaktoren der Weizenproben lagen bei 20-200, die Roggen- und Gerstenproben wurden unverdünnt gemessen.

### 5.7.2 MESSUNG DER FLUORESZENZ

Für die Quantifizierung wurde das EnzCheck® Ultra Amylase Assay Kit verwendet. Das DQ™-Stärke-Reagenz des Assay-Kits wurde in dem mitgelieferten Natriumacetatpuffer (100  $\mu\text{L}$ , 50 mmol/L) gelöst und mit 900  $\mu\text{L}$  Extraktionspuffer verdünnt. Bis zur Verwendung wurde das Reagenz im Dunkeln gelagert und dann erneut 1:10 mit dem Extraktionspuffer verdünnt. Schweinepankreas- $\alpha$ -Amylase wurde in Extraktionspuffer gelöst (1 mg/mL) und verdünnt (Verdünnungsfaktor 100), um eine lineare Bildung des fluoreszierenden Produkts zu erreichen. Der Assay wurde in einer 96-well Platte durchgeführt. Die folgenden Lösungen wurden in die Kavitäten einer solchen Platte pipettiert: Probe (25  $\mu\text{L}$  verdünnter Extrakt und 25  $\mu\text{L}$   $\alpha$ -Amylaselösung), Blindprobe (25  $\mu\text{L}$  verdünnter Extrakt und 25  $\mu\text{L}$  Extraktionspuffer), positive Probe (25  $\mu\text{L}$  Extraktionspuffer und 25  $\mu\text{L}$   $\alpha$ -Amylaselösung) und positive Blindprobe (50  $\mu\text{L}$  Extraktionspuffer). Nach einer Inkubationszeit von 10 Minuten wurde das DQ™-Stärkereagenz (50  $\mu\text{L}$ ) zugegeben und die Fluoreszenzmessung sofort gestartet. Die Messung erfolgte mit einem Mikropplattenreader (Tecan, Maennedorf, Schweiz) bei einer Anregungswellenlänge von 485 nm und einer Emissionswellenlänge von 515 nm als kontinuierliche Bestimmung über 20 min in Intervallen von 20 s. Die inhibitorische Aktivität jeder Probe wurde anhand der Steigungen der Probe und der positiven Probe, des Verdünnungsfaktors und der Probeneinwaagen berechnet. Die Angabe der inhibitorischen Aktivität erfolgte in AIU/g.

## 5.8 BACKVERSUCHE

Die Backversuche wurden im Backlabor der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft durchgeführt. Für die Backversuche wurden 200 g Mehl mit dem im Farinographen (Brabender) ermittelten Wasser, 6 % Hefe (Wieninger, Teisendorf, Deutschland), 2 % Zucker, 2 % Fett (Goldbiskin Meistermarken, CSM, Bremen, Deutschland), 0,002 % Ascorbinsäure und der erforderlichen Menge Malzmehl vermischt, um eine Fallzahl von 250 s zu erhalten. Die Teige wurden bei einer Temperatur von 26 °C angesetzt und anschließend 30 min ruhen gelassen (davon 5 min zur Verarbeitung). Danach folgte eine 30-minütige Gärung am Stück (32 °C und 80 % relative Luftfeuchtigkeit). Die Brote wurden am Schluss 30 min lang bei 230 °C gebacken. Das Volumen des Brotes wurde durch Messung des vom Brot verdrängten Volumens an Rapssaat bestimmt.

## 5.9 GESAMTSTÄRKE

Von ausgewählten Proben aus dem Erntejahr 2022 wurde nach ICC-Standard Nr. 168 der Gesamtstärkegehalt bestimmt. Die ausgewählten Landsorten waren: NOR, NBR, WEF, BZV und FLW. Von den modernen Sorten wurden RGT, BOS, ELX, WEN und KWS ausgewählt. Es wurde das Total Starch Assay Kit (Megazyme by Neogen, Lansing, MI, USA) verwendet.

## 5.10 FODMAP-GEHALT

Der FODMAP-Gehalt wurde an der Monash University (Melbourne, Australien) analysiert. Aufgrund des hohen Probenumfang wurden nur ausgewählte Proben aus zwei Erntejahren (2022 und 2023) analysiert. Von den modernen Sorten wurden BOS, KWS, RGT WEN und WIW ausgewählt. Von den Landsorten wurden NOR, NBR, FLW, WEF, UNL, SDL, RSL, EGH, ABK und POW analysiert. Die Aufarbeitung und Analyse erfolgte nach Muir *et al.* (2009, 2007). Die FODMAPs wurden zunächst aus dem Mehl extrahiert. Dafür wurde 1 g Mehl und nach Zugabe von 80 mL 80 °C heißem destillierten Wasser 15 min gerührt. Nach Abkühlen wurde die Lösung auf 100 mL aufgefüllt, filtriert und zur Analyse verwendet. Fructose, Glucose, Sorbitol, Mannitol, Raffinose, Stachyose und Lactose wurden mittels Ultrahochleistungsflüssigkeitschromatographie mit Lichtstreuendetektor analysiert. Der Gehalt an Fructanen wurde mithilfe des Fructan Assay Kit analysiert (Megazyme International Ireland Ltd, Wicklow, Ireland).

## 5.11 INSTRUMENTELLE ANGABEN

### **Stickstoffanalysator**

Hersteller	Proteingehalt
Modell	C. Gerhardt (Königswinter, Deutschland)
Software	DUMATHERM® N Pro
	Dumatherm Manager V8.11

### **RP-HPLC**

Hersteller	Proteinzusammensetzung
Modell	Shimadzu (Kyoto, Japan)
Degasser	Prominence UFLC
Pumpe	DGU-20A5R
Autosampler	LC-20AD
Säulenofen	SIL-20AC
Detektor	CTO-20AC
Kommunikationsmodul	Dioden-Array-Detektor (DAD), SPD000-M20A
Software	CBM-20A
	LabSolutions V5.93

### **LC-MS/MS**

Hersteller	Gehalt der ATIs
Modell	Thermo Fisher Scientific
Pumpe	Vanquish
Autosampler	VF-P10-A
Säulenofen	VF-A10-A
Detektor	VH-C10-A
Massenanalysator	DAD, VF-D11-A
Software	Orbitrap Q Exactive Plus
	Xcalibur V 4.2.47

### **Mikroplattenreader**

Hersteller	Inhibitorische Aktivität der ATIs
Modell	Tecan (Männedorf, Schweiz)
Software	Infinite 200 PRO
	i-control V3.9.1.0



## 5.12 STATISTISCHE ANALYSEN

Für jede Analyse wurden drei technische Replikate untersucht. Mittelwerte und Standardabweichungen wurden mit Microsoft Office Excel 2016 (Microsoft Corporation, Seattle, WA, USA) berechnet. Die Standardabweichungen variierten in Abhängigkeit von der angewandten Methode. Bei der DUMAS-Methode lagen sie unter 3 %, bei der Osborne-Methode bei fast allen Proben unter 5 % für die einzelnen Fraktionen (höhere Standardabweichungen ergaben sich teilweise bei sehr niedrigen Gehalten). Die Standardabweichungen bei dem Enzymassay lagen bei bis zu 20 %, was mit der Methode zusammenhängt, da Enzyme sehr empfindlich auf äußere Einflüsse reagieren. Dazu zählen beispielsweise geringe Schwankungen der Temperatur, Enzymkonzentration aber auch Matrixeffekte. Bei der LC-MS/MS-Methode waren die Standardabweichungen am höchsten. Für die meisten Quantifizierer waren sie in Bereichen von 0,5-10 %. Bei einzelnen Peptiden und Proben waren sie jedoch auch teilweise höher (bis zu 40 %), was vor allem durch die geringen Mengen zustande kommt.

Statistische Auswertungen wurden mit OriginPro 2023 (OriginLab, Northampton, MA, USA) durchgeführt. Diese beinhalteten: Pearson- und Spearman-Korrelationen, ein- und zweifaktorielle ANOVAs sowie Hauptkomponentenanalysen. Falls nicht anders angegeben, wurde unter  $r$  der Pearson-Korrelationskoeffizient verstanden. Dieser wurde wie folgt definiert:  $\pm 0,54 < r \leq \pm 0,67$ : schwache Korrelation;  $\pm 0,67 < r \leq \pm 0,78$ : mittlere Korrelation;  $\pm 0,78 < r \leq \pm 1,00$ : starke Korrelation (Thanhhaeuser *et al.*, 2014).

Signifikante Unterschiede zwischen den Landsorten und modernen Sorten (bei den Weichweizen-, Roggen- und Gerstenproben) sowie zwischen den verschiedenen Erntejahren (bei den weiteren Weizenarten) wurden mit einer einfaktoriellen ANOVA (Tukey's Test  $p < 0,05$ ) ermittelt.

Die zweifaktorielle ANOVA bei den Weichweizen-, Roggen- und Gerstensorten beinhaltete die Faktoren „Erntejahr“ (2021, 2022, 2023) und „Genetik“ (Landsorte oder moderne Sorte). Bei den weiteren Weizenarten waren die Faktoren die gleichen, wobei unter Genetik in diesem Fall der Ploidiegrad verstanden wurde (hexaploid, tetraploid oder diploid). Der Mittelwert der 14 Weichweizenlandsorten wurde bei den weiteren Weizenarten bei der zweifaktoriellen ANOVA mit einberechnet.

## 6 LITERATURVERZEICHNIS

- Adelmann, W., Eschenbach, S., Freilinger, L., Schwaighofer, A. & Loreth, P. (2018). Laufener Landweizen: Eine Regionalsorte für eine naturgerechte Landwirtschaft und faire Wertschöpfung. *ANliegen Natur*, 89-94.
- Agrarmeteorologie Bayern (2024). <https://www.wetter-by.de/Internet/AM/NotesBAM.nsf/86a8594cab2f9foec1257a86002bdbcd/9d97d760ce5ef843c125847a00297067?OpenDocument&TableRow=3.5#3>. (Zugriff am 13.09.2024).
- Ahmad, W., Bibi, N., Sanwal, M., Ahmed, R., Jamil, M., Kalsoom, R. *et al.* (2024). Cereal crops in the era of climate change: An overview in Environment, climate, plant and vegetation growth, Springer Nature Switzerland.
- Altenbach, S. B., Vensel, W. H. & Dupont, F. M. (2011). The spectrum of low molecular weight alpha-amylase/protease inhibitor genes expressed in the US bread wheat cultivar Butte 86. *BMC Research Notes*, 4, 242.
- Alves, T. O., D'Almeida, C. T. S., Scherf, K. A. & Ferreira, M. S. L. (2019). Modern approaches in the identification and quantification of immunogenic peptides in cereals by LC-MS/MS. *Frontiers in Plant Science*, 10, 1470.
- Andersson, A. A. M., Andersson, R., Piironen, V., Lampi, A.-M., Nyström, L., Boros, D. *et al.* (2013). Contents of dietary fibre components and their relation to associated bioactive components in whole grain wheat samples from the HEALTHGRAIN diversity screen. *Food Chemistry*, 136, 1243-1248.
- Andersson, A. A. M., Lampi, A.-M., Nyström, L., Piironen, V., Li, L., Ward, J. L. *et al.* (2008). Phytochemical and dietary fiber components in barley varieties in the HEALTHGRAIN diversity screen. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 56, 9767-9776.
- Andersson, R., Fransson, G., Tietjen, M. & Åman, P. (2009). Content and molecular-weight distribution of dietary fiber components in whole-grain rye flour and bread. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 57, 2004-2008.
- Azeez, M. A., Adubi, A. O. & Durodola, F. A. (2018). Landraces and crop genetic improvement in Rediscovery of landraces as a resource for the future, IntechOpen.
- Baik, B.-K. & Ullrich, S. E. (2008). Barley for food: Characteristics, improvement, and renewed interest. *Journal of Cereal Science*, 48, 233-242.
- Bajgain, P., Boakye, P. G., Kouglblenou, I., Murai, T., Annor, G. A. & Anderson, J. A. (2023). Genetic characterization of FODMAPs and ATIs in heritage and modern spring wheat. *Crop Science*, 63, 2818-2834.

- Bálint, A. F., Kovács, G. & Sutka, J. (2000). Origin and taxonomy of wheat in the light of recent research. *Acta Agronomica Hungarica*, 48, 301-313.
- Barber, D., Sanchez-Monge, R., Mendez, E., Lazaro, A., Garcia-Olmedo, F. & Salcedo, G. (1986). New  $\alpha$ -amylase and trypsin inhibitors among the CM-proteins of barley (*Hordeum vulgare*). *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Protein Structure and Molecular Enzymology*, 869, 115-118.
- Bieńkowska, T., Suchowilska, E. & Wiwart, M. (2020). *Triticum polonicum* L. as promising source material for breeding new wheat cultivars. *Journal of Elementology*, 25, 237-248.
- Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (2024). Anteilmäßige Verwendung von Weizen in Deutschland nach Verwendungsbereichen im Jahr 2023/2024, Statista <https://de.statista.com/statistik/daten/studie/1364637/umfrage/anteil-verwendung-weizen-bereich/> (Zugriff am 22.01.2025).
- Bundessortenamt (2024). Beschreibende Sortenliste - Getreide, Mais, Öl- und Faserpflanzen, Leguminosen, Rüben, Zwischenfrüchte. Bundessortenamt, Hannover.
- Cabanillas, B. (2020). Gluten-related disorders: Celiac disease, wheat allergy, and nonceliac gluten sensitivity. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 60, 2606-2621.
- Call, L., Kapeller, M., Grausgruber, H., Reiter, E., Schoenlechner, R. & D'Amico, S. (2020). Effects of species and breeding on wheat protein composition. *Journal of Cereal Science*, 93, 102974.
- Camacho-Villa, T. C., Maxted, N., Scholten, M. & Ford-Lloyd, B. (2005). Defining and identifying crop landraces. *Plant Genetic Resources*, 3, 373-384.
- Camerlengo, F., Frittelli, A., Sparks, C., Doherty, A., Martignago, D., Larré, C. *et al.* (2020). CRISPR-Cas9 multiplex editing of the  $\alpha$ -amylase/trypsin inhibitor genes to reduce allergen proteins in durum wheat. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 4, 104.
- D'Amico, S., Call, L., D'Amico, V., Schoenlechner, R. & Grausgruber, H. (2020). Are 'ancient wheats' and old landraces better digestible? 71. *Tagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs*, Online Conference.
- de Graaf, M. C. G., Lawton, C. L., Croden, F., Smolinska, A., Winkens, B., Hesselink, M. A. M. *et al.* (2024). The effect of expectancy versus actual gluten intake on gastrointestinal and extra-intestinal symptoms in non-coeliac gluten sensitivity: A randomised, double-blind, placebo-controlled, international, multicentre study. *The Lancet Gastroenterology & Hepatology*, 9, 110-123.
- Deleu, L. J., Lemmens, E., Redant, L. & Delcour, J. A. (2020). The major constituents of rye (*Secale cereale* L.) flour and their role in the production of rye bread, a food

- product to which a multitude of health aspects are ascribed. *Cereal Chemistry*, 97, 739-754.
- Deutsches Institut für Normung (1991). DIN 10355: 1991-12, Mahlerzeugnisse aus Getreide - Anforderungen, Typen und Prüfung.
- Di Loreto, A., Di Silvestro, R., Dinelli, G., Bregola, V., Stenico, V., Sferrazza, R. E. *et al.* (2017). Nutritional and nutraceutical aspects of KAMUT® khorasan wheat grown during the last two decades. *The Journal of Agricultural Science*, 155, 954-965.
- Dieterich, W., Esslinger, B. & Schuppan, D. (2003). Pathomechanisms in celiac disease. *International Archives of Allergy and Immunology*, 132, 98-108.
- Dieterich, W., Schuppan, D., Schink, M., Schwappacher, R., Wirtz, S., Agaimy, A. *et al.* (2019). Influence of low FODMAP and gluten-free diets on disease activity and intestinal microbiota in patients with non-celiac gluten sensitivity. *Clinical Nutrition*, 38, 697-707.
- Dupont, F. M. & Altenbach, S. B. (2003). Molecular and biochemical impacts of environmental factors on wheat grain development and protein synthesis. *Journal of Cereal Science*, 38, 133-146.
- El Hassouni, K., Sielaff, M., Curella, V., Neerukonda, M., Leiser, W., Wurschum, T. *et al.* (2021). Genetic architecture underlying the expression of eight alpha-amylase trypsin inhibitors. *Theoretical and Applied Genetics*, 134, 3427-3441.
- FAOSTAT (2023). Production of Wheat, Rye and Barley, <https://www.fao.org/faostat/en/#data> (Zugriff am 21.01.2025).
- Fasano, A., Sapone, A., Zavallos, V. & Schuppan, D. (2015). Nonceliac gluten sensitivity. *Gastroenterology*, 148, 1195-1204.
- Feuillet, C., Langridge, P. & Waugh, R. (2008). Cereal breeding takes a walk on the wild side. *Trends in Genetics*, 24, 24-32.
- Geisslitz, S., Longin, C. F. H., Koehler, P. & Scherf, K. A. (2020). Comparative quantitative LC-MS/MS analysis of 13 amylase/trypsin inhibitors in ancient and modern Triticum species. *Scientific Reports*, 10, 14570.
- Geisslitz, S., Longin, C. F. H., Scherf, K. A. & Koehler, P. (2019). Comparative study on gluten protein composition of ancient (einkorn, emmer and spelt) and modern wheat species (durum and common wheat). *Foods*, 8, 409.
- Geisslitz, S., Ludwig, C., Scherf, K. A. & Koehler, P. (2018a). Targeted LC-MS/MS reveals similar contents of alpha-amylase/trypsin-inhibitors as putative triggers of nonceliac gluten sensitivity in all wheat species except einkorn. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 66, 12395-12403.

- Geisslitz, S., Pronin, D., Neerukonda, M., Curella, V., Neufang, S., Koch, S. *et al.* (2023). Breeding from 1891 to 2010 did not increase the content of amylase/trypsin-inhibitors in wheat (*Triticum aestivum*). *npj Science of Food*, 7, 43.
- Geisslitz, S., Shewry, P., Brouns, F., America, A. H. P., Caio, G. P. I., Daly, M. *et al.* (2021). Wheat ATIs: Characteristics and role in human disease. *Frontiers in Nutrition*, 8, 667370.
- Geisslitz, S., Weegels, P., Shewry, P., Zevallos, V., Masci, S., Sorrells, M. *et al.* (2022). Wheat amylase/trypsin inhibitors (ATIs): Occurrence, function and health aspects. *European Journal of Nutrition*, 61, 2873-2880.
- Geisslitz, S., Wieser, H., Scherf, K. A. & Koehler, P. (2018b). Gluten protein composition and aggregation properties as predictors for bread volume of common wheat, spelt, durum wheat, emmer and einkorn. *Journal of Cereal Science*, 83, 204-212.
- Gélinas, P. & Gagnon, F. (2018). Inhibitory activity towards human  $\alpha$ -amylase in wheat flour and gluten. *International Journal of Food Science & Technology*, 53, 467-474.
- GenussErbe Bayern (2024). Freisinger Landweizen, <https://www.genusserbe.bayern.de/351279/index.php> (Zugriff am 27.01.2025).
- Gibson, P. R., Halmos, E. P. & Muir, J. G. (2020). Review article: FODMAPS, prebiotics and gut health-the FODMAP hypothesis revisited. *Alimentary Pharmacology & Therapeutics*, 52, 233-246.
- Goesaert, H., Brijs, K., Veraverbeke, W. S., Courtin, C. M., Gebruers, K. & Delcour, J. A. (2005). Wheat flour constituents: how they impact bread quality, and how to impact their functionality. *Trends in Food Science & Technology*, 16, 12-30.
- Hagenblad, J., Vanhala, T., Madhavan, S. & Leino, M. W. (2022). Protein content and HvNAM alleles in Nordic barley (*Hordeum vulgare*) during a century of breeding. *Hereditas*, 159, 12.
- Huang, X., Schuppan, D., Rojas Tovar, L. E., Zevallos, V. F., Loponen, J. & Ganzle, M. (2020). Sourdough fermentation degrades wheat alpha-amylase/trypsin inhibitor (ATI) and reduces pro-inflammatory activity. *Foods*, 9, 943.
- Huynh, B.-L., Palmer, L., Mather, D. E., Wallwork, H., Graham, R. D., Welch, R. M. *et al.* (2008). Genotypic variation in wheat grain fructan content revealed by a simplified HPLC method. *Journal of Cereal Science*, 48, 369-378.
- Iulek, J., Franco, O. L., Silva, M., Slivinski, C. T., Bloch, C., Rigden, D. J. *et al.* (2000). Purification, biochemical characterisation and partial primary structure of a new  $\alpha$ -amylase inhibitor from *Secale cereale* (rye). *The International Journal of Biochemistry & Cell Biology*, 32, 1195-1204.

- Jahn, N. (2020). Zusammenhang zwischen Aktivität und Gehalt von Amylase/Trypsin-Inhibitoren in verschiedenen Weizenarten. Masterarbeit, Karlsruher Institut für Technologie.
- Jahn, N., Geisslitz, S., Konradl, U., Fleissner, K. & Scherf, K. A. (2025a). Amylase/trypsin-inhibitor content and inhibitory activity of German common wheat landraces and modern varieties do not differ. *npj Science of Food*, 9, 24.
- Jahn, N., Konradl, U., Fleissner, K., Geisslitz, S. & Scherf, K. A. (2024). Protein composition and bread volume of German common wheat landraces grown under organic conditions. *Current Research in Food Science*, 9, 100871.
- Jahn, N., Konradl, U., Fleissner, K., Geisslitz, S. & Scherf, K. A. (2025b). Protein composition in ancient wheats is determined by ploidy level. *Journal of Cereal Science*, 123, 104185.
- Jahn, N., Longin, C. F. H., Scherf, K. A. & Geisslitz, S. (2023). No correlation between amylase/trypsin-inhibitor content and amylase inhibitory activity in hexaploid and tetraploid wheat species. *Current Research in Food Science*, 7, 100542.
- Junker, Y., Zeissig, S., Kim, S.-J., Barisani, D., Wieser, H., Leffler, D. A. *et al.* (2012). Wheat amylase trypsin inhibitors drive intestinal inflammation via activation of toll-like receptor 4. *Journal of Experimental Medicine*, 209, 2395-2408.
- Kalunke, R. M., Tundo, S., Sestili, F., Camerlengo, F., Lafiandra, D., Lupi, R. *et al.* (2020). Reduction of allergenic potential in bread wheat RNAi transgenic lines silenced for CM3, CM16 and o.28 ATI genes. *International Journal of Molecular Sciences*, 21, 5817.
- Kissing Kucek, L., Veenstra, L. D., Amnuaycheewa, P. & Sorrells, M. E. (2015). A grounded guide to gluten: How modern genotypes and processing impact wheat sensitivity. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 14, 285-302.
- Konvalina, P., Stehno, Z., Capouchová, I., Zechner, E., Berger, S., Grausgruber, H. *et al.* (2014). Differences in grain/straw ratio, protein content and yield in landraces and modern varieties of different wheat species under organic farming. *Euphytica*, 199, 31-40.
- Kušar, A. A.-O., Pravst, I. A.-O., Pivk Kupirovič, U., Grunert, K. A.-O. X., Kreft, I. & Hristov, H. A.-O. (2023). Consumers' preferences towards bread characteristics based on food-related lifestyles: Insights from Slovenia. *Foods*, 12, 3766.
- Laatikainen, R., Koskenpato, J., Hongisto, S. M., Lopenen, J., Poussa, T., Huang, X. *et al.* (2017). Pilot study: Comparison of sourdough wheat bread and yeast-fermented wheat bread in individuals with wheat sensitivity and irritable bowel syndrome. *Nutrients*, 9, 1215.

- Lexhaller, B., Colgrave, M. L. & Scherf, K. A. (2019). Characterization and relative quantitation of wheat, rye, and barley gluten protein types by liquid chromatography-tandem mass spectrometry. *Frontiers in Plant Science*, 10, 1530.
- Ludwig, C. & Aebersold, R. (2014). Getting absolute: Determining absolute protein quantities via selected reaction monitoring mass spectrometry in Quantitative Proteomics, The Royal Society of Chemistry.
- Lukinac, J. & Jukić, M. (2022). Barley in the production of cereal-based products. *Plants*, 11, 3519.
- MacLean, B., Tomazela, D. M., Shulman, N., Chambers, M., Finney, G. L., Frewen, B. *et al.* (2010). Skyline: an open source document editor for creating and analyzing targeted proteomics experiments. *Bioinformatics*, 26, 966-968.
- Madeira, F., Madhusoodanan, N., Lee, J., Eusebi, A., Niewielska, A., Tivey, A. R. N. *et al.* (2024). The EMBL-EBI Job Dispatcher sequence analysis tools framework in 2024. *Nucleic Acids Research*, 52, W521-W525.
- Mariotti, F., Tomé, D. & Mirand, P. P. (2008). Converting nitrogen into protein - Beyond 6.25 and Jones' factors. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 48, 177-184.
- Michalski, A., Damoc, E., Hauschild, J.-P., Lange, O., Wieghaus, A., Makarov, A. *et al.* (2011). Mass spectrometry-based proteomics using Q Exactive, a high-performance benchtop quadrupole Orbitrap mass spectrometer. *Molecular & Cellular Proteomics*, 10, 1-11.
- Muir, J. G., Rose, R., Rosella, O., Liels, K., Barrett, J. S., Shepherd, S. J. *et al.* (2009). Measurement of short-chain carbohydrates in common australian vegetables and fruits by high-performance liquid chromatography (HPLC). *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 57, 554-565.
- Muir, J. G., Shepherd, S. J., Rosella, O., Rose, R., Barrett, J. S. & Gibson, P. R. (2007). Fructan and free fructose content of common australian vegetables and fruit. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 55, 6619-6627.
- Müller, I., Schmid, B., Bosa, L. & Morlock, G. E. (2024). Screening of  $\alpha$ -amylase/trypsin inhibitor activity in wheat, spelt and einkorn by high-performance thin-layer chromatography. *Analytical Methods*, 16, 2997-3006.
- Németh, R. & Tömösközi, S. (2021). Rye: Current state and future trends in research and applications. *Acta Alimentaria*, 50, 620-640.
- Newton, A. C., Akar, T., Baresel, J. P., Bebeli, P. J., Bettencourt, E., Bladenopoulos, K. V. *et al.* (2010). Cereal landraces for sustainable agriculture. A review. *Agronomy for Sustainable Development*, 30, 237-269.

- Osborne, T. B. (1907). The proteins of the wheat kernel, Carnegie Institution of Washington.
- Ozuna, C. V. & Barro, F. (2018). Characterization of gluten proteins and celiac disease-related immunogenic epitopes in the *Triticeae*: Cereal domestication and breeding contributed to decrease the content of gliadins and gluten. *Molecular Breeding*, 38, 1-16.
- Poutanen, K. S., Kårlund, A. O., Gómez-Gallego, C., Johansson, D. P., Scheers, N. M., Marklinder, I. M. *et al.* (2022). Grains – a major source of sustainable protein for health. *Nutrition Reviews*, 80, 1648-1663.
- Prandi, B., Tedeschi, T., Folloni, S., Galaverna, G. & Sforza, S. (2017). Peptides from gluten digestion: A comparison between old and modern wheat varieties. *Food Research International*, 91, 92-102.
- Preiti, G., Calvi, A., Giuffrè, A. M., Badagliacca, G., Virzì, N. & Bacchi, M. (2022). A comparative assessment of agronomic and baking qualities of modern/old varieties and landraces of wheat grown in Calabria (Italy). *Foods*, 11, 2359.
- Pronin, D., Borner, A., Weber, H. & Scherf, K. A. (2020). Wheat (*Triticum aestivum* L.) breeding from 1891 to 2010 contributed to increasing yield and glutenin contents but decreasing protein and gliadin contents. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 68, 13247-13256.
- Rani, M., Singh, G., Siddiqi, R. A., Gill, B. S., Sogi, D. S. & Bhat, M. A. (2021). Comparative quality evaluation of physicochemical, technological, and protein profiling of wheat, rye, and barley cereals. *Frontiers in Nutrition*, 8, 694679.
- Reig-Otero, Y., Mañes, J. & Manyes, L. (2018). Amylase-trypsin inhibitors in wheat and other cereals as potential activators of the effects of nonceliac gluten sensitivity. *Journal of Medicinal Food*, 21, 207-214.
- Sander, I., Rozynek, P., Rihs, H.-P., van Kampen, V., Chew, F. T., Lee, W. S. *et al.* (2011). Multiple wheat flour allergens and cross-reactive carbohydrate determinants bind IgE in baker's asthma. *Allergy*, 66, 1208-1215.
- Sardella, C., Capo, L., Adamo, M., Donna, M., Ravetto Enri, S., Vanara, F. *et al.* (2023). The cultivation of rye in marginal Alpine environments: a comparison of the agronomic, technological, health and sanitary traits of local landraces and commercial cultivars. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1130543.
- Schalk, K., Lexhaller, B., Koehler, P. & Scherf, K. A. (2017). Isolation and characterization of gluten protein types from wheat, rye, barley and oats for use as reference materials. *PLOS ONE*, 12, e0172819.
- Scherf, K. A. (2019). Immunoreactive cereal proteins in wheat allergy, non-celiac gluten/wheat sensitivity (NCGS) and celiac disease. *Current Opinion in Food Science*, 25, 35-41.



- Scherf, K. A., Koehler, P. & Wieser, H. (2016). Gluten and wheat sensitivities - An overview. *Journal of Cereal Science*, 67, 2-11.
- Seidita, A., Mansueto, P., Giuliano, A., Chiavetta, M., Mandreucci, F., Soresi, M. *et al.* (2022). Potential tolerability of ancient grains in non-celiac wheat sensitivity patients: A preliminary evaluation. *Frontiers in Medicine*, 9, 995019.
- Shewry, P. R. (2018). Do ancient types of wheat have health benefits compared with modern bread wheat? *Journal of Cereal Science*, 79, 469-476.
- Shewry, P. R., Halford, N. G. & Lafiandra, D. (2003). Genetics of wheat gluten proteins in *Advances in Genetics*, Academic Press.
- Shewry, P. R., Hassall, K. L., Grausgruber, H., Andersson, A. A. M., Lampi, A. M., Piironen, V. *et al.* (2020). Do modern types of wheat have lower quality for human health? *Nutrition Bulletin*, 45, 362-373.
- Shewry, P. R. & Hey, S. (2015). Do “ancient” wheat species differ from modern bread wheat in their contents of bioactive components? *Journal of Cereal Science*, 65, 236-243.
- Simonetti, E., Bosi, S., Negri, L., Baffoni, L., Masoni, A., Marotti, I. *et al.* (2022a). Molecular phylogenetic analysis of amylase trypsin inhibitors (ATIs) from a selection of ancient and modern wheat. *Journal of Cereal Science*, 105, 103441.
- Simonetti, E., Bosi, S., Negri, L. & Dinelli, G. (2022b). Amylase trypsin inhibitors (ATIs) in a selection of ancient and modern wheat: Effect of genotype and growing environment on inhibitory activities. *Plants*, 11, 3268.
- Souci, S. W., Fachmann, W. & Kraut, H. (2016). Die Zusammensetzung der Lebensmittel, Wissenschaftliche Verlagsgesellschaft.
- Statistisches Bundesamt (2025). Anbaufläche von Roggen in Deutschland in den Jahren 2006 bis 2024, Statista  
<https://de.statista.com/statistik/daten/studie/262516/umfrage/anbauflaeche-von-roggen-in-deutschland/> (Zugriff am 20.01.2025).
- Tatham, A. S. & Shewry, P. R. (2008). Allergens to wheat and related cereals. *Clinical & Experimental Allergy*, 38, 1712-1726.
- Thanhaeuser, S. M., Wieser, H. & Koehler, P. (2014). Correlation of quality parameters with the baking performance of wheat flours. *Cereal Chemistry*, 91, 333-341.
- The International Wheat Genome Sequencing Consortium (2018). Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome. *Science*, 361, eaar7191.
- The UniProt Consortium (2016). UniProt: the universal protein knowledgebase. *Nucleic Acids Research*, 45, D158-D169.

- van Eckert, R., Berghofer, E., Ciclitira, P. J., Chirido, F., Denery-Papini, S., Ellis, H. J. *et al.* (2006). Towards a new gliadin reference material - Isolation and characterisation. *Journal of Cereal Science*, 43, 331-341.
- Vandermarliere, E., Mueller, M. & Martens, L. (2013). Getting intimate with trypsin, the leading protease in proteomics. *Mass Spectrometry Reviews*, 32, 453-465.
- Vergauwen, D. & De Smet, I. (2017). From early farmers to Norman Borlaug - the making of modern wheat. *Current Biology*, 27, R858-R862.
- Vollmer, E. & Musshoff, O. (2018). Average protein content and its variability in winter wheat: A forecast model based on weather parameters. *Earth Interactions*, 22, 1-24.
- Wang, W.-X., Hempel, C. & Roosen, J. (2024). A means-end chain approach to investigate consumer motives for the choice of bread made from heritage cereals. *Journal of Food Products Marketing*, 30, 31-47.
- Wieser, H., Antes, S. & Seilmeier, W. (1998). Quantitative determination of gluten protein types in wheat flour by reversed-phase high-performance liquid chromatography. *Cereal Chemistry*, 75, 644-650.
- Wieser, H., Koehler, P. & Konitzer, K. (2014). Celiac disease and gluten, Academic Press.
- Wieser, H., Koehler, P. & Scherf, K. A. (2020). The two faces of wheat. *Frontiers in Nutrition*, 7, 517313.
- Wieser, H., Koehler, P. & Scherf, K. A. (2022). Chemistry of wheat gluten proteins: Qualitative composition. *Cereal Chemistry*, 100, 23-35.
- Xhaferaj, M., Muskovics, G., Schall, E., Bugyi, Z., Tomoskozi, S. & Scherf, K. A. (2023a). Characterization of rye flours and their potential as reference material for gluten analysis. *Food Chemistry*, 408, 135148.
- Xhaferaj, M., Muskovics, G., Schall, E., Bugyi, Z., Tomoskozi, S. & Scherf, K. A. (2023b). Development of a barley reference material for gluten analysis. *Food Chemistry*, 424, 136414.
- Zencrci, N., Baloch, F. S., Habyarimana, E. & Chung, G. (2021). Wheat landraces, Springer.
- Zevallos, V. F., Raker, V., Tenzer, S., Jimenez-Calvente, C., Ashfaq-Khan, M., Rüssel, N. *et al.* (2017). Nutritional wheat amylase-trypsin inhibitors promote intestinal inflammation via activation of myeloid cells. *Gastroenterology*, 152, 1100-1113.

## 7 ANHANG

### 7.1 WEICHWEIZEN

Tabelle 16. Rohproteingehalte der Landsorten und modernen Sorten (\*) in den drei Erntejahren sowie als Mittelwert der drei Jahre, gemessen mittels der DUMAS-Methode. Die Werte sind in % angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>2021</b>	<b>2022</b>	<b>2023</b>	<b>Mittelwert</b>
ABK	7,9	9,8	8,1	8,6
ABL	8,9	11,5	9,8	10,1
ALT	8,7	11,7	9,4	9,9
BEV	7,6	12,2	7,8	9,2
SDL	9,7	13,6	9,9	11,1
RSL	8,3	9,9	7,7	8,6
NOR	8,0	11,9	8,2	9,4
NBR	7,2	10,8	8,3	8,8
UNL	8,3	11,5	8,0	9,3
WAR	6,7	10,3	7,5	8,2
WEF	7,5	11,8	7,4	8,9
EGH	11,8	12,4	11,2	11,8
FLW	12,1	13,1	11,7	12,3
WEI	13	11,0	9,9	11,3
Mittelwert Landsorten	9,0	11,5	8,9	9,8
RGT*	7,2	10,2	8,0	8,5
BOS*	7,0	12,1	7,4	8,9
ELX*	7,4	9,3	6,4	7,7
WEN*	8,2	13,1	8,8	10,0
KWS*	10,8	12,7	10,9	11,5
WIW*	-	12,4	9,3	10,9
Mittelwert moderne Sorten	8,1	11,6	8,5	9,6

## 7 ANHANG

Tabelle 17. Klimatische Daten des Ortes Ruhstorf an der Rott 2020-2023. Zusammengefasste Daten aus Agrarmeteorologie Bayern (2024).

	<b>Jahre</b>	<b>Oktober</b>	<b>November</b>	<b>Dezember</b>	<b>Januar</b>	<b>Februar</b>	<b>März</b>	<b>April</b>	<b>Mai</b>	<b>Juni</b>
Niederschlag [mm]	2020-									
	2021	54,3	22,4	36,2	68,1	30,6	21,4	26,2	112	90,6
	2021-									
	2022	11,7	48,3	82,2	33,2	26,8	12,4	43,5	77,4	103,2
	2022-									
	2023	57,6	80,9	72,7	13,6	67,7	33,8	86,8	63	32,5
Temperatur [°C]	2020-									
	2021	9,5	4,3	1,6	-0,8	2,4	4,7	7,5	11,8	20,2
	2021-									
	2022	8,6	3,8	1,8	1,5	4,5	6,2	8,6	16	19,8
	2022-									
	2023	12,2	5,6	1,2	2,8	2,6	6,4	8,0	14,8	19,3

Tabelle 18. Proteingehalte der Landsorten und modernen Sorten (\*) in den drei Erntejahren, gemessen mittels Umkehrphasen-Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (Summe aller Osborne-Fractionen). Die Werte sind in % angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>2021</b>	<b>2022</b>	<b>2023</b>	<b>Mittelwert</b>
ABK	7,8	10,4	8,3	8,8
ABL	9,2	12,7	10,3	10,7
ALT	9,0	13,1	9,9	10,7
BEV	7,8	13,8	8,2	9,9
SDL	10,0	15,9	10,6	12,2
RSL	8,5	11,4	8,3	9,4
NOR	8,0	13,6	8,6	10,1
NBR	7,4	12,0	8,7	9,4
UNL	8,9	12,7	8,3	10,0
WAR	7,3	11,7	8,1	9,0
WEF	8,3	12,6	7,9	9,6
EGH	13,2	13,2	13,0	13,1
FLW	13,7	14,2	12,4	13,4
WEI	13,7	11,8	10,4	12,0
Mittelwert Landsorten	9,5	12,8	9,5	10,6
RGT*	7,3	11,0	8,1	8,8
BOS*	7,3	13,5	7,3	9,4
ELX*	7,7	10,2	6,3	8,1
WEN*	8,6	14,7	9,0	10,8
KWS*	11,5	14,1	11,3	12,3
WIW*	-	12,0	10,0	11,0
Mittelwert moderne Sorten	8,5	12,6	8,7	9,9

Tabelle 19. Proteinzusammensetzung der Landsorten und modernen Sorten (\*) im Jahr 2021. Die Werte der Albumine und Globuline, Gliadine, Glutenine und Gluten sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>Albumine und Globuline</b>	<b>Gliadine</b>	<b>Glutenine</b>	<b>Gliadin/Glutenin- Verhältnis</b>	<b>Gluten</b>
ABK	18,4	60,0	21,6	2,8	81,6
ABL	22,0	62,4	15,7	4,0	78,1
ALT	20,9	62,2	17,0	3,7	79,2
BEV	22,6	54,3	23,1	2,4	77,4
SDL	14,5	62,2	23,3	2,7	85,5
RSL	19,0	57,1	23,9	2,4	81,0
NOR	20,3	59,6	20,1	3,0	79,7
NBR	21,6	57,4	21,0	2,7	78,4
UNL	19,1	64,4	16,5	3,9	80,9
WAR	22,1	59,8	18,1	3,3	77,9
WEF	18,7	54,7	26,6	2,1	81,3
EGH	18,3	57,5	24,2	2,4	81,7
FLW	16,1	73,6	10,3	7,1	83,9
WIE	15,7	64,5	19,8	3,3	84,3
Mittelwert Landsorten	19,2	60,7	20,1	3,3	80,8
RGT*	27,7	46,2	26,1	1,8	72,3
BOS*	26,5	50,1	23,4	2,1	73,5
ELX*	21,5	51,1	27,4	1,9	78,5
WEN*	21,7	52,4	25,9	2,0	78,3
KWS*	20,8	63,6	15,6	4,1	79,2
WIW*			-		
Mittelwert moderne Sorten	23,6	52,7	23,7	2,4	76,4

Tabelle 20. Proteinzusammensetzung der Landsorten und modernen Sorten (\*) im Jahr 2022. Die Werte der Albumine und Globuline, Gliadine, Glutenine und Gluten sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>Albumine und Globuline</b>	<b>Gliadine</b>	<b>Glutenine</b>	<b>Gliadin/Glutenin- Verhältnis</b>	<b>Gluten</b>
ABK	19,8	62,3	17,9	3,5	80,2
ABL	17,5	55,3	27,2	2,0	82,5
ALT	16,2	66,2	17,6	3,7	83,8
BEV	16,2	66,5	17,3	3,9	83,8
SDL	14,7	60,0	25,3	2,4	85,3
RSL	17,1	66,2	16,7	4,0	82,9
NOR	15,4	65,6	19,1	3,4	84,7
NBR	17,9	68,2	13,9	4,9	82,1
UNL	16,3	65,4	18,2	3,6	83,6
WAR	18,6	71,3	10,1	7,1	81,4
WEF	18,3	62,1	19,6	3,2	81,7
EGH	18,8	56,5	24,7	2,3	81,2
FLW	16,3	59,7	24,0	2,5	83,7
WIE	16,3	63,3	20,4	3,1	83,7
Mittelwert Landsorten	17,1	63,5	19,4	3,5	82,9
RGT*	21,2	51,1	27,7	1,8	78,8
BOS*	18,5	58,5	23,0	2,5	81,5
ELX*	19,3	54,9	25,8	2,1	80,7
WEN*	15,4	59,6	25,0	2,4	84,6
KWS*	18,1	56,6	25,2	2,2	81,8
WIW*	18,5	66,0	15,4	4,3	81,4
Mittelwert moderne Sorten	18,5	57,8	23,7	2,6	81,5

Tabelle 21. Proteinzusammensetzung der Landsorten und modernen Sorten (\*) im Jahr 2023. Die Werte der Albumine und Globuline, Gliadine, Glutenine und Gluten sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>Albumine und Globuline</b>	<b>Gliadine</b>	<b>Glutenine</b>	<b>Gliadin/Glutenin- Verhältnis</b>	<b>Gluten</b>
ABK	21,0	65,9	13,1	5,0	79,0
ABL	20,2	69,8	10,1	6,9	79,9
ALT	19,1	70,2	10,7	6,6	80,9
BEV	20,8	67,6	11,7	5,8	79,3
SDL	18,9	71,8	9,2	7,8	81,0
RSL	19,5	57,9	22,5	2,6	80,4
NOR	19,6	67,6	12,7	5,3	80,3
NBR	20,0	69,9	10,1	6,9	80,0
UNL	20,0	69,1	10,9	6,3	80,0
WAR	22,2	69,2	8,6	8,0	77,8
WEF	20,5	60,5	19,1	3,2	79,6
EGH	19,1	58,8	22,1	2,7	80,9
FLW	15,5	73,4	11,1	6,6	84,5
WIE	16,9	76,1	7,0	10,9	83,1
Mittelwert Landsorten	19,5	67,7	12,8	6,0	80,5
RGT*	23,9	56,9	19,3	3,0	76,2
BOS*	23,3	57,4	19,3	3,0	76,7
ELX*	20,8	61,3	17,9	3,4	79,2
WEN*	17,6	63,2	19,2	3,3	82,4
KWS*	17,8	69,9	12,4	5,6	82,3
WIW*	17,7	56,3	26,0	2,2	82,3
Mittelwert moderne Sorten	20,2	60,8	19,0	3,4	79,9



Tabelle 22. Proteinzusammensetzung der Landsorten und modernen Sorten (\*) gemittelt aus allen drei Jahren (2021-2023). Die Werte der Albumine und Globuline, Gliadine, Glutenine und Gluten sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>Albumine und Globuline</b>	<b>Gliadine</b>	<b>Glutenine</b>	<b>Gliadin/Glutenin- Verhältnis</b>	<b>Gluten</b>
ABK	19,7	62,7	17,5	3,8	80,2
ABL	19,9	62,5	17,7	4,3	80,2
ALT	18,7	66,2	15,1	4,7	81,3
BEV	19,9	62,8	17,4	4,0	80,2
SDL	16,0	64,7	19,3	4,3	84,0
RSL	18,5	60,4	21,0	3,0	81,4
NOR	18,4	64,3	17,3	3,9	81,6
NBR	19,8	65,2	15,0	4,8	80,2
UNL	18,5	66,3	15,2	4,6	81,5
WAR	21,0	66,8	12,3	6,1	79,1
WEF	19,2	59,1	21,8	2,8	80,9
EGH	18,7	57,6	23,7	2,5	81,3
FLW	16,0	68,9	15,1	5,4	84,0
WIE	16,3	68,0	15,7	5,8	83,7
Mittelwert Landsorten	18,6	64,0	17,4	4,3	81,4
RGT*	24,3	51,4	24,4	2,2	75,8
BOS*	22,8	55,3	21,9	2,5	77,2
ELX*	20,5	55,8	23,7	2,5	79,5
WEN*	18,2	58,4	23,4	2,6	81,8
KWS*	18,9	63,4	17,7	4,0	81,1
WIW*	18,1	61,2	20,7	3,3	81,9
Mittelwert moderne Sorten	20,5	57,6	22,0	2,8	79,6

Tabelle 23. Glutenproteinzusammensetzung der Landsorten und modernen Sorten (\*) im Jahr 2021. Die Werte sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. HMW-GS: Hochmolekulare Gluteninuntereinheiten; LMW-GS: Niedermolekulare Gluteninuntereinheiten.

Sorte	$\omega$ 5- Gliadine	$\omega$ 1,2- Gliadine	$\alpha$ - Gliadine	$\gamma$ - Gliadine	$\omega$ b- Gliadine	HMW- GS	LMW- GS
ABK	2,3	3,0	28,9	25,9	1,3	7,0	18,3
ABL	2,9	3,9	30,9	24,7	1,6	4,1	14,4
ALT	3,6	2,3	31,1	25,2	1,6	4,6	15,2
BEV	2,9	3,2	27,1	21,2	1,8	6,7	21,3
SDL	3,4	3,4	27,0	28,3	1,4	7,1	18,8
RSL	3,6	3,1	28,9	21,5	2,0	7,9	19,6
NOR	4,8	3,4	28,3	23,2	1,6	5,7	18,0
NBR	4,1	3,0	27,1	23,2	1,6	5,9	19,4
UNL	2,9	3,5	34,9	23,1	1,3	4,7	14,4
WAR	2,4	2,9	32,7	21,8	1,5	4,4	17,3
WEF	3,2	3,0	28,0	20,5	1,9	9,4	21,4
EGH	3,8	1,0	33,2	19,5	1,8	8,3	19,6
FLW	3,2	3,0	37,0	30,4	0,9	2,6	8,8
WIE	3,8	4,1	36,7	19,9	1,9	7,9	17,8
Mittelwert Landsorten	3,4	3,1	30,8	23,5	1,6	6,2	17,5
RGT*	3,2	2,4	23,1	17,7	2,0	8,1	25,9
BOS*	1,4	8,2	23,0	17,4	2,3	10,7	18,8
ELX*	2,5	3,3	28,7	16,6	1,8	8,3	24,8
WEN*	2,4	2,8	27,6	19,5	1,6	7,7	23,7
KWS*	3,8	3,6	31,9	24,3	1,4	4,3	14,0
WIW*				-			
Mittelwert moderne Sorten	2,7	4,1	26,9	19,1	1,8	7,8	21,4

Tabelle 24. Glutenproteinzusammensetzung der Landsorten und modernen Sorten (\*) im Jahr 2022. Die Werte sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. HMW-GS: Hochmolekulare Gluteninuntereinheiten; LMW-GS: Niedermolekulare Gluteninuntereinheiten.

Sorte	$\omega$ 5- Gliadine	$\omega$ 1,2- Gliadine	$\alpha$ - Gliadine	$\gamma$ - Gliadine	$\omega$ b- Gliadine	HMW- GS	LMW- GS
ABK	2,2	3,2	28,8	28,2	0,7	4,8	12,3
ABL	2,0	3,5	25,4	24,5	1,0	6,6	19,5
ALT	4,4	3,5	30,5	27,9	0,8	4,5	12,4
BEV	5,6	3,8	30,2	27,0	0,5	4,0	12,7
SDL	3,5	3,4	26,3	26,9	0,8	7,3	17,2
RSL	4,3	3,4	32,0	26,6	0,9	4,8	11,0
NOR	6,3	3,7	28,8	26,8	0,7	4,7	13,6
NBR	5,5	3,4	29,9	29,5	0,8	2,9	10,2
UNL	2,7	3,7	33,6	25,4	0,9	4,4	13,0
WAR	3,6	3,9	39,4	24,4	0,5	2,1	7,5
WEF	2,6	3,1	30,7	25,6	0,7	5,8	13,1
EGH	2,7	0,8	32,2	20,8	1,1	6,7	17,0
FLW	3,5	0,6	31,3	24,4	0,7	6,2	17,2
WIE	2,5	2,7	34,5	23,6	0,9	5,5	14,0
Mittelwert Landsorten	3,7	3,1	31,0	25,8	0,8	5,0	13,6
RGT*	3,6	2,4	25,7	19,5	1,0	7,1	19,6
BOS*	0,7	9,5	26,9	21,4	0,7	8,4	14,0
ELX*	2,5	2,9	30,0	19,5	1,0	6,1	18,6
WEN*	2,8	3,1	31,6	22,1	1,0	6,2	17,8
KWS*	2,3	2,7	28,9	22,8	1,0	6,7	17,5
WIW*	3,4	3,9	34,5	24,3	0,7	3,7	11,1
Mittelwert moderne Sorten	2,6	4,1	29,6	21,6	0,9	6,4	16,4

Tabelle 25. Glutenproteinzusammensetzung der Landsorten und modernen Sorten (\*) im Jahr 2023. Die Werte sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. HMW-GS: Hochmolekulare Gluteninuntereinheiten; LMW-GS: Niedermolekulare Gluteninuntereinheiten.

Sorte	$\omega$ 5- Gliadine	$\omega$ 1,2- Gliadine	$\alpha$ - Gliadine	$\gamma$ - Gliadine	$\omega$ b- Gliadine	HMW- GS	LMW- GS
ABK	2,3	3,2	31,7	28,6	0,5	2,5	10,2
ABL	3,7	4,5	34,0	27,5	0,4	1,8	7,9
ALT	4,6	3,6	34,8	27,2	0,4	1,9	8,4
BEV	4,1	3,4	32,2	27,9	0,4	2,1	9,3
SDL	4,4	3,9	31,4	32,1	0,4	1,5	7,3
RSL	2,9	2,8	28,3	23,9	0,5	4,9	17,2
NOR	5,2	3,5	31,6	27,2	0,3	2,0	10,4
NBR	5,5	3,8	33,1	27,4	0,3	1,7	8,3
UNL	2,9	3,5	37,5	25,2	0,3	1,9	8,7
WAR	3,6	3,7	39,9	21,9	0,4	1,4	6,8
WEF	3,2	3,0	30,6	23,7	0,9	3,8	14,4
EGH	3,8	1,1	34,0	19,9	1,5	6,3	14,3
FLW	6,8	2,0	38,8	25,7	0,7	2,5	7,9
WIE	6,0	4,7	43,1	22,3	0,3	1,4	5,4
Mittelwert Landsorten	4,2	3,3	34,4	25,8	0,5	2,6	9,8
RGT*	4,4	3,1	27,2	22,1	0,7	2,8	15,8
BOS*	1,3	9,6	26,9	19,7	0,7	4,9	13,7
ELX*	2,8	3,3	34,4	20,7	0,5	2,8	14,5
WEN*	3,1	3,3	32,5	24,4	0,5	2,8	15,9
KWS*	5,5	4,9	37,3	22,2	0,6	3,4	8,4
WIW*	2,9	3,6	28,9	20,9	2,9	3,6	28,9
Mittelwert moderne Sorten	3,3	4,6	31,2	21,7	1,0	3,4	16,2

Tabelle 26. Glutenproteinzusammensetzung der Landsorten und modernen Sorten (\*) gemittelt aus allen drei Jahren (2021-2023). Die Werte sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. HMW-GS: Hochmolekulare Gluteninuntereinheiten; LMW-GS: Niedermolekulare Gluteninuntereinheiten.

Sorte	$\omega$ 5- Gliadine	$\omega$ 1,2- Gliadine	$\alpha$ - Gliadine	$\gamma$ - Gliadine	$\omega$ b- Gliadine	HMW- GS	LMW- GS
ABK	2,2	3,1	29,8	27,6	0,8	4,8	13,6
ABL	2,9	3,9	30,1	25,6	1,0	4,2	13,9
ALT	4,2	3,1	32,1	26,8	0,9	3,7	12,0
BEV	4,2	3,4	29,8	25,4	0,9	4,3	14,4
SDL	3,8	3,6	28,2	29,1	0,9	5,3	14,4
RSL	3,6	3,1	29,7	24,0	1,1	5,9	15,9
NOR	5,4	3,5	29,6	25,7	0,9	4,1	14,0
NBR	5,1	3,4	30,0	26,7	0,9	3,5	12,6
UNL	2,8	3,6	35,3	24,6	0,8	3,7	12,0
WAR	3,2	3,5	37,3	22,7	0,8	2,7	10,5
WEF	3,0	3,0	29,8	23,3	1,2	6,3	16,3
EGH	3,4	1,0	33,1	20,1	1,5	7,1	17,0
FLW	4,5	1,9	35,7	26,9	0,8	3,8	11,3
WIE	4,1	3,9	38,1	21,9	1,0	4,9	12,4
Mittelwert Landsorten	3,7	3,1	32,0	25,0	1,0	4,6	13,6
RGT*	3,7	2,6	25,3	19,8	1,2	6,0	20,4
BOS*	1,1	9,1	25,6	19,5	1,2	8,0	15,5
ELX*	2,6	3,2	31,1	19,0	1,1	5,8	19,3
WEN*	2,8	3,1	30,6	22,0	1,0	5,6	19,1
KWS*	3,9	3,7	32,7	23,1	1,0	4,8	13,3
WIW*	3,1	3,8	31,7	22,6	1,8	3,7	20,0
Mittelwert moderne Sorten	2,9	4,3	29,5	21,0	1,2	5,7	17,9

Tabelle 27. Brotvolumina der Landsorten und modernen Sorten (\*) in den drei Erntejahren sowie als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind in mL angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>2021</b>	<b>2022</b>	<b>2023</b>	<b>Mittelwert</b>
ABK	570	685	555	603
ABL	580	725	660	655
ALT	595	675	630	633
BEV	595	655	570	607
SDL	595	745	705	682
RSL	595	700	620	638
NOR	595	685	660	647
NBR	590	630	590	603
UNL	590	740	560	630
WAR	545	500	630	558
WEF	550	650	620	607
EGH	665	740	720	708
FLW	480	725	635	613
WEI	600	655	565	607
Mittelwert Landsorten	582	679	623	628
RGT*	600	605	550	585
BOS*	680	610	575	622
ELX*	480	550	540	523
WEN*	570	720	595	628
KWS*	620	730	545	632
WIW*	-	725	680	703
Mittelwert moderne Sorten	590	657	581	615

Tabelle 28. Gehalte der Amylase/Trypsin-Inhibitoren der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind in mg/g angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>2021</b>	<b>2022</b>	<b>2023</b>	<b>Mittelwert</b>
ABK	6,6	8,5	5,5	6,8
ABL	7,5	8,5	6,8	7,6
ALT	6,8	7,7	5,7	6,7
BEV	6,4	8,3	6,0	6,9
SDL	6,6	9,1	6,3	7,3
RSL	5,7	7,6	5,7	6,4
NOR	5,8	7,8	5,6	6,4
NBR	5,7	8,1	5,4	6,4
UNL	5,9	7,3	5,4	6,2
WAR	5,9	7,7	6,3	6,6
WEF	5,6	9,0	5,6	6,7
EGH	7,4	10,3	7,6	8,4
FLW	7,0	9,5	6,6	7,7
WEI	5,8	7,4	5,1	6,1
Mittelwert Landsorten	6,3	8,3	6,0	6,9
RGT*	6,6	9,6	7,1	7,8
BOS*	5,9	9,0	5,7	6,9
ELX*	5,2	6,8	4,9	5,7
WEN*	5,5	8,8	6,4	6,9
KWS*	7,1	10,4	6,7	8,1
WIW*	-	8,7	6,1	7,4
Mittelwert moderne Sorten	6,1	8,9	6,2	7,1

Tabelle 29. Anteile der Amylase/Trypsin-Inhibitoren der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind in % am Rohproteingehalt angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>2021</b>	<b>2022</b>	<b>2023</b>	<b>Mittelwert</b>
ABK	8,3	8,6	6,8	7,9
ABL	8,4	7,3	6,9	7,6
ALT	7,8	6,6	6,1	6,8
BEV	8,4	6,8	7,6	7,6
SDL	6,8	6,7	6,4	6,6
RSL	6,9	7,7	7,4	7,4
NOR	7,3	6,5	6,8	6,9
NBR	7,9	7,5	6,5	7,3
UNL	7,0	6,3	6,8	6,7
WAR	8,7	7,5	8,4	8,2
WEF	7,5	7,6	7,6	7,6
EGH	6,3	8,3	6,8	7,1
FLW	5,8	7,2	5,6	6,2
WEI	4,5	6,8	5,2	5,5
Mittelwert Landsorten	7,3	7,3	6,8	7,1
RGT*	9,2	9,4	8,8	9,1
BOS*	8,5	7,4	7,7	7,9
ELX*	7,0	7,3	7,7	7,3
WEN*	6,8	6,8	7,2	6,9
KWS*	6,6	8,1	6,1	7,0
WIW*	-	7,0	6,6	6,8
Mittelwert moderne Sorten	7,6	7,7	7,4	7,5



Tabelle 30. Anteile der Amylase/Trypsin-Inhibitoren der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind in % am Gehalt der Albumine und Globuline angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>2021</b>	<b>2022</b>	<b>2023</b>	<b>Mittelwert</b>
ABK	46,0	41,0	31,5	39,5
ABL	37,2	37,9	32,6	35,9
ALT	36,2	36,4	30,1	34,2
BEV	36,0	37,0	34,9	36,0
SDL	45,5	38,7	31,6	38,6
RSL	35,4	39,3	35,1	36,6
NOR	36,1	37,2	33,4	35,5
NBR	35,7	37,8	31,1	34,9
UNL	34,3	35,0	32,5	33,9
WAR	36,5	35,5	35,0	35,6
WEF	36,4	38,8	34,9	36,7
EGH	30,7	41,8	30,5	34,3
FLW	31,8	41,0	33,9	35,6
WEI	27,2	38,4	29,3	31,6
Mittelwert Landsorten	36,1	38,3	32,6	35,6
RGT*	32,8	40,9	36,8	36,8
BOS*	30,7	35,9	34,1	33,6
ELX*	31,3	34,7	37,6	34,5
WEN*	29,8	39,0	40,3	36,4
KWS*	30,0	40,4	33,2	34,5
WIW*	-	38,9	34,5	36,7
Mittelwert moderne Sorten	30,9	38,3	36,1	35,4

Tabelle 31. Gehalt des 0.19 der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in  $\mu\text{g/g}$  (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
ABK	1872	28,6	2501	29,6	1545	28,2	1973	28,8
ABL	1955	26,0	2327	27,5	1732	25,5	2004	26,3
ALT	2118	31,2	2408	31,3	1820	31,9	2115	31,5
BEV	1956	30,7	2800	33,9	1863	31,2	2206	31,9
SDL	2175	33,0	2902	32,0	2010	31,7	2362	32,2
RSL	1790	31,2	2382	31,3	1616	28,2	1929	30,2
NOR	1809	31,1	2575	33,2	1672	29,8	2019	31,4
NBR	1701	29,9	2619	32,4	1677	31,2	1999	31,2
UNL	1774	30,2	2321	31,9	1462	26,9	1852	29,7
WAR	1567	26,7	2331	30,2	1706	27,0	1868	28,0
WEF	1761	31,3	2945	32,9	1623	28,8	2109	31,0
EGH	2449	33,0	3373	32,7	2595	34,2	2806	33,3
FLW	2410	34,4	2913	30,8	2291	35,0	2538	33,4
WEI	2281	39,1	2777	37,4	1968	38,5	2342	38,3
Mittelwert Landsorten	1973	31,2	2655	31,9	1827	30,6	2152	31,2
RGT*	1702	25,7	2902	30,3	1996	28,2	2200	28,1
BOS*	1755	29,6	2770	31,0	1602	27,9	2042	29,5
ELX*	1880	36,2	2528	37,1	1698	34,5	2035	35,9
WEN*	1702	30,8	3164	35,9	2095	32,9	2320	33,2
KWS*	2168	30,4	3329	32,2	2286	34,4	2594	32,3
WIW*	-	-	2798	32,3	1858	30,3	2328	31,3
Mittelwert moderne Sorten	1842	30,5	2915	33,1	1923	31,4	2253	31,7

Tabelle 32. Gehalt des CM<sub>3</sub> der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in µg/g (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
ABK	1032	15,8	1172	13,9	811	14,8	1005	14,8
ABL	1131	15,0	1158	13,7	921	13,6	1070	14,1
ALT	1004	14,8	1067	13,9	780	13,7	950	14,1
BEV	1005	15,8	1047	12,7	857	14,3	970	14,3
SDL	948	14,4	1174	12,9	936	14,8	1019	14,0
RSL	849	14,8	1025	13,5	813	14,2	896	14,1
NOR	892	15,3	1017	13,1	835	14,9	915	14,4
NBR	929	16,4	1118	13,8	797	14,8	948	15,0
UNL	890	15,1	906	12,5	810	14,9	869	14,2
WAR	944	16,1	1035	13,4	1020	16,2	1000	15,2
WEF	824	14,6	1329	14,8	812	14,4	988	14,6
EGH	1074	14,5	1447	14,0	1043	13,8	1188	14,1
FLW	945	13,5	1373	14,5	899	13,7	1072	13,9
WEI	675	11,6	851	11,5	504	9,8	676	11,0
Mittelwert Landsorten	939	14,8	1123	13,4	846	14,1	969	14,1
RGT*	1127	17,0	1396	14,6	1166	16,5	1230	16,0
BOS*	876	14,8	1247	13,9	864	15,0	996	14,6
ELX*	678	13,0	853	12,5	698	14,2	743	13,2
WEN*	758	13,7	1077	12,2	893	14,0	909	13,3
KWS*	1046	14,7	1485	14,4	925	13,9	1152	14,3
WIW*	-	-	1258	14,5	934	15,2	1096	14,9
Mittelwert moderne Sorten	897	14,6	1219	13,7	913	14,8	1021	14,4

Tabelle 33. Gehalt des CM17 der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in  $\mu\text{g/g}$  (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
ABK	619	9,5	986	11,7	544	9,9	716	10,3
ABL	785	10,4	1210	14,3	797	11,7	930	12,2
ALT	665	9,8	1024	13,3	571	10,0	753	11,0
BEV	594	9,3	966	11,7	589	9,9	716	10,3
SDL	643	9,8	1156	12,7	628	9,9	809	10,8
RSL	574	10,0	956	12,5	606	10,6	712	11,0
NOR	568	9,8	1004	12,9	610	10,9	727	11,2
NBR	571	10,1	1090	13,5	527	9,8	730	11,1
UNL	565	9,6	898	12,4	597	11,0	687	11,0
WAR	579	9,9	873	11,3	590	9,3	681	10,2
WEF	556	9,9	1067	11,9	572	10,2	732	10,6
EGH	765	10,3	1303	12,6	727	9,6	932	10,8
FLW	652	9,3	1230	13,0	582	8,9	821	10,4
WEI	461	7,9	827	11,1	414	8,1	567	9,0
Mittelwert Landsorten	614	9,7	1042	12,5	597	10,0	751	10,7
RGT*	706	10,6	1254	13,1	745	10,5	902	11,4
BOS*	536	9,1	1068	11,9	544	9,5	716	10,2
ELX*	470	9,0	760	11,2	422	8,6	551	9,6
WEN*	475	8,6	998	11,3	606	9,5	693	9,8
KWS*	758	10,6	1349	13,0	591	8,9	899	10,9
WIW*	-	-	1079	12,5	594	9,7	836	11,1
Mittelwert moderne Sorten	589	9,6	1085	12,2	584	9,5	766	10,5

## 7 ANHANG

Tabelle 34. Gehalt des CM16 der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in  $\mu\text{g/g}$  (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
ABK	688	10,5	778	9,2	586	10,7	684	10,1
ABL	946	12,6	897	10,6	839	12,4	894	11,9
ALT	785	11,6	741	9,6	628	11,0	718	10,7
BEV	595	9,3	726	8,8	666	11,2	663	9,8
SDL	659	10,0	859	9,5	695	11,0	738	10,1
RSL	519	9,1	662	8,7	570	9,9	584	9,2
NOR	581	10,0	661	8,5	607	10,8	617	9,8
NBR	570	10,0	690	8,5	551	10,3	604	9,6
UNL	636	10,8	628	8,6	554	10,2	606	9,9
WAR	562	9,6	663	8,6	591	9,4	605	9,2
WEF	519	9,2	926	10,3	521	9,2	655	9,6
EGH	705	9,5	823	8,0	688	9,1	739	8,9
FLW	702	10,0	887	9,4	662	10,1	750	9,8
WEI	526	9,0	617	8,3	441	8,6	528	8,6
Mittelwert Landsorten	642	10,1	754	9,1	614	10,3	670	9,8
RGT*	640	9,7	848	8,9	725	10,3	738	9,6
BOS*	601	10,2	823	9,2	588	10,2	671	9,9
ELX*	536	10,3	552	8,1	470	9,6	520	9,3
WEN*	553	10,0	665	7,5	605	9,5	608	9,0
KWS*	690	9,7	900	8,7	589	8,9	727	9,1
WIW*	-	-	773	8,9	614	10,0	694	9,5
Mittelwert moderne Sorten	604	10,0	760	8,6	599	9,7	651	9,4

Tabelle 35. Gehalt des 0.28 der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in  $\mu\text{g/g}$  (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
ABK	681	10,4	906	10,7	604	11,0	730	10,7
ABL	764	10,1	842	10,0	708	10,4	771	10,2
ALT	625	9,2	673	8,7	653	11,5	651	9,8
BEV	649	10,2	776	9,4	666	11,2	697	10,2
SDL	625	9,5	812	8,9	701	11,1	713	9,8
RSL	640	11,2	804	10,6	750	13,1	731	11,6
NOR	549	9,4	635	8,2	599	10,7	594	9,4
NBR	581	10,2	671	8,3	513	9,5	588	9,4
UNL	576	9,8	744	10,2	607	11,2	642	10,4
WAR	637	10,9	877	11,3	739	11,7	751	11,3
WEF	665	11,8	545	6,1	726	12,9	646	10,3
EGH	721	9,7	907	8,8	826	10,9	818	9,8
FLW	717	10,2	814	8,6	702	10,7	744	9,9
WEI	589	10,1	687	9,3	619	12,1	632	10,5
Mittelwert Landsorten	644	10,2	764	9,2	672	11,3	693	10,2
RGT*	532	8,0	687	7,2	507	7,2	575	7,5
BOS*	497	8,4	671	7,5	592	10,3	587	8,7
ELX*	430	8,3	529	7,8	426	8,7	462	8,2
WEN*	668	12,1	872	9,9	765	12,0	768	11,3
KWS*	671	9,4	842	8,1	652	9,8	722	9,1
WIW*	-	-	732	8,5	664	10,8	698	9,6
Mittelwert moderne Sorten	560	9,2	722	8,2	601	9,8	635	9,1

## 7 ANHANG

Tabelle 36. Gehalt des CM2 der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in  $\mu\text{g/g}$  (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
ABK	471	7,2	702	8,3	436	8,0	536	7,8
ABL	594	7,9	723	8,6	596	8,8	637	8,4
ALT	518	7,6	678	8,8	400	7,0	532	7,8
BEV	492	7,7	694	8,4	456	7,6	547	7,9
SDL	496	7,5	798	8,8	472	7,4	589	7,9
RSL	348	6,1	570	7,5	398	6,9	438	6,8
NOR	420	7,2	653	8,4	391	7,0	488	7,5
NBR	420	7,4	707	8,7	405	7,5	511	7,9
UNL	454	7,7	586	8,1	474	8,7	505	8,2
WAR	436	7,4	698	9,0	528	8,4	554	8,3
WEF	359	6,4	928	10,4	388	6,9	558	7,9
EGH	575	7,7	912	8,8	508	6,7	665	7,8
FLW	543	7,8	832	8,8	465	7,1	614	7,9
WEI	408	7,0	590	8,0	310	6,1	436	7,0
Mittelwert Landsorten	467	7,3	719	8,6	445	7,4	544	7,8
RGT*	580	8,7	863	9,0	617	8,7	687	8,8
BOS*	454	7,7	820	9,2	437	7,6	570	8,2
ELX*	354	6,8	545	8,0	336	6,8	412	7,2
WEN*	397	7,2	698	7,9	457	7,2	517	7,4
KWS*	540	7,6	897	8,7	460	6,9	632	7,7
WIW*	-	-	755	8,7	466	7,6	611	8,2
Mittelwert moderne Sorten	465	7,6	763	8,6	462	7,5	572	7,9

Tabelle 37. Gehalt des CM1 der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in  $\mu\text{g/g}$  (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
ABK	345	5,3	446	5,3	274	5,0	355	5,2
ABL	444	5,9	472	5,6	396	5,8	437	5,8
ALT	343	5,1	389	5,1	283	5,0	338	5,0
BEV	295	4,6	401	4,9	293	4,9	330	4,8
SDL	317	4,8	482	5,3	339	5,3	379	5,2
RSL	249	4,4	357	4,7	264	4,6	290	4,5
NOR	304	5,2	401	5,2	286	5,1	330	5,2
NBR	304	5,4	422	5,2	315	5,9	347	5,5
UNL	283	4,8	350	4,8	275	5,1	303	4,9
WAR	288	4,9	372	4,8	351	5,6	337	5,1
WEF	246	4,4	437	4,9	254	4,5	312	4,6
EGH	352	4,7	480	4,7	333	4,4	388	4,6
FLW	398	5,7	455	4,8	299	4,6	384	5,0
WEI	234	4,0	326	4,4	204	4,0	255	4,1
Mittelwert Landsorten	314	4,9	414	5,0	297	5,0	342	5,0
RGT*	399	6,0	477	5,0	412	5,8	429	5,6
BOS*	308	5,2	403	4,5	298	5,2	336	5,0
ELX*	288	5,5	350	5,1	296	6,0	311	5,6
WEN*	294	5,3	415	4,7	319	5,0	342	5,0
KWS*	396	5,6	552	5,3	308	4,6	419	5,2
WIW*	-	-	399	4,6	310	5,1	354	4,8
Mittelwert moderne Sorten	337	5,5	432	4,9	324	5,3	365	5,2



Tabelle 38. Gehalt des 0.53 der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in  $\mu\text{g/g}$  (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
ABK	312	4,8	441	5,2	273	5,0	342	5,0
ABL	364	4,8	322	3,8	304	4,5	330	4,4
ALT	316	4,7	315	4,1	211	3,7	281	4,2
BEV	265	4,2	432	5,2	201	3,4	300	4,3
SDL	251	3,8	455	5,0	189	3,0	298	3,9
RSL	295	5,2	399	5,2	277	4,8	324	5,1
NOR	341	5,9	450	5,8	293	5,2	362	5,6
NBR	239	4,2	389	4,8	277	5,1	302	4,7
UNL	256	4,4	357	4,9	202	3,7	272	4,3
WAR	349	5,9	377	4,9	253	4,0	326	4,9
WEF	261	4,6	413	4,6	272	4,8	316	4,7
EGH	354	4,8	484	4,7	326	4,3	388	4,6
FLW	360	5,1	441	4,7	280	4,3	360	4,7
WEI	401	6,9	368	5,0	387	7,6	385	6,5
Mittelwert Landsorten	312	4,9	403	4,9	268	4,5	328	4,8
RGT*	271	4,1	452	4,7	271	3,8	331	4,2
BOS*	316	5,3	482	5,4	235	4,1	344	4,9
ELX*	268	5,2	264	3,9	187	3,8	240	4,3
WEN*	347	6,3	485	5,5	211	3,3	348	5,0
KWS*	384	5,4	409	4,0	369	5,5	387	5,0
WIW*	-	-	365	4,2	237	3,9	301	4,0
Mittelwert moderne Sorten	317	5,3	409	4,6	252	4,1	325	4,6

## 7 ANHANG

Tabelle 39. Gehalt des CMX<sub>1/2/3</sub> der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in µg/g (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
ABK	228	3,5	223	2,6	182	3,3	211	3,2
ABL	230	3,1	220	2,6	195	2,9	215	2,9
ALT	162	2,4	149	1,9	133	2,3	148	2,2
BEV	226	3,5	161	2,0	144	2,4	177	2,6
SDL	145	2,2	167	1,8	121	1,9	144	2,0
RSL	216	3,8	253	3,3	241	4,2	237	3,8
NOR	191	3,3	200	2,6	170	3,0	187	3,0
NBR	173	3,1	206	2,6	172	3,2	184	2,9
UNL	244	4,2	227	3,1	220	4,1	230	3,8
WAR	228	3,9	221	2,9	243	3,8	231	3,5
WEF	201	3,6	187	2,1	265	4,7	218	3,5
EGH	243	3,3	291	2,8	273	3,6	269	3,2
FLW	129	1,8	232	2,5	164	2,5	175	2,3
WEI	131	2,3	180	2,4	110	2,1	140	2,3
Mittelwert Landsorten	196	3,1	208	2,5	188	3,2	198	2,9
RGT*	125	1,9	149	1,6	118	1,7	130	1,7
BOS*	196	3,3	233	2,6	196	3,4	208	3,1
ELX*	136	2,6	158	2,3	143	2,9	145	2,6
WEN*	126	2,3	166	1,9	155	2,4	149	2,2
KWS*	230	3,2	297	2,9	230	3,5	252	3,2
WIW*	-	-	250	2,9	229	3,7	240	3,3
Mittelwert moderne Sorten	162	2,7	209	2,4	178	2,9	188	2,7

## 7 ANHANG

Tabelle 40. Gehalt des Weizen-Chymotrypsin-Inhibitors (WCI) der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in µg/g (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
ABK	215	3,3	217	2,6	182	3,3	204	3,1
ABL	259	3,4	205	2,4	226	3,3	230	3,1
ALT	196	2,9	181	2,4	162	2,9	180	2,7
BEV	200	3,1	168	2,0	177	3,0	182	2,7
SDL	194	2,9	185	2,0	191	3,0	190	2,7
RSL	139	2,4	158	2,1	157	2,7	151	2,4
NOR	111	1,9	110	1,4	106	1,9	109	1,7
NBR	116	2,0	123	1,5	102	1,9	114	1,8
UNL	161	2,7	156	2,2	162	3,0	160	2,6
WAR	171	2,9	184	2,4	204	3,2	186	2,8
WEF	141	2,5	132	1,5	157	2,8	143	2,3
EGH	165	2,2	219	2,1	186	2,5	190	2,3
FLW	133	1,9	204	2,2	148	2,3	162	2,1
WEI	95	1,6	151	2,0	107	2,1	118	1,9
Mittelwert Landsorten	164	2,6	171	2,1	162	2,7	166	2,4
RGT*	251	3,8	260	2,7	250	3,5	254	3,3
BOS*	219	3,7	221	2,5	195	3,4	212	3,2
ELX*	136	2,6	180	2,6	150	3,0	155	2,8
WEN*	188	3,4	197	2,2	184	2,9	190	2,8
KWS*	178	2,5	224	2,2	180	2,7	194	2,5
WIW*	-	-	200	2,3	173	2,8	186	2,6
Mittelwert moderne Sorten	194	3,2	214	2,4	189	3,1	198	2,9

Tabelle 41. Gehalt des Weizen-Amylase-Subtilisin-Inhibitors (WASI) der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in µg/g (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
ABK	41	0,6	48	0,6	33	0,6	41	0,6
ABL	38	0,5	46	0,6	43	0,6	42	0,6
ALT	36	0,5	50	0,7	39	0,7	42	0,6
BEV	37	0,6	56	0,7	43	0,7	46	0,7
SDL	37	0,6	69	0,8	48	0,8	51	0,7
RSL	28	0,5	43	0,6	38	0,7	36	0,6
NOR	30	0,5	46	0,6	32	0,6	36	0,6
NBR	30	0,5	40	0,5	34	0,6	34	0,6
UNL	36	0,6	55	0,8	41	0,8	44	0,7
WAR	39	0,7	63	0,8	51	0,8	51	0,8
WEF	28	0,5	39	0,4	37	0,7	34	0,5
EGH	44	0,6	52	0,5	66	0,9	54	0,7
FLW	51	0,7	40	0,4	43	0,7	45	0,6
WEI	40	0,7	43	0,6	51	1,0	44	0,8
Mittelwert Landsorten	37	0,6	49	0,6	43	0,7	43	0,6
RGT*	34	0,5	46	0,5	47	0,7	42	0,6
BOS*	43	0,7	45	0,5	42	0,7	43	0,7
ELX*	47	0,9	51	0,8	52	1,1	50	0,9
WEN*	47	0,8	47	0,5	44	0,7	46	0,7
KWS*	41	0,6	47	0,5	57	0,9	48	0,6
WIW*	-	-	38	0,4	44	0,7	41	0,6
Mittelwert moderne Sorten	42	0,7	46	0,5	48	0,8	45	0,7

## 7 ANHANG

Tabelle 42. Gehalt des Weizen-Trypsin-Inhibitors (WTI) der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in µg/g (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
ABK	36	0,5	52	0,6	34	0,6	41	0,6
ABL	59	0,8	56	0,7	53	0,8	56	0,8
ALT	56	0,8	48	0,6	40	0,7	48	0,7
BEV	60	0,9	38	0,5	37	0,6	45	0,7
SDL	20	0,3	37	0,4	24	0,4	27	0,4
RSL	19	0,3	22	0,3	20	0,4	20	0,3
NOR	15	0,3	13	0,2	15	0,3	14	0,2
NBR	12	0,2	15	0,2	15	0,3	14	0,2
UNL	55	0,9	69	0,9	69	1,3	64	1,1
WAR	57	1,0	69	0,9	74	1,2	67	1,0
WEF	14	0,2	19	0,2	23	0,4	19	0,3
EGH	18	0,3	39	0,4	16	0,2	24	0,3
FLW	25	0,4	59	0,6	25	0,4	36	0,5
WEI	8	0,1	16	0,2	8	0,2	11	0,2
Mittelwert Landsorten	32	0,5	39	0,5	32	0,5	35	0,5
RGT*	350	5,3	448	4,7	404	5,7	401	5,2
BOS*	257	4,3	302	3,4	276	4,8	278	4,2
ELX*	61	1,2	88	1,3	81	1,7	77	1,4
WEN*	64	1,2	78	0,9	60	0,9	67	1,0
KWS*	15	0,2	32	0,3	13	0,2	20	0,2
WIW*	-	-	30	0,4	26	0,4	28	0,4
Mittelwert moderne Sorten	149	2,4	163	1,8	143	2,3	145	2,1

Tabelle 43. Inhibitorische Aktivitäten der Amylase/Trypsin-Inhibitoren der Landsorten und modernen Sorten (\*) der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind in AIU/g angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>2021</b>	<b>2022</b>	<b>2023</b>	<b>Mittelwert</b>
ABK	606	534	459	533
ABL	639	647	616	634
ALT	591	542	507	546
BEV	805	668	482	652
SDL	912	553	711	725
RSL	559	575	653	595
NOR	659	526	633	606
NBR	764	607	674	682
UNL	661	605	704	657
WAR	635	681	809	708
WEF	554	606	632	597
EGH	635	662	720	672
FLW	690	566	720	659
WEI	610	528	472	537
Mittelwert Landsorten	666	593	628	629
RGT*	666	647	708	674
BOS*	662	828	776	755
ELX*	469	463	482	471
WEN*	542	562	602	569
KWS*	766	668	778	737
WIW*	-	625	709	667
Mittelwert moderne Sorten	621	632	676	646

Tabelle 44. Stärkegehalte ausgewählter Landsorten und moderner Sorten (\*) aus dem Jahr 2022. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>Stärkegehalt [%]</b>
NOR	66,4
NBR	64,4
WEF	64,4
FLW	62,8
Mittelwert Landsorten	64,5
RGT*	65,9
BOS*	64,3
ELX*	66,4
WEN*	62,3
KWS*	63,8
Mittelwert moderne Sorten	64,5

Tabelle 45. Gehalte der fermentierbaren Oligo-, Di- und Monosaccharide und Polyole (FODMAPs). Fructose, Glucose, Lactose, Sorbitol, Mannitol und Stachyose waren nicht nachweisbar (Ausnahme Probe ABK in 2022: Fructose-Gehalt 0,01 %). Bei einer der Landsorten handelte es sich nicht um eine Weichweizensorte, sondern um eine tetraploide Weizenart (POW). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	Raffinose [%]		Fructane [%]		MW	FODMAPs (Summe Raffinose und Fructane) [%]		Anteil Fructane am FODMAP- Gehalt [%]	
						2022	2023	2022	2023
ABK	0,02	0,02	0,76	0,77	0,77	0,79	0,79	96,2	97,5
SDL	0,02	0,00	0,63	0,76	0,70	0,65	0,76	96,9	100,0
RSL	0,01	0,02	0,66	0,73	0,70	0,67	0,75	98,5	97,3
NOR	0,00	0,00	0,64	0,83	0,74	0,64	0,83	100,0	100,0
NBR	0,02	0,00	0,77	0,77	0,77	0,79	0,77	97,5	100,0
UNL	0,02	0,00	0,83	0,74	0,79	0,85	0,74	97,6	100,0
WEF	0,03	0,02	0,77	0,57	0,67	0,80	0,59	96,3	96,6
EGH	0,02	0,02	1,11	1,07	1,09	1,13	1,09	98,2	98,2
FLW	0,03	0,02	0,79	0,77	0,78	0,82	0,79	96,3	97,5
POW	0,02	0,03	1,15	1,15	1,15	1,17	1,18	98,3	97,5
Mittelwert Landsorten	0,02	0,02	0,81	0,82	0,82	0,83	0,83	97,6	98,5
RGT*	0,00	0,00	0,97	0,76	0,87	0,97	0,76	100,0	100,0
BOS*	0,00	0,00	0,53	0,64	0,59	0,53	0,64	100,0	100,0
WEN*	0,00	0,00	0,73	0,85	0,79	0,73	0,85	100,0	100,0
KWS*	0,00	0,00	0,65	0,81	0,73	0,65	0,81	100,0	100,0
WIW*	0,00	0,00	0,69	0,72	0,71	0,69	0,72	100,0	100,0
Mittelwert moderne Sorten	0,00	0,00	0,71	0,76	0,74	0,71	0,76	100,0	100,0



## 7.2 WEITERE WEIZENARTEN

Tabelle 46. Rohproteingehalte der weiteren Weizenarten in den drei Erntejahren sowie als Mittelwert der drei Jahre, gemessen mittels der DUMAS-Methode. Die Werte sind in % angegeben. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>2021</b>	<b>2022</b>	<b>2023</b>	<b>Mittelwert</b>
WW14	9,0	11,5	8,9	9,8
BZV	10,5	14,7	10,3	11,8
MGA	8,2	11,7	8,0	9,3
WEM1	14,0	12,9	10,2	12,4
WEM2	14,1	11,8	7,8	11,2
WDS	7,3	14,7	8,2	10,1
KSW	12,9	12,9	12,6	12,8
POW	-	11,1	14,0	12,6
WEK	13,5	11,8	-	12,7
ENK	-	10,9	9,8	10,3
TER	-	11,2	10,2	10,7

Tabelle 47. Proteingehalte der weiteren Weizenarten in den drei Erntejahren, gemessen mittels Umkehrphasen-Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (Summe aller Osborne-Fractionen). Die Werte sind in % angegeben. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>2021</b>	<b>2022</b>	<b>2023</b>
BZV	11,5	16,3	11,6
MGA	8,5	12,1	8,4
WEM1	14,7	13,2	10,6
WEM2	14,9	12,2	8,1
WDS	7,6	15,4	8,8
KSW	13,1	13,4	13,4
POW	-	11,7	14,7
WEK	14,3	12,2	-
ENK	-	11,3	9,9
TER	-	11,8	10,3

Tabelle 48. Proteinzusammensetzung der weiteren Weizenarten im Jahr 2021. Die Werte der Albumine und Globuline, Gliadine, Glutenine und Gluten sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fraktionen) angegeben. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>Albumine und Globuline</b>	<b>Gliadine</b>	<b>Glutenine</b>	<b>Gliadin/Glutenin- Verhältnis</b>	<b>Gluten</b>
WW14	19,2	60,7	20,1	3,3	80,8
BZV	15,6	66,2	18,2	3,6	84,4
MGA	19,5	56,9	23,6	2,4	80,5
WEM1	9,9	68,5	21,6	3,2	90,1
WEM2	15,9	73,8	10,3	7,1	84,1
WDS	20,6	61,7	17,7	3,5	79,4
KSW	19,1	60,0	21,0	2,9	81,0
POW	-	-	-	-	-
WEK	15,9	74,5	9,6	7,8	84,1
ENK	-	-	-	-	-
TER	-	-	-	-	-

Tabelle 49. Proteinzusammensetzung der weiteren Weizenarten im Jahr 2022. Die Werte der Albumine und Globuline, Gliadine, Glutenine und Gluten sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fraktionen) angegeben. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>Albumine und Globuline</b>	<b>Gliadine</b>	<b>Glutenine</b>	<b>Gliadin/Glutenin- Verhältnis</b>	<b>Gluten</b>
WW14	17,1	63,5	19,4	3,5	82,9
BZV	14,2	61,8	24,0	2,6	85,8
MGA	18,2	64,1	17,7	3,6	81,8
WEM1	20,7	71,5	7,8	9,1	79,3
WEM2	20,9	69,6	9,4	7,4	79,0
WDS	17,7	63,9	18,4	3,5	82,3
KSW	17,1	63,2	19,7	3,2	82,9
POW	17,1	78,9	4,0	19,6	82,9
WEK	20,5	67,2	12,2	5,5	79,4
ENK	16,6	75,0	8,4	8,9	83,4
TER	16,0	77,2	6,8	11,4	84,0

Tabelle 50. Proteinzusammensetzung der weiteren Weizenarten im Jahr 2023. Die Werte der Albumine und Globuline, Gliadine, Glutenine und Gluten sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>Albumine und Globuline</b>	<b>Gliadine</b>	<b>Glutenine</b>	<b>Gliadin/Glutenin- Verhältnis</b>	<b>Gluten</b>
WW14	19,5	67,7	12,8	6,0	80,5
BZV	16,2	69,9	13,9	5,0	83,8
MGA	20,5	59,5	19,9	3,0	79,4
WEM1	24,2	68,1	7,6	8,9	75,7
WEM2	23,6	67,8	8,6	7,9	76,4
WDS	19,6	72,3	8,1	9,0	80,4
KSW	17,5	73,1	9,4	7,8	82,5
POW	17,7	78,1	4,2	18,5	82,3
WEK	-	-	-	-	-
ENK	17,3	68,9	13,8	5,0	82,7
TER	17,5	73,7	8,8	8,4	82,5

Tabelle 51. Proteinzusammensetzung der weiteren Weizenarten gemittelt aus allen drei Jahren (2021-2023). Die Werte der Albumine und Globuline, Gliadine, Glutenine und Gluten sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>Albumine und Globuline</b>	<b>Gliadine</b>	<b>Glutenine</b>	<b>Gliadin/Glutenin- Verhältnis</b>	<b>Gluten</b>
WW14	18,6	64,0	17,4	3,7	81,4
BZV	15,3	66,0	18,7	3,7	84,7
MGA	19,4	60,2	20,4	3,0	80,6
WEM1	18,3	69,4	12,3	7,1	81,7
WEM2	20,1	70,4	9,4	7,5	79,8
WDS	19,3	66,0	14,7	5,3	80,7
KSW	17,9	65,4	16,7	4,6	82,1
POW	17,4	78,5	4,1	19,1	82,6
WEK	18,2	70,9	10,9	6,7	81,8
ENK	17,0	72,0	11,1	7,0	83,1
TER	16,8	75,5	7,8	9,9	83,3

Tabelle 52. Glutenproteinzusammensetzung der weiteren Weizenarten im Jahr 2021. Die Werte sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fraktion) angegeben. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. HMW-GS: Hochmolekulare Gluteninuntereinheiten; LMW-GS: Niedermolekulare Gluteninuntereinheiten.

Sorte	$\omega$ 5- Gliadine	$\omega$ 1,2- Gliadine	$\alpha$ - Gliadine	$\gamma$ - Gliadine	$\omega$ b- Gliadine	HMW- GS	LMW- GS
WW14	3,4	3,1	30,8	23,5	1,6	6,2	17,5
BZV	3,3	3,1	33,8	26,1	0,7	4,7	12,8
MGA	2,9	2,7	29,8	21,5	0,9	6,6	16,1
WEM1	12,3	2,9	36,5	16,9	2,5	3,2	16,0
WEM2	5,4	3,1	33,5	31,7	0,8	1,8	7,7
WDS	1,9	1,2	39,3	21,4	0,7	2,7	14,3
KSW	3,4	0,9	32,4	23,2	0,9	5,4	14,7
POW	-	-	-	-	-	-	-
WEK	11,4	2,9	38,8	21,4	0,6	1,7	7,3
ENK	-	-	-	-	-	-	-
TER	-	-	-	-	-	-	-

Tabelle 53. Glutenproteinzusammensetzung der weiteren Weizenarten im Jahr 2022. Die Werte sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fraktion) angegeben. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. HMW-GS: Hochmolekulare Gluteninuntereinheiten; LMW-GS: Niedermolekulare Gluteninuntereinheiten.

Sorte	$\omega$ 5- Gliadine	$\omega$ 1,2- Gliadine	$\alpha$ - Gliadine	$\gamma$ - Gliadine	$\omega$ b- Gliadine	HMW- GS	LMW- GS
WW14	3,7	3,1	31,0	25,8	0,8	5,0	13,6
BZV	3,7	3,1	31,3	23,6	0,8	5,9	17,3
MGA	2,7	3,3	31,8	26,3	0,7	5,2	11,7
WEM1	7,1	1,9	37,2	25,3	0,7	1,4	5,7
WEM2	2,7	2,0	33,5	31,6	0,5	1,5	5,3
WDS	2,4	1,1	38,4	22,1	0,6	3,7	14,1
KSW	3,5	1,1	34,0	24,6	0,8	4,9	14,0
POW	13,6	3,3	40,5	21,5	0,2	0,7	3,2
WEK	5,8	2,6	34,5	24,4	0,6	2,3	9,4
ENK	6,3	1,6	48,1	18,9	0,4	1,1	6,7
TER	8,0	1,8	43,6	23,8	0,4	1,3	5,1

Tabelle 54. Glutenproteinzusammensetzung der weiteren Weizenarten im Jahr 2023. Die Werte sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. HMW-GS: Hochmolekulare Gluteninuntereinheiten; LMW-GS: Niedermolekulare Gluteninuntereinheiten.

Sorte	$\omega$ 5- Gliadine	$\omega$ 1,2- Gliadine	$\alpha$ - Gliadine	$\gamma$ - Gliadine	$\omega$ b- Gliadine	HMW- GS	LMW- GS
WW14	4,2	3,3	34,4	25,8	0,5	2,6	9,8
BZV	3,6	3,6	34,2	28,5	0,3	2,6	11,0
MGA	2,1	3,0	29,7	24,7	0,4	4,2	15,3
WEM1	8,3	1,9	36,4	21,7	0,5	1,2	6,0
WEM2	3,7	3,4	34,4	26,3	0,4	1,5	6,7
WDS	4,5	3,4	43,6	20,8	0,3	1,0	6,7
KSW	5,9	2,4	40,9	24,0	0,4	1,5	7,5
POW	9,2	3,3	41,2	24,6	0,2	0,4	3,6
WEK	-	-	-	-	-	-	-
ENK	6,4	2,4	42,4	17,7	0,8	1,9	11,1
TER	8,7	2,6	39,7	22,7	0,7	1,6	6,4

Tabelle 55. Glutenproteinzusammensetzung der weiteren Weizenarten gemittelt aus allen drei Jahren (2021-2023). Die Werte sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. HMW-GS: Hochmolekulare Gluteninuntereinheiten; LMW-GS: Niedermolekulare Gluteninuntereinheiten.

Sorte	$\omega$ 5- Gliadine	$\omega$ 1,2- Gliadine	$\alpha$ - Gliadine	$\gamma$ - Gliadine	$\omega$ b- Gliadine	HMW- GS	LMW- GS
WW14	3,7	3,1	32,0	25,0	1,0	4,6	13,6
BZV	3,5	3,3	33,1	26,1	0,6	4,4	13,7
MGA	2,6	3,0	30,4	24,2	0,7	5,3	14,4
WEM1	9,2	2,2	36,7	21,3	1,2	1,9	9,2
WEM2	3,9	2,8	33,8	29,9	0,6	1,6	6,6
WDS	2,9	1,9	40,4	21,4	0,5	2,5	11,7
KSW	4,3	1,5	35,8	23,9	0,7	3,9	12,1
POW	11,4	3,3	40,9	23,1	0,2	0,6	3,4
WEK	8,6	2,8	36,7	22,9	0,6	2,0	8,4
ENK	6,4	2,0	45,3	18,3	3,4	1,8	24,6
TER	8,4	2,2	41,7	23,3	4,6	2,0	22,4

Tabelle 56. Gehalte der Amylase/Trypsin-Inhibitoren der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind in mg/g angegeben. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>2021</b>	<b>2022</b>	<b>2023</b>	<b>Mittelwert</b>
WW14	6,3	8,3	6,0	6,9
BZV	6,9	9,5	6,5	7,6
MGA	5,6	8,7	5,6	6,6
WEM1	0,8	7,6	4,8	4,4
WEM2	5,7	7,4	4,8	6,0
WDS	3,4	7,1	3,3	4,6
KSW	4,7	7,6	5,5	5,9
POW	-	0,9	5,9	3,4
WEK	0,6	6,5	-	3,6
ENK	-	0,6	1,1	0,9
TER	-	0,9	0,9	0,9

Tabelle 57. Anteile der Amylase/Trypsin-Inhibitoren der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind in % am Rohproteingehalt angegeben. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>2021</b>	<b>2022</b>	<b>2023</b>	<b>Mittelwert</b>
WW14	7,3	7,3	6,8	7,1
BZV	6,6	6,5	6,3	6,5
MGA	6,8	7,5	7,0	7,1
WEM1	0,6	5,9	4,7	3,7
WEM2	4,1	6,2	6,1	5,5
WDS	4,6	4,8	4,1	4,5
KSW	3,7	5,9	4,4	4,7
POW	-	0,8	4,2	2,5
WEK	0,4	5,5	-	3,0
ENK	-	0,5	1,1	0,8
TER	-	0,8	0,9	0,9

Tabelle 58. Anteile der Amylase/Trypsin-Inhibitoren der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind in % am Gehalt der Albumine und Globuline angegeben. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>2021</b>	<b>2022</b>	<b>2023</b>	<b>Mittelwert</b>
WW14	36,1	38,3	32,6	35,7
BZV	38,4	41,0	34,9	38,1
MGA	33,7	39,5	32,8	35,3
WEM1	5,8	27,8	18,7	17,4
WEM2	24,2	28,9	25,1	26,1
WDS	21,7	25,9	19,2	22,3
KSW	18,9	33,4	23,4	25,2
POW	-	4,3	22,6	13,5
WEK	2,5	25,9	-	14,2
ENK	-	3,1	6,5	4,8
TER	-	4,8	5,2	5,0

## 7 ANHANG

Tabelle 59. Gehalt des 0.19 der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in µg/g (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
WW14	1973	31,2	2655	31,9	1827	30,6	2152	31,2
BZV	2070	30,0	3426	36,1	2298	35,4	2598	33,8
MGA	1808	32,3	2727	31,3	1851	33,1	2129	32,2
WEM1	182	22,8	440	5,8	107	2,2	243	10,3
WEM2	249	4,4	397	5,4	156	3,3	267	4,3
WDS	75	2,2	880	12,4	72	2,2	342	5,6
KSW	431	9,2	1967	25,9	1243	22,6	1214	19,2
POW	-	-	285	31,7	307	5,2	296	18,4
WEK	91	15,2	1365	21,0	-	-	728	18,1
ENK	-	-	174	29,0	288	26,2	231	27,6
TER	-	-	271	30,1	210	23,3	241	26,7

Tabelle 60. Gehalt des CM3 der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in µg/g (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
WW14	939	14,8	1123	13,4	846	14,1	969	14,1
BZV	1069	15,5	1192	12,5	900	13,8	1054	14,0
MGA	910	16,3	1268	14,6	937	16,7	1038	15,9
WEM1	95	11,9	1738	22,9	1244	25,9	1026	20,2
WEM2	1491	26,2	1770	23,9	1291	26,9	1517	25,7
WDS	1006	29,6	1518	21,4	982	29,8	1169	26,9
KSW	1078	22,9	1324	17,4	1003	18,2	1135	19,5
POW	-	-	99	11,0	1307	22,2	703	16,6
WEK	42	7,0	1201	18,5	-	-	622	12,7
ENK	-	-	47	7,8	156	14,2	102	11,0
TER	-	-	99	11,0	140	15,6	120	13,3



## 7 ANHANG

Tabelle 61. Gehalt des CM17 der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in µg/g (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
WW14	614	9,7	1042	12,5	597	10,0	751	10,7
BZV	534	7,7	1176	12,4	651	10,0	787	10,0
MGA	594	10,6	1041	12,0	545	9,7	727	10,8
WEM1	69	8,6	140	1,8	32	0,7	80	3,7
WEM2	81	1,4	108	1,5	49	1,0	79	1,3
WDS	30	0,9	330	4,6	23	0,7	128	2,1
KSW	130	2,8	732	9,6	358	6,5	407	6,3
POW	-	-	62	6,9	67	1,1	65	4,0
WEK	41	6,8	546	8,4	-	-	294	7,6
ENK	-	-	29	4,8	144	13,1	87	9,0
TER	-	-	66	7,3	133	14,8	100	11,1

Tabelle 62. Gehalt des CM16 der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in µg/g (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
WW14	642	10,1	754	9,1	614	10,3	670	9,8
BZV	962	13,9	954	10,0	729	11,2	882	11,7
MGA	679	12,1	849	9,8	676	12,1	735	11,3
WEM1	103	12,9	1403	18,5	929	19,4	812	16,9
WEM2	1625	28,5	1499	20,3	1165	24,3	1430	24,3
WDS	973	28,6	1409	19,8	893	27,1	1092	25,2
KSW	1229	26,1	898	11,8	905	16,5	1011	18,1
POW	-	-	60	6,7	1543	26,2	802	16,4
WEK	47	7,8	787	12,1	-	-	417	10,0
ENK	-	-	30	5,0	124	11,3	77	8,1
TER	-	-	63	7,0	126	14,0	95	10,5

## 7 ANHANG

Tabelle 63. Gehalt des o.28 der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in  $\mu\text{g/g}$  (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
WW14	644	10,2	764	9,2	672	11,3	693	10,2
BZV	397	5,8	441	11,3	429	6,6	422	7,9
MGA	341	6,1	503	5,8	372	6,6	405	6,2
WEM1	49	6,1	898	11,8	625	13,0	524	10,3
WEM2	85	1,5	565	7,6	389	8,1	346	5,7
WDS	24	0,7	258	3,6	6	0,2	96	1,5
KSW	225	4,8	560	7,4	402	7,3	396	6,5
POW	-	-	69	7,7	347	5,9	208	6,8
WEK	22	3,7	565	8,7	-	-	294	6,2
ENK	-	-	35	5,8	91	8,3	63	7,1
TER	-	-	66	7,3	75	8,3	71	7,8

Tabelle 64. Gehalt des CM2 der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in  $\mu\text{g/g}$  (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
WW14	467	7,3	719	8,6	445	7,4	544	7,8
BZV	767	11,1	999	10,5	591	9,1	786	10,2
MGA	483	8,6	866	10,0	448	8,0	599	8,9
WEM1	80	10,0	1568	20,6	863	18,0	837	16,2
WEM2	1347	23,6	1796	24,3	1011	21,1	1385	23,0
WDS	668	19,6	901	12,7	733	22,2	767	18,2
KSW	792	16,9	951	12,5	693	12,6	812	14,0
POW	-	-	71	7,9	1377	23,3	724	15,6
WEK	45	7,5	901	13,9	-	-	473	10,7
ENK	-	-	34	5,7	85	7,7	60	6,7
TER	-	-	71	7,9	75	8,3	73	8,1

Tabelle 65. Gehalt des CM1 der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in µg/g (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
WW14	314	4,9	414	5,0	297	5,0	342	5,0
BZV	266	3,9	456	4,8	349	5,4	357	4,7
MGA	303	5,4	420	4,8	272	4,9	332	5,0
WEM1	31	3,9	67	0,9	10	0,2	36	1,7
WEM2	35	0,6	51	0,7	19	0,4	35	0,6
WDS	9	0,3	138	1,9	4	0,1	50	0,8
KSW	64	1,4	273	3,6	152	2,8	163	2,6
POW	-	-	34	3,8	26	0,4	30	2,1
WEK	15	2,5	218	3,4	-	-	117	2,9
ENK	-	-	17	2,8	55	5,0	36	3,9
TER	-	-	32	3,6	32	3,6	32	3,6

Tabelle 66. Gehalt des 0.53 der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in µg/g (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. Nachweisgrenze (LOD) und Bestimmungsgrenze (LOQ) sind in Tabelle 84 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
WW14	312	4,9	403	4,9	268	4,5	328	4,8
BZV	465	6,7	484	5,1	231	3,6	393	5,1
MGA	228	4,1	375	4,3	199	3,6	267	4,0
WEM1	78	9,8	859	11,3	637	13,3	525	11,4
WEM2	669	11,7	680	9,2	359	7,5	569	9,5
WDS	393	11,6	723	10,2	362	11,0	493	10,9
KSW	617	13,1	431	5,7	374	6,8	474	8,5
POW	-	-	<LOD	-	601	10,2	601	10,2
WEK	51	8,5	410	6,3	-	-	231	7,4
ENK	-	-	<LOD	-	<LOQ	-	-	-
TER	-	-	<LOQ	-	<LOQ	-	-	-

Tabelle 67. Gehalt des CMX<sub>1/2/3</sub> der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in µg/g (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
WW14	196	3,1	208	2,5	188	3,2	198	2,9
BZV	159	2,3	194	2,0	157	2,4	170	2,3
MGA	150	2,7	181	2,1	169	3,0	167	2,6
WEM1	93	11,6	214	2,8	168	3,5	158	6,0
WEM2	93	1,6	158	2,1	122	2,5	124	2,1
WDS	98	2,9	169	2,4	113	3,4	127	2,9
KSW	98	2,1	237	3,1	195	3,5	177	2,9
POW	-	-	171	19,0	198	3,4	185	11,2
WEK	141	23,5	186	2,9	-	-	164	13,2
ENK	-	-	124	20,7	106	9,6	115	15,2
TER	-	-	152	16,9	104	11,6	128	14,2

Tabelle 68. Gehalt des Weizen-Chymotrypsin-Inhibitors (WCI) der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in µg/g (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
WW14	164	2,6	171	2,1	162	2,7	166	2,4
BZV	106	1,5	152	1,6	138	2,1	132	1,8
MGA	112	2,0	128	1,5	116	2,1	119	1,8
WEM1	24	3,0	69	0,9	51	1,1	48	1,7
WEM2	24	0,4	67	0,9	51	1,1	47	0,8
WDS	18	0,5	84	1,2	50	1,5	51	1,1
KSW	36	0,8	135	1,8	86	1,6	86	1,4
POW	-	-	66	7,3	53	0,9	60	4,1
WEK	21	3,5	130	2,0	-	-	76	2,8
ENK	-	-	63	10,5	60	5,5	62	8,0

Tabelle 69. Gehalt des Weizen-Amylase-Subtilisin-Inhibitors (WASI) der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in µg/g (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
WW14	37	0,6	49	0,6	43	0,7	43	0,6
BZV	33	0,5	38	0,4	34	0,5	35	0,5
MGA	29	0,5	38	0,4	29	0,5	32	0,5
WEM1	30	3,8	44	0,6	37	0,8	37	1,7
WEM2	27	0,5	40	0,5	32	0,7	33	0,6
WDS	24	0,7	52	0,7	33	1,0	36	0,8
KSW	31	0,7	40	0,5	44	0,8	38	0,7
POW	-	-	16	1,8	53	0,9	35	1,3
WEK	16	2,7	33	0,5	-	-	25	1,6
ENK	-	-	14	2,3	27	2,5	21	2,4
TER	-	-	15	1,7	21	2,3	18	2,0

Tabelle 70. Gehalt des Weizen-Trypsin-Inhibitors (WTI) der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind angegeben in µg/g (A) und % des Gesamtgehalts an Amylase/Trypsin-Inhibitoren (B). Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden. Bestimmungsgrenze (LOQ) ist in Tabelle 84 zu finden.

Sorte	2021		2022		2023		Mittelwert	
	A	B	A	B	A	B	A	B
WW14	32	0,5	39	0,5	32	0,5	35	0,5
BZV	32	0,5	10	0,1	8	0,1	17	0,2
MGA	10	0,2	18	0,2	11	0,2	13	0,2
WEM1	8	1,0	121	1,6	91	1,9	73	1,5
WEM2	83	1,5	224	3,0	108	2,3	138	2,2
WDS	32	0,9	78	1,1	48	1,5	53	1,2
KSW	60	1,3	84	1,1	38	0,7	61	1,0
POW	-	-	8	0,9	<LOQ	-	8	0,9
WEK	7	1,2	151	2,3	-	-	79	1,7
ENK	-	-	10	1,7	14	1,3	12	1,5
TER	-	-	8	0,9	17	1,9	13	1,4

Tabelle 71. Inhibitorische Aktivitäten der Amylase/Trypsin-Inhibitoren der weiteren Weizenarten der drei Erntejahre und als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind in AIU/g angegeben. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>2021</b>	<b>2022</b>	<b>2023</b>	<b>Mittelwert</b>
WW14	666	593	628	629
BZV	591	852	623	688
MGA	626	579	626	610
WEM1	147	644	604	465
WEM2	633	739	716	696
WDS	385	432	386	401
KSW	562	485	508	518
POW	-	128	629	379
WEK	115	561	-	338
ENK	-	77	148	113
TER	-	153	163	158

Tabelle 72. Brotvolumina der weiteren Weizenarten in den drei Erntejahren sowie als Mittelwert der drei Jahre. Die Werte sind in mL angegeben. Die Brotvolumina konnten nicht von allen Proben bestimmt werden, da nicht von allen Sorten genug Probenmaterial zur Verfügung stand. Die Werte der 14 Weichweizenlandsorten wurden gemittelt und als Vergleich angegeben (WW14). Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>2021</b>	<b>2022</b>	<b>2023</b>	<b>Mittelwert</b>
WW14	582	679	623	628
BZV	585	620	640	615
MGA	595	660	510	588
WEM1	325	645	585	518
WEM2	400	400	365	388
WDS	400	-	460	430
KSW	505	-	555	530
POW	-	-	385	385
WEK	350	-	-	350
ENK	-	390	410	400
TER	-	385	305	345

## 7.3 ROGGEN

Tabelle 73. Proteinzusammensetzung der Roggenlandsorten und modernen Sorten (\*). Die Werte sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

<b>Sorte</b>	<b>Jahr</b>	<b>Albumine und Globuline</b>	<b>Prolamine</b>	<b>Gluteline</b>
CHR	2021	44,8	41,8	13,4
	2022	52,5	41,6	6,0
	2023	59,3	32,9	7,7
MAR	2021	46,6	42,6	10,8
	2022	53,7	40,0	6,4
	2023	61,9	30,8	7,3
KTA*	2021	58,2	32,4	9,5
	2022	59,7	33,5	6,8
	2023	-	-	-
KSE*	2021	57,3	33,0	9,8
	2022	-	-	-
	2023	-	-	-
SUB*	2021	-	-	-
	2022	-	-	-
	2023	61,6	29,5	8,8

Tabelle 74. Glutenproteinzusammensetzung der Roggenlandsorten und modernen Sorten (\*). Die Werte sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	Jahr	$\omega$ -Secaline	$\gamma$ -75k-Secaline	$\gamma$ -40k-Secaline	HMW-Secaline
CHR	2021	10,3	22,2	13,0	9,7
	2022	9,4	19,0	14,5	4,7
	2023	7,5	16,9	11,8	3,9
MAR	2021	9,6	21,0	11,3	11,4
	2022	9,8	17,8	14,4	4,3
	2023	6,5	17,3	9,2	3,7
KTA*	2021	8,6	14,1	8,3	10,9
	2022	8,3	15,8	11,3	4,9
	2023	-	-	-	-
KSE*	2021	7,5	17,4	9,6	8,1
	2022	-	-	-	-
	2023	-	-	-	-
SUB*	2021	-	-	-	-
	2022	-	-	-	-
	2023	6,3	16,8	10,3	2,9



## 7.4 GERSTE

Tabelle 75. Proteinzusammensetzung der Gerstenlandsorten und modernen Sorten (\*). Die Werte sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	Jahr	Albumine und Globuline	Prolamine	Gluteline
SPG	2021	23,9	57,3	18,9
	2022	20,1	57,8	22,1
	2023	20,9	60,0	19,2
STR	2021	27,8	54,0	18,2
	2022	23,5	55,1	21,5
	2023	23,2	56,9	19,9
RGP*	2021	33,4	40,3	26,3
	2022	29,0	38,6	32,4
	2023	26,3	44,7	28,9
ACC*	2021	33,3	35,7	31,1
	2022	25,6	35,2	39,2
	2023	23,8	43,7	32,5

Tabelle 76. Glutenproteinzusammensetzung der Gerstenlandsorten und modernen Sorten (\*). Die Werte sind in % am Gesamtproteingehalt (Summe aller Osborne-Fractionen) angegeben. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	Jahr	D-Hordeine	C-Hordeine	γ/B-Hordeine
SPG	2021	6,5	19,9	49,7
	2022	6,9	19,3	53,6
	2023	6,4	17,9	54,9
STR	2021	7,8	24,5	40,0
	2022	9,6	24,0	42,9
	2023	7,7	24,0	45,0
RGP*	2021	7,4	19,0	40,2
	2022	7,4	15,6	48,1
	2023	7,1	18,1	48,3
ACC*	2021	6,8	15,6	44,4
	2022	7,2	13,4	53,7
	2023	6,7	16,9	52,5

## 7.5 METHODEN

Tabelle 77. Parameter für die Quantifizierung von Amylase/Trypsin-Inhibitoren (ATIs). Vorläuferionen waren zweifach oder dreifach (+) geladen. Produktionen waren einfach oder zweifach (#) geladen. 12c entsteht durch Wasserverlust am N-terminalen Glutamin (Q).

P/IS	Vorläuferion (P)	Vorläuferion (IS)	Produktionen	Kollisionsenergie [eV]
1	778,4167	784,4305	b3/y6/y7/y10/y11/y12	27
2	587,8105	591,8176	y3/y5/y6/y7/y8/y9	24
3	785,9039	791,9177	y6/y7/y8/y10/y11/y12	27
	785,9039	790,9081	y6/y7/y8/y10/y11/y12	27
4	581,8161	586,8202	y6/y7/y8/y10/y11/y12	27
5	616,2761 <sup>+</sup>	619,6122 <sup>+</sup>	b8/y4/y5/y6/y7/y9	27
6	473,7456	477,7527	y7 <sup>#</sup> /y5/y6/y7	33
7	1352,1558	-	y6/y7/y9/y11/y12/y13	30
8	509,2642	513,2713	b3/y7 <sup>#</sup> /y8 <sup>#</sup> /y7/y8/y9	18
9	849,9643	854,9685	b3/b4/y8/y10/y11/y12	27
10	864,4227	870,4365	b3/y5/y6/y7/y11/y13	27
11	584,7562	589,7603	b2/y7 <sup>#</sup> /y5/y6/y7	18
12	931,4087	936,4129	y5/y6/y7/y8/y9/y11	27
12c	922,8955	927,8996	b3/b6/y5/y7/y8/y9	27
13	584,7562	589,7603	b2/b3/y8 <sup>#</sup> /y5/y6/y7	18
14	439,7640	444,7681	b3/y4/y5/y6/y7	22
15	591,7749	595,7820	y8 <sup>#</sup> /y9 <sup>#</sup> /y4/y6/y8/y9	20
16	481,2769	486,2810	b3/y3/y4/y5/y6/y7	22
17	560,7744	565,7785	b3/b4/y5/y6/y7/y8	20
18	993,5132	998,5174	y6/y9/y10/y11/y12/y14	27
19	611,2744	616,2786	b4/y4/y5/y6/y7/y8	18
20	559,2690	564,2731	b2/b3/b4/y6 <sup>#</sup> /y6/y8	20
21	503,7529	508,7571	b3/y6 <sup>#</sup> /y7 <sup>#</sup> /y4/y5/y6	20
22	538,2536 <sup>+</sup>	541,5897 <sup>+</sup>	b5/b8/y5/y6/y7/y8	27

## 7 ANHANG

Tabelle 78. Gehalte des o.28 (P/IS1 und P/IS2), CM3 (P/IS9 und P/IS10) und CM16 (P/IS11 und P/IS12) im Jahr 2021 jeweils mit beiden zur Verfügung stehenden Peptiden gemessen, angegeben in µg/g. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	P/IS											
	1		2		9		10		11		12	
	±		±		±		±		±		±	
ABK	681,03	4,91	627,07	74,39	1032,07	28,92	910,42	20,41	688,04	72,90	717,57	26,99
ABL	763,85	34,51	710,94	78,32	1130,76	27,16	978,47	42,85	946,38	34,27	935,05	17,62
ALT	625,30	16,44	592,94	81,11	1004,28	35,57	869,94	29,95	785,13	33,47	767,58	11,06
BEV	648,60	33,11	577,02	83,35	1005,13	34,35	842,87	41,11	594,92	60,08	632,78	17,85
SDL	625,35	20,80	591,18	82,45	947,54	48,80	849,63	29,82	659,33	28,84	742,53	19,55
RSL	639,97	30,14	647,75	57,84	848,59	23,75	682,38	17,02	518,86	21,69	589,78	14,75
NOR	549,47	16,45	500,24	50,48	892,24	56,10	756,99	12,36	580,76	59,23	593,78	6,84
NBR	581,42	59,88	512,98	21,25	929,10	17,52	817,01	46,00	570,38	72,49	609,30	12,92
UNL	576,38	25,11	589,55	36,82	889,74	38,52	766,22	14,42	636,02	23,99	607,21	12,30
WAR	636,82	40,85	681,91	46,16	943,60	16,90	781,19	29,60	562,07	11,23	603,30	10,61
WEF	665,20	23,84	643,57	105,08	823,57	17,61	731,16	28,39	518,91	59,30	581,80	9,13
WDS	24,36	1,16	47,14	2,26	1006,24	34,52	912,51	9,49	972,70	106,38	1014,01	20,03
BZV	397,09	21,37	400,04	61,31	1069,03	43,99	1021,04	18,42	961,83	84,91	976,88	11,09
MGA	341,41	5,64	355,22	34,46	910,07	38,27	788,26	8,77	679,12	31,03	599,24	11,37
WEM1	49,25	2,65	74,03	4,96	94,79	3,16	95,99	1,15	102,79	8,95	104,21	3,55
WEM2	84,70	4,26	99,55	11,90	1490,66	89,54	1280,08	119,46	1624,96	131,50	1555,42	30,14
WEK	22,00	0,80	60,69	4,70	42,09	2,81	49,27	1,12	46,80	4,58	80,79	1,62
KSW	224,86	4,32	201,50	1,84	1078,16	23,18	951,86	42,36	1229,05	54,96	1088,88	44,17
EGH	720,57	18,60	711,90	49,35	1073,72	49,26	939,89	27,86	704,85	99,76	677,71	12,61
FLW	717,14	33,59	635,29	56,99	944,94	36,18	837,41	82,02	702,09	40,68	651,81	20,88
WEI	589,27	16,97	570,03	65,23	674,60	22,32	553,06	29,79	525,65	37,07	518,54	5,38
RGT	532,02	58,47	506,28	50,97	1126,74	19,08	932,47	51,32	640,19	33,29	719,90	17,36
BOS	496,96	21,15	501,20	46,17	876,15	46,91	732,71	18,79	601,31	115,13	584,02	26,42
ELX	429,96	20,39	449,73	25,07	677,82	30,27	587,08	10,14	535,88	64,24	478,11	3,09
WEN	668,45	24,33	653,03	73,21	757,85	19,68	633,71	13,93	553,39	22,67	498,10	14,35
KWS	670,50	15,49	684,67	60,83	1045,87	49,49	898,50	24,76	690,44	23,49	720,74	14,43

## 7 ANHANG

Tabelle 79. Gehalte des Weizen-Amylase-Subtilisin-Inhibitors (P/IS14 und P/IS15), Weizen-Chymotrypsin-Inhibitor (P/IS17 und P/IS18) und Weizen-Trypsin-Inhibitors (P/IS19 und P/IS20) im Jahr 2021 jeweils mit beiden zur Verfügung stehenden Peptiden gemessen, angegeben in µg/g. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	P/IS											
	14		15		17		18		19		20	
		±		±		±		±		±		±
ABK	41,29	1,92	35,74	10,07	181,04	14,86	214,52	3,86	30,14	8,57	35,64	5,79
ABL	37,75	1,76	38,72	2,02	250,38	3,51	258,61	4,41	53,41	1,70	59,07	0,16
ALT	36,24	2,14	36,99	3,57	177,35	14,26	195,93	6,34	46,76	10,01	55,85	3,41
BEV	37,10	3,52	29,27	17,67	181,26	23,97	199,83	6,51	49,02	15,47	59,55	7,89
SDL	36,56	1,39	20,84	1,56	172,26	2,92	193,74	3,39	19,32	0,45	19,68	0,08
RSL	28,33	1,01	12,27	1,75	130,98	15,66	138,91	2,58	20,97	4,67	18,86	3,01
NOR	30,14	3,20	20,15	7,30	107,47	13,52	110,57	4,73	18,65	3,12	14,88	2,21
NBR	29,55	6,29	15,90	4,69	98,78	3,99	116,12	7,22	15,75	0,23	11,95	0,23
UNL	36,21	0,91	39,08	2,87	153,39	13,05	161,00	6,55	45,14	10,10	54,88	4,91
WAR	38,82	6,52	21,50	3,34	189,19	8,53	170,88	7,98	55,76	2,83	57,18	0,50
WEF	27,88	2,10	19,32	16,74	124,59	5,09	140,97	4,34	17,81	0,31	13,65	0,34
WDS	23,92	3,37	37,61	9,71	16,66	0,67	18,45	0,30	34,96	6,30	32,30	7,94
BZV	33,19	7,63	27,17	10,27	110,34	9,95	106,15	3,84	31,60	6,23	32,26	5,84
MGA	29,12	1,40	32,26	4,58	110,00	18,51	111,76	2,55	15,03	2,03	9,80	1,89
WEM1	29,94	4,64	23,18	12,23	24,69	2,65	23,61	0,80	13,76	1,27	8,33	1,20
WEM2	27,13	2,24	31,06	15,59	26,54	2,19	23,83	0,46	17,07	2,21	83,22	9,74
WEK	15,72	1,03	10,72	2,84	16,40	1,11	21,35	0,75	12,96	1,33	7,44	1,47
KSW	31,06	1,83	45,22	2,26	40,60	5,69	36,47	1,69	60,82	12,08	60,24	7,40
EGH	43,86	8,75	43,39	11,85	155,96	8,51	164,65	6,52	21,44	0,74	18,37	0,71
FLW	50,94	5,61	46,51	2,11	136,04	13,50	132,63	7,82	29,41	6,11	25,17	3,97
WEI	39,91	2,71	64,28	56,07	102,42	7,55	95,04	1,45	13,76	1,18	8,07	1,08
RGT	34,34	4,80	28,17	3,04	233,00	13,38	251,27	14,73	223,33	66,34	349,76	29,67
BOS	42,70	6,32	54,37	25,83	233,29	31,79	219,30	5,42	177,20	36,26	256,69	26,85
ELX	47,34	1,78	90,41	11,62	150,51	18,21	135,92	0,73	64,49	11,68	60,95	9,88
WEN	46,68	5,20	43,23	25,04	206,67	19,59	187,73	8,94	65,23	2,91	64,23	0,35
KWS	40,53	5,81	29,46	2,04	185,44	12,75	177,51	9,41	20,01	2,61	14,79	2,15

## 7 ANHANG

Tabelle 80. Gehalte des o.28 (P/IS1 und P/IS2), CM3 (P/IS9 und P/IS10) und CM16 (P/IS11 und P/IS12) im Jahr 2022 jeweils mit beiden zur Verfügung stehenden Peptiden gemessen, angegeben in µg/g. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	P/IS											
	1		2		9		10		11		12	
	±		±		±		±		±		±	
ABK	905,57	20,91	794,18	1,80	1171,89	50,20	1079,56	60,07	777,96	51,45	1035,99	35,00
ABL	841,81	55,12	863,80	16,65	1158,41	68,26	1076,19	24,65	897,36	30,09	1246,46	29,62
ALT	673,28	42,20	687,02	37,90	1067,15	75,16	994,86	11,42	741,17	15,47	995,72	35,49
BEV	775,79	59,01	776,64	70,85	1047,43	58,09	995,25	5,62	726,43	16,54	1034,80	78,24
SDL	811,86	13,94	882,15	132,18	1174,45	47,25	1025,78	59,53	858,94	18,66	1104,82	22,38
RSL	804,45	64,79	816,57	9,82	1025,20	51,50	965,66	79,38	661,61	41,66	914,22	11,75
NOR	634,62	7,89	686,45	17,54	1017,01	76,13	942,83	55,68	661,38	34,46	932,26	22,72
NBR	670,80	19,42	640,62	36,40	1118,04	101,41	1028,98	84,07	689,72	20,64	990,26	19,54
UNL	743,70	31,28	759,13	49,33	905,91	21,36	843,23	145,70	627,85	30,36	853,38	17,35
WAR	876,60	42,71	877,80	83,93	1034,91	63,54	890,28	70,60	662,61	15,86	890,76	23,44
WEF	545,35	16,42	526,04	32,00	1329,05	24,41	1170,13	52,38	925,96	59,10	1192,69	39,65
WDS	258,33	20,41	264,26	16,26	1518,12	109,47	1347,88	91,37	1408,71	24,24	1826,67	20,43
BZV	440,72	16,00	463,56	23,56	1191,56	13,55	1099,99	95,33	954,08	45,15	1331,64	25,41
MGA	502,86	15,73	490,51	23,76	1267,63	26,04	1124,79	57,64	848,59	11,33	1151,61	36,43
WEM1	897,53	44,33	811,64	32,17	1737,48	18,55	1521,38	50,51	1403,03	109,62	1758,69	100,93
WEM2	565,12	17,24	506,74	29,23	1769,79	33,10	1580,86	94,63	1498,99	84,36	2087,04	47,06
WEK	565,01	43,39	547,61	21,16	1201,29	54,56	1019,78	71,81	786,93	35,53	1078,05	44,85
KSW	560,18	27,56	565,50	25,38	1323,71	61,70	1135,20	27,14	897,52	42,57	1248,04	16,62
POW	68,73	3,34	68,85	1,85	99,28	4,89	104,60	4,65	59,54	1,53	138,01	4,52
EGH	907,16	101,22	901,32	33,47	1447,22	126,56	1215,52	57,54	822,98	15,92	1107,17	12,89
FLW	814,23	41,38	790,21	18,29	1373,25	14,36	1104,83	31,31	887,16	28,14	1120,01	37,31
WEI	686,83	33,65	715,35	31,33	850,80	25,86	754,64	61,63	616,69	35,97	816,75	17,95
RGT	686,90	13,86	678,98	28,27	1396,40	4,14	1146,32	25,60	848,34	24,53	1080,37	26,69
BOS	671,42	12,57	606,38	33,01	1247,39	38,28	1036,16	31,97	822,57	35,45	1064,89	29,41
ELX	528,98	40,78	550,32	10,75	852,73	25,78	748,11	11,01	552,44	39,59	754,93	15,42
WEN	871,87	42,24	841,09	52,39	1076,81	34,80	942,09	11,54	664,65	24,25	906,23	8,35
KWS	842,06	35,87	876,99	58,06	1485,00	50,90	1248,33	40,41	900,44	24,13	1222,90	10,45
ENK	35,30	0,22	43,86	2,02	47,43	0,61	61,22	2,99	30,08	2,19	92,31	3,81
TER	65,53	1,66	68,91	1,45	99,41	4,04	106,05	5,63	62,91	2,88	140,44	2,89
WIW	732,49	38,50	722,69	35,03	1257,78	30,37	1106,77	29,64	773,26	9,52	1021,30	28,71

## 7 ANHANG

Tabelle 81. Gehalte des Weizen-Amylase-Subtilisin-Inhibitors (P/IS14 und P/IS15), Weizen-Chymotrypsin-Inhibitor (P/IS17 und P/IS18) und Weizen-Trypsin-Inhibitors (P/IS19 und P/IS20) im Jahr 2022 jeweils mit beiden zur Verfügung stehenden Peptiden gemessen, angegeben in µg/g. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	P/IS											
	14		15		17		18		19		20	
		±		±		±		±		±		±
ABK	47,92	0,45	42,96	8,96	234,09	18,54	216,50	9,29	44,48	2,31	52,10	2,93
ABL	46,37	0,86	34,74	3,27	229,37	18,61	205,16	5,38	43,56	8,39	56,26	2,67
ALT	49,93	4,21	42,57	3,21	202,25	5,52	181,17	4,00	36,75	7,02	47,96	1,86
BEV	55,94	1,92	43,19	3,41	185,02	4,72	168,36	14,01	29,38	5,34	38,29	2,60
SDL	68,59	2,34	70,80	12,25	231,01	27,47	184,96	17,15	27,57	6,57	36,78	2,88
RSL	43,10	1,71	32,86	4,85	172,24	3,53	158,47	5,84	15,87	0,88	22,28	1,46
NOR	46,06	3,04	29,98	3,14	104,25	2,77	110,20	4,99	6,77	1,69	12,85	0,95
NBR	40,11	1,55	23,62	6,12	125,48	4,13	123,02	3,65	8,13	2,04	15,14	1,31
UNL	55,41	1,94	36,59	3,02	174,84	7,43	156,37	8,52	56,53	8,35	68,64	2,65
WAR	63,33	0,98	54,88	10,33	203,96	3,51	184,02	8,84	57,55	7,23	69,42	4,25
WEF	38,50	2,34	25,40	3,48	135,16	3,21	131,93	1,34	12,02	2,30	19,16	0,10
WDS	51,84	1,73	41,69	4,30	65,39	0,55	84,33	2,23	68,19	1,83	77,94	2,74
BZV	38,15	1,72	29,98	4,46	159,85	2,99	151,88	2,42	2,82	0,96	9,57	0,82
MGA	37,76	0,90	24,46	4,75	127,64	3,22	127,91	3,06	10,29	1,58	18,46	0,09
WEM1	43,50	5,25	26,77	4,75	30,58	2,39	68,53	1,14	114,92	1,14	121,09	4,58
WEM2	39,58	1,63	26,20	6,63	27,08	1,10	67,29	1,79	191,29	20,35	224,09	9,11
WEK	32,62	0,57	23,98	4,27	122,44	10,11	130,02	4,15	112,07	19,47	150,93	9,28
KSW	39,50	1,79	32,24	4,81	130,55	7,68	134,88	3,58	63,41	2,05	83,73	2,44
POW	16,11	1,29	5,48	1,06	20,86	1,38	66,11	0,83	1,98	1,35	8,13	0,85
EGH	51,52	2,53	49,47	6,88	241,73	11,03	219,07	10,52	28,86	4,11	38,53	1,12
FLW	39,84	2,65	33,37	4,68	213,30	8,47	203,88	10,13	45,58	4,63	59,27	2,04
WEI	42,56	1,29	39,76	7,25	157,07	3,01	151,39	2,38	8,37	1,30	15,73	0,68
RGT	45,61	2,84	44,89	5,91	288,12	17,23	260,07	11,61	323,80	41,37	448,21	6,51
BOS	45,38	2,22	56,54	15,71	234,94	5,58	220,54	8,86	223,32	13,66	301,98	7,07
ELX	50,89	2,28	47,07	12,72	180,89	2,04	179,82	4,05	67,29	1,00	87,96	2,45
WEN	46,93	1,43	39,83	10,65	200,91	3,53	197,39	11,53	66,50	9,44	78,24	1,06
KWS	47,11	2,43	46,85	4,19	240,44	13,51	223,88	6,41	21,41	0,64	31,73	1,18
ENK	13,50	0,93	5,55	3,09	11,69	0,47	63,44	1,09	4,61	0,74	9,61	0,28
TER	15,47	0,76	6,28	4,22	20,72	1,60	64,46	0,46	1,83	0,94	7,87	0,36
WIW	38,42	1,12	32,62	3,82	224,47	3,52	199,80	5,68	19,34	2,51	30,04	1,21

## 7 ANHANG

Tabelle 82. Gehalte des o.28 (P/IS1 und P/IS2), CM3 (P/S9 und P/IS10) und CM16 (P/IS11 und P/IS12) im Jahr 2023 jeweils mit beiden zur Verfügung stehenden Peptiden gemessen, angegeben in µg/g. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	P/IS											
	1		2		9		10		11		12	
	±		±		±		±		±		±	
ABK	603,72	8,52	634,41	21,98	810,67	20,44	967,34	10,96	586,38	20,72	674,15	17,72
ABL	707,66	49,99	739,37	92,02	921,39	44,75	1151,97	77,45	838,92	96,63	890,80	46,11
ALT	653,28	41,81	665,89	118,38	779,65	75,93	835,98	51,66	627,93	29,52	672,20	27,89
BEV	666,18	27,19	698,36	91,77	857,09	114,03	931,95	232,08	666,32	37,46	676,84	1,10
SDL	700,77	75,48	644,43	1,35	935,57	51,17	901,29	105,59	694,68	38,58	732,95	17,39
RSL	749,57	87,12	662,78	80,65	813,28	71,71	763,37	110,18	570,11	68,24	647,47	18,99
NOR	599,26	46,21	597,07	57,81	835,05	81,46	864,44	81,10	607,47	86,35	597,67	16,83
NBR	512,70	44,68	512,24	55,96	797,29	81,81	836,88	51,90	551,37	23,66	608,32	16,58
UNL	607,20	34,10	624,59	52,71	810,23	114,42	860,87	84,73	554,32	17,57	619,92	38,78
WAR	739,29	46,16	755,22	115,75	1020,10	17,66	1069,95	168,01	591,10	36,56	695,59	33,16
WEF	726,06	85,76	751,32	15,19	812,36	27,09	821,26	55,72	520,84	44,29	622,99	5,19
WDS	6,20	0,24	5,93	2,29	982,03	65,40	924,21	97,61	893,28	19,70	969,43	73,18
BZV	428,62	94,05	437,17	16,55	899,81	23,96	872,01	39,91	728,54	82,56	770,08	16,73
MGA	372,06	28,67	317,46	14,46	937,17	66,02	944,82	68,25	676,45	26,86	680,51	17,55
WEM1	624,66	48,20	638,57	75,52	1243,96	46,85	1086,97	50,40	928,84	38,75	969,20	78,70
WEM2	389,12	9,63	398,77	65,51	1290,50	221,63	1231,33	135,76	1164,59	129,22	1204,79	35,58
KSW	402,12	49,42	366,78	57,77	1002,67	127,87	1087,85	241,51	905,28	94,06	909,39	31,85
POW	347,06	24,57	284,00	30,61	1306,80	39,75	1386,37	17,96	1542,99	89,14	1502,33	41,35
EGH	826,37	71,88	681,09	106,15	1042,51	34,03	1077,87	95,95	687,88	37,51	672,78	2,09
FLW	701,98	136,27	660,66	92,70	898,99	54,35	823,84	65,01	661,62	89,15	596,22	22,27
WEI	619,14	82,86	537,85	1,84	503,83	18,70	570,47	28,75	441,15	30,66	485,25	13,40
RGT	506,81	11,50	583,68	92,31	1165,74	29,76	1269,20	125,77	725,35	99,21	724,57	33,39
BOS	591,89	92,27	486,90	39,46	863,74	86,14	896,20	59,47	588,20	40,96	616,24	44,13
ELX	426,40	63,85	385,89	12,73	698,10	25,44	686,17	117,04	470,34	39,30	489,59	12,36
WEN	764,83	96,63	768,12	13,30	892,81	21,90	872,79	79,46	605,26	27,36	520,23	20,47
KWS	652,24	11,28	668,23	60,55	925,06	69,62	951,65	145,64	589,41	48,66	599,53	32,68
ENK	90,82	8,18	101,25	17,21	155,60	20,29	125,53	10,66	124,38	5,15	143,58	4,34
TER	75,37	7,79	68,51	9,91	139,72	5,28	94,04	10,56	126,01	13,61	132,55	4,42
WTW	664,07	62,66	625,65	35,85	934,21	16,36	872,24	20,23	614,24	89,34	583,59	6,81

## 7 ANHANG

Tabelle 83. Gehalte des Weizen-Amylase-Subtilisin-Inhibitors (P/IS14 und P/IS15), Weizen-Chymotrypsin-Inhibitor (P/IS17 und P/IS18) und Weizen-Trypsin-Inhibitors (P/IS19 und P/IS20) im Jahr 2023 jeweils mit beiden zur Verfügung stehenden Peptiden gemessen, angegeben in µg/g. Die Abkürzungen der Sorten sind in Tabelle 11 zu finden.

Sorte	P/IS											
	14		15		17		18		19		20	
		±		±		±		±		±		±
ABK	33,31	3,53	29,11	6,86	188,98	27,85	182,40	9,37	26,98	12,17	34,33	4,99
ABL	43,15	3,71	62,66	44,57	263,96	33,21	226,31	7,31	47,95	6,36	53,44	1,69
ALT	38,52	0,34	27,29	11,31	167,72	24,55	162,46	6,72	28,55	10,92	40,26	4,27
BEV	43,49	6,17	61,23	21,89	172,05	8,05	176,73	9,65	24,24	0,14	37,37	1,95
SDL	48,22	6,03	103,65	118,93	189,81	11,43	190,51	3,84	13,73	0,72	23,74	2,02
RSL	37,52	3,85	21,75	9,21	172,32	28,20	156,53	6,17	16,42	5,17	20,03	2,97
NOR	32,25	5,80	23,06	10,51	102,92	15,07	105,58	9,91	9,94	4,08	14,56	2,61
NBR	33,60	1,33	15,01	8,40	100,66	10,99	102,42	4,86	11,20	3,26	15,28	1,75
UNL	41,23	5,50	42,18	11,51	172,12	27,44	161,63	10,63	51,76	14,10	68,68	10,92
WAR	51,10	2,32	39,40	4,84	216,79	19,37	204,35	2,57	57,64	18,84	73,66	11,95
WEF	36,51	4,27	27,23	10,75	180,96	26,27	157,35	3,14	18,06	5,26	22,84	3,11
WDS	32,67	3,07	30,51	6,36	7,12	0,21	49,99	0,14	31,63	10,86	47,86	10,67
BZV	33,95	1,22	45,00	29,22	122,77	0,93	138,17	2,54	4,59	0,61	8,11	0,50
MGA	28,84	3,28	16,07	12,91	104,69	1,88	116,21	4,36	5,60	0,44	11,49	0,22
WEM1	36,63	3,93	63,46	63,79	9,55	0,32	50,99	0,82	72,44	22,12	90,81	9,63
WEM2	31,55	1,53	11,50	8,32	13,50	0,99	51,37	0,74	67,15	0,88	107,58	3,36
KSW	43,61	0,95	105,91	34,84	64,97	3,18	85,90	1,30	26,12	2,17	38,32	2,35
POW	53,13	4,36	49,68	6,00	17,85	0,98	53,06	0,60	3,40	0,48	5,40	0,46
EGH	66,46	1,66	190,26	91,07	177,91	6,47	185,56	6,98	10,64	0,81	16,27	0,83
FLW	43,43	4,47	107,67	61,01	133,98	8,84	148,27	5,06	16,25	0,68	25,04	1,89
WEI	50,59	2,30	52,34	27,46	118,29	8,92	106,90	2,55	6,07	0,25	8,10	0,07
RGT	46,72	3,02	42,14	30,43	267,37	32,42	249,86	14,01	264,01	46,60	404,03	8,28
BOS	42,36	2,75	43,32	21,26	228,61	25,37	195,20	17,29	144,23	41,73	276,42	47,57
ELX	51,89	6,25	57,82	41,35	151,74	14,37	149,84	5,04	61,26	17,51	81,34	7,32
WEN	43,91	3,74	68,76	14,65	173,28	9,75	183,85	1,21	34,82	3,09	59,75	0,92
KWS	57,06	0,82	92,75	13,39	189,39	2,23	179,66	6,34	9,29	3,00	12,63	1,92
ENK	27,29	2,11	6,27	5,33	33,92	2,43	60,22	1,37	8,68	2,48	14,37	1,41
TER	20,83	0,64	5,71	7,47	24,93	1,87	54,59	1,02	11,72	4,30	17,14	3,04
WIW	44,22	5,33	45,50	8,57	171,55	18,41	172,59	2,54	18,69	5,48	26,47	3,14



Tabelle 84. Nachweis- (LOD) und Bestimmungsgrenze (LOQ) für die Quantifizierung von Amylase/Trypsin-Inhibitoren (ATIs) in µg/g. 12c entsteht durch Wasserverlust am N-terminalen Glutamin (Q).

Peptid (P)	ATI	Aminosäuresequenz	LOD	LOQ
P1	0.28	LQCVGSQVPEAVLR	0,61	2,02
P2	0.28	LTAASVPEVCK	6,35	21,16
P3	0.19 + 0.53	LQCNGSQVPEAVLR	13,29	44,30
P4	0.19 + 0.53	LTAASITAVCR	6,87	22,90
P5	0.53	EHGVSEGGAGTGAFPSR	13,94	46,47
P6	CM1	SDPNSSVLK	0,55	1,84
P7	CM2	EYVAQQTCGVGIVGSPVSTEPGNTPR	-	-
P8	CM2	TSDPNSGVLK	2,55	8,51
P9	CM3	YFIALPVPSQPVDPR	1,84	6,14
P10	CM3	SGNVGESGLIDLPGCPR	3,34	11,14
P11	CM16	DYVEQQACR	6,98	23,27
P12	CM16	QQCCGELANIPQQCR	3,52	11,73
P12c	CM16	QQCCGELANIPQQCR	3,45	11,50
P13	CM17	NYVEEQACR	1,97	6,58
P14	WASI	HVITGPVR	2,54	8,47
P15	WASI	YSGAEVHEYK	50,96	169,86
P16	CMX1/2/3	EFIAGIVGR	0,57	1,90
P17	WCI	ELAAISSNCR	6,28	20,92
P18	WCI	AFPPSQSQGGGPPQPPLAPR	1,56	5,19
P19	WTI	ELEAVSEECR	6,01	20,04
P20	WTI	LEGVPEGCTR	1,80	5,99
P21	CMX1/2/3	GSLLDMSR	1,67	5,56
P22	0.19	EHGAQEGQAGTGAFPR	16,53	55,11