

Thema für eine Masterarbeit

Identifikation und Charakterisierung von Standorten zur Erhebung phänotypischer Daten für die genomische Selektion in der Sommergerste

Ein Schwerpunkt der deutschen Braugerstenzüchtung ist in Bayern. Bayerische Gerstenzüchter wollen die Selektionseignung ihrer Versuchsstandorte optimieren, um die genomische Selektion in der Sommergerste effizienter anwenden zu können. Dabei spielt die Auswahl der richtigen Standorte für die Phänotypisierung des Zuchtmaterials eine ausschlaggebende Rolle.

Hierzu sollen Daten genutzt werden aus Wertprüfungen (WP) des Bundessortenamtes, den Landessortenversuchen (LSV) und Züchterstandorten in Bayern der Jahre 2002-2018. Die Daten umfassen Ertrags-, Krankheits- und Qualitätsmerkmale, sowie Angaben zur Düngung und zum Pflanzenschutz von über 200 Sorten. Für die Anbauorte sind die Standorteigenschaften und die Geokoordinaten vorhanden. Es sollen Serien von Genotypen über mehrere Jahre genutzt werden, um genetische Korrelationen zwischen WP-, LSV- und Züchtungsstandorten zu berechnen und auf Reproduzierbarkeit zu testen. Hierbei soll die genaue Beschreibung der Standortfaktoren helfen, Standortparameter zu identifizieren, die ein hohes Maß an Reproduzierbarkeit und Auswertbarkeit der Sortenversuche garantieren.

Ziel ist es, eine (möglichst geringe) Anzahl von Standorten bzw. bestimmte Standortcharakteristika zu identifizieren, die zuverlässige Daten für die genomische Selektion liefern können. Dieses Ergebnis der Masterarbeit soll von den beteiligten bayerischen Pflanzenzüchtern für eine Optimierung ihrer Selektionsstandorte genutzt werden können.

Das Thema soll im Rahmen einer Masterarbeit bearbeitet werden, die an der Universität Hohenheim am Institut für Biostatistik durch Dr. Friedrich Laidig und Prof. Dr. Hans-Peter Piepho betreut wird.

Anforderungen:

Gute Kenntnisse in der Pflanzenzüchtung, dem Pflanzenbau, im Feldversuchswesen, der Statistik (Lineare Modelle) und der Anwendung von Statistikpaketen.

Literatur

Isik F, Holland J, Maltecca C (2017) Genetic Data Analysis for Plant and Animal Breeding. Springer, Berlin.

Laidig F, Piepho HP, Rentel D, Drobek T, Meyer U (2017). Breeding progress, genotypic and environmental variation and correlation of quality traits in malting barley in German official variety trials between 1983 and 2015. *Theor Appl Genet*. DOI 10.1007/s00122-017-2967-4.

Piepho, H.P., Möhring, J. (2011): On estimation of genotypic correlations and their standard errors by multivariate REML using the MIXED procedure of the SAS System. *Crop Science* **51**, 2449-2454.