

M.Sc. Thesis – Fg. Biostatistik

Betrachtung von Sortenversuchsserien deutschlandweit und regional – was bedeutet das für die Heritabilität?

Unabhängig der Kulturpflanzenart gilt: Sowohl neu zugelassene Sorten als auch Sorten, die sich noch im Züchtungsprozess befinden, müssen in *Sortenversuchen* bewertet werden, um beispielsweise Empfehlungen aussprechen zu können. Dabei werden mehrere Sorten an einem Versuchsstandort angebaut, um sie z.B. hinsichtlich ihrer Leistung oder Qualität zu bewerten und miteinander zu vergleichen. In der Regel finden solche Versuche als *Versuchsserie* an mehreren Standorten statt. Die Standorte stellen dabei eine Zufallsstichprobe aus der Grundgesamtheit des Zielgebietes (z.B. Deutschland) dar. Neben einer deutschlandweiten Bewertung der Sorten kann auch eine regionalere Einstufung der Sorten angestrebt werden, z.B. pro *Anbaugbiet* (Abb. 1).

Die Heritabilität ("Vererbbarkeit", Symbol: H^2) ist ein häufig verwendetes Maß in Sortenversuchen und vor allem in der Pflanzenzüchtung. Mit ihr soll eingeschätzt werden, wie wichtig die genetischen, also vererblichen Faktoren im Vergleich zu den Umwelteinflüssen auf den Phänotypen einer Pflanze sind. Der Phänotyp (Erscheinungsbild) meint die tatsächlich messbaren Ausprägungen (z.B. Ertrag) einer Pflanze, welche sowohl von ihrem Genotyp als auch von den Umwelteinflüssen (z.B. Klima) abhängen. Die Heritabilität ist ursprünglich definiert als $H^2 = \sigma_g^2 / \sigma_p^2$, also als Anteil der genetischen Varianz an der phänotypischen Varianz. Wenn ein Merkmal (z.B. Pflanzenlänge) eine hohe Heritabilität hat, kann der Unterschied zwischen zwei Sorten vor allem genetisch erklärt werden und ist eher weniger beeinflusst durch die Umwelteinflüsse der Standorte.

Die Formeln zur Schätzung von σ_g^2 und σ_p^2 wurden ursprünglich unter der Annahme definiert, dass das Versuchsdesign *varianzbalanciert* ist. Das bedeutet, dass jeder Sortenmittelwert mit der gleichen Präzision geschätzt werden kann. Diese Annahme wird in heutigen, modernen Sortenversuchen immer seltener eingehalten. Gründe dafür sind z.B., dass verschiedene Sorten an verschiedenen Standorten mit unterschiedlichen Versuchsdesigns geprüft werden. Infolgedessen wurden mehrere alternative Methoden zur H^2 -Schätzung vorgeschlagen (z.B. Piepho & Möhring, 2007).

Wenn man eine Sortenbewertung pro Anbaugbiet durchführt, ist es von Vorteil, dabei Informationen aus den benachbarten Anbaugebieten einfließen zu lassen. Dies führt dazu, dass die Sortenmittelwerte keine einfache Varianzstruktur haben. Somit ist auch hier unklar, wie die Heritabilität für ein Anbaugbiet berechnet bzw. gar definiert werden soll.

Im Rahmen der M.Sc. Thesis stehen zweijährige Datensätze von Sortenversuchen mit Mais an >20 Standorten in Deutschland zur Verfügung. Aufgabe der Thesis wird sein, einen Auswertungsansatz für die Daten zu entwickeln und mit gemischten Modellen in R oder SAS umzusetzen. Anforderung ist die Bereitschaft sich mit den statistischen Methoden und der Umsetzung in der Software auseinanderzusetzen. Wünschenswert ist die erfolgreiche Modul-Teilnahme von „Biometrie (3402-210)“ oder „Quantitative Methods in Biosciences (3402-420)“.

Bei Interesse bitte Paul Schmidt (paul.schmidt@uni-hohenheim.de) oder Prof. Dr. Piepho kontaktieren.

Graf, R., Michel, V., Roßberg, D., & Neukampf, R. (2009). Definition pflanzenartspezifischer Anbaugebiete für ein regionalisiertes Versuchswesen im Pflanzenbau. *Journal für Kulturpflanzen*, 61(7), 247-253.

Kleinknecht, K., Möhring, J., Singh, K. P., Zaidi, P. H., Atlin, G. N., & Piepho, H. P. (2013). Comparison of the performance of best linear unbiased estimation and best linear unbiased prediction of genotype effects from zoned Indian maize data. *Crop Science*, 53(4), 1384-1391.

Piepho, H. P., & Möhring, J. (2005). Best linear unbiased prediction of cultivar effects for subdivided target regions. *Crop Science*, 45(3), 1151-1159.

Piepho, H. P., & Möhring, J. (2007). Computing heritability and selection response from unbalanced plant breeding trials. *Genetics*, 177(3), 1881-1888.

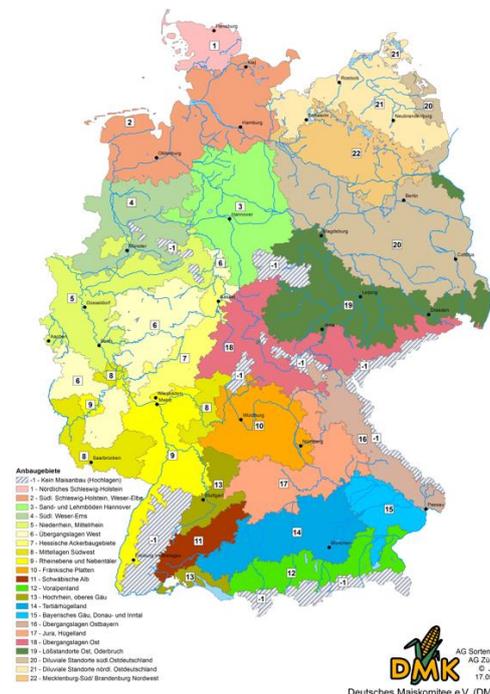


Abb. 1: Anbaugebiete Mais