

# Aktueller Forschungsstand zur Zuchtwertschätzung in der Pflanzenzüchtung

A.M. BAUER und J. LÉON

## Einleitung

Das Ziel von Züchtung ist es, Individuen „genetisch so zu verändern, dass sie besser an die Bedürfnisse des Menschen angepasst sind“ (BECKER 1993). Dabei werden diejenigen Individuen aus einer Population ausgewählt, deren Nachkommen in ihren Leistungen dem Zuchtziel näher sind als die Elterngeneration (ESSL 1996). Zuchtziele in der Pflanzenzüchtung können zum Beispiel die Steigerung des Ertrages, die Verbesserung der Qualität oder die Erhöhung der Krankheitsresistenz sein.

Um diese Zuchtziele zu erreichen, beurteilt der Pflanzenzüchter vielversprechende Genotypen in mehrortigen und -jährigen Feldversuchen überwiegend anhand ihrer phänotypischen Leistungen. Insbesondere, wenn unbalancierte Datensätze vorhanden sind, das heißt, dass zum Beispiel nicht alle zu prüfenden Nachkommen auch an allen Standorten angebaut worden sind und bei Merkmalen mit niedriger Heritabilität und daraus resultierendem hohem Umwelteinfluss basiert eine phänotypische Selektion auf einer eingeschränkten Aussage über den Genotyp und damit den Zuchtwert eines Individuums oder eines Stammes. In diesem Fall ist es schwierig, Leistungen, die unter verschiedenen Umweltbedingungen (z.B. auf verschiedenen Standorten) und zu unterschiedlichen Zeiten erbracht worden sind, zu vergleichen (BERNARDO 2002).

Eine richtige Selektionsentscheidung kann also nur dann getroffen werden, wenn der Genotyp möglichst gut bekannt ist. Eine Methode, mit der man die genetische Disposition eines Individuums beurteilen kann und die in der Tierzüchtung standardmäßig eingesetzt wird, ist die Zuchtwertschätzung. Die Zuchtwertschätzung ist dadurch charakterisiert, dass sie den Wert eines Individuums, den es für die Zucht besitzt, anhand von

Phänotypdaten des jeweiligen Individuums selbst und unter Einbeziehung der Leistungen von Verwandten schätzt. Außerdem werden unterschiedliche Umweltverhältnisse berücksichtigt. Um eine hohe Schätzgenauigkeit zu erzielen, ist es üblich, Zuchtwerte mit BLUP-Eigenschaften zu schätzen, wobei BLUP für „Best Linear Unbiased Prediction“ steht. So soll die genetische Veranlagung eines Individuums möglichst genau erkannt und infolgedessen die Effizienz der Selektion erhöht werden (COMBERG 1980).

In verschiedenen Forschungsarbeiten konnte mittlerweile gezeigt werden, dass die Zuchtwertschätzung auch in der Pflanzenzüchtung zu einer Steigerung des Selektionserfolges führen kann. In diesem Beitrag soll ein Überblick über relevante Studien in der Pflanzenzüchtung gegeben werden. Dabei wurden nur Studien ausgewählt, bei denen die Durchführung der Zuchtwertschätzung mit Hilfe von Stammbauminformationen im Vordergrund stand.

Im Folgenden sollen zuerst vegetative Kulturarten vorgestellt werden, da hier die Bedingungen für die Zuchtwertschätzung am ähnlichsten zu der Situation in der Tierzüchtung sind, so dass das statistische Modell mit wenigen Änderungen übernommen werden kann. Anschließend soll auf generativ vermehrte Kulturarten, nämlich Fremd- und Selbstbefruchter eingegangen werden. Insbesondere bei Selbstbefruchtern müssen der hohe Inzuchtgrad und die starken Änderungen in der Bedeutung der Dominanzvarianz in frühen Kreuzungsgenerationen im statistischen Modell der Zuchtwertschätzung berücksichtigt werden.

Tabelle 1 gibt einen Literaturüberblick zum Einsatz der Zuchtwertschätzung in der Pflanzenzüchtung, wobei der Schwerpunkt auf Studien gelegt wurde, in denen Stammbauminformationen berücksichtigt wurden.

## Vegetativ vermehrte Fruchtarten

ARAÚJO et al. (1996) untersuchten geklonte Eltern und deren Nachkommen von Eukalyptus (*Eucalyptus globulus*). Das Klonen der Eltern führte zu einer Verbesserung der geschätzten Zuchtwerte, da mehrere Klone eines Elters als Wiederholungen betrachtet werden können. COSTA E SILVA et al. (2004) beschäftigten sich ebenfalls mit Eukalyptus und berechneten Zuchtwerte für Vollgeschwisterfamilien. Uni- und multivariate statistische Modelle wurden in der Zuchtwertschätzung von Norwegischen Rottannen [*Picea abies* (L.) KARST.] verwendet, um anhand von Leistungsdaten von Kreuzungsnachkommen Zuchtwerte für die Eltern zu schätzen (COSTA E SILVA et al. 2000). Die Abstammungsinformationen wurden hier genutzt, um die Daten von verschiedenen Kreuzungsdesigns miteinander zu verbinden. DA COSTA et al. (2002) setzten ebenfalls uni- und multivariate Modelle in Halbgeschwisterfamilien vom Kautschukbaum [*Hevea brasiliensis* (Willd. ex A.D.R. de Juss.) Muell.-Arg.] ein. Dabei wurde jedes einzelne Experiment mit Hilfe eines univariaten Modells ausgewertet. Im multivariaten Modell wurde dasselbe Merkmal an verschiedenen Standorten als unterschiedliche Merkmale definiert. Einen geostatistischen Ansatz wählten DAVIK und HONNE (2005) in der Zuchtwertschätzung von Vollgeschwister-Familien bei Erdbeere (*Fragaria x ananassa* Duch.). Bei Hybriden zwischen apomiktischen und autotetraploiden Individuen von Guinea Gras (*Panicum maximum*) konnten RESENDE et al. (2004) zeigen, dass durch die Selektion anhand von Zuchtwerten vorteilhafte Eltern und Kreuzungskombinationen erkannt werden konnten. In der Selektion von vorteilhaften Eltern anhand von Nachkommendaten bei Pfirsich [*Prunus persica* (L.) Batsch (Peach Group)] fanden DE SOUZA et al. (2000)

**Autoren:** Dr. Andrea M. BAUER und Prof. Dr. Jens LÉON, Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz, Professur für Pflanzenzüchtung, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Katzenburgweg 5, D-53115 BONN, a.bauer@uni-bonn.de

**Tabelle 1: Literaturüberblick zum Einsatz der Zuchtwertschätzung in der Pflanzenzüchtung (FB = Fremdbefruchter, SB = Selbstbefruchter)**

Quelle	Fruchtart	Vermehrung	Population
ARAÚJO et al. (1996)	Eukalyptus ( <i>Eucalyptus globulus</i> )	Vegetativ	150 geklonte Eltern und Kreuzungsnachkommen
DUREL et al. (1998)	Apfel ( <i>Malus domestica</i> )	Vegetativ	Gesamter Stammbaum mit 213 Familien
COSTA E SILVA et al. (2000)	Norwegische Rottanne [ <i>Picea abies</i> (L.) KARST.]	Vegetativ	Daten von Nachkommen wurden genutzt, um Zuchtwerte für 90 Eltern zu schätzen
DE SOUZA et al. (2000)	Pfirsich [ <i>Prunus persica</i> (L.) Batsch (Peach Group)]	Vegetativ	Daten von Nachkommen wurden genutzt, um Zuchtwerte für 28 Eltern zu schätzen
DA COSTA et al. (2002)	Kautschukbaum [ <i>Hevea brasiliensis</i> (Willd. ex Adr. de Juss.) Muell.-Arg.]	Vegetativ	22 Halbgeschwister-Familien
COSTA E SILVA et al. (2004)	Eukalyptus ( <i>Eucalyptus globulus</i> )	Vegetativ	75 bis 78 Vollgeschwister-Familien
RESENDE et al. (2004)	Guinea Gras ( <i>Panicum maximum</i> )	Vegetativ	79 Hybriden aus pomiktischen und autotetraploiden Individuen
DAVIK und HONNE (2005)	Erdbeere ( <i>Fragaria x ananassa</i> Duch.)	Vegetativ	Vollgeschwister-Familien
SOH (1994)	Ölpalme ( <i>Elaeis guineensis</i> , Jacq.)	Generativ (FB)	Daten von Nachkommen wurden genutzt, um Zuchtwerte für Eltern zu schätzen
PURBA et al. (2001)	Ölpalme ( <i>Elaeis guineensis</i> , Jacq.)	Generativ (FB)	401 Hybriden
BERNARDO (1994-1999)	Mais ( <i>Zea mays</i> L.)	Generativ (FB)	Hybriden
CHARCOSSET et al. (1998)	Mais ( <i>Zea mays</i> L.)	Generativ (FB)	210 Hybriden
BROMLEY et al. (2000)	Mais ( <i>Zea mays</i> L.)	Generativ (FB)	Inzuchtlinien
FLACHENECKER et al. (2006a, b)	Mais ( <i>Zea mays</i> L.)	Generativ (FB)	Rekurrentes Selektionsschema einer F <sub>2</sub> -Population mit 120 Vollgeschwistern
PANTER und ALLEN (1995a)	Sojabohne [ <i>Glycine max</i> (L.) Merr.]	Generativ (SB)	25 Elternlinien mit Kreuzungsnachkommen
PANTER und ALLEN (1995b)	Sojabohne [ <i>Glycine max</i> (L.) Merr.]	Generativ (SB)	Nachkommen aus 24 Kreuzungen
XU und VIRMANI (2000)	Reis ( <i>Oryza sativa</i> L.)	Generativ (SB)	66 F <sub>1</sub> -Hybridlinien
PATTEE et al. (2001)	Erdnuss ( <i>Arachis hypogaea</i> L.)	Generativ (SB)	250 Elternlinien
CROSSA et al. (2006)	Weizen ( <i>Triticum aestivum</i> L.)	Generativ (SB)	29 Elternlinien
OAKLEY et al. (2006)	Weizen ( <i>Triticum aestivum</i> L.)	Generativ (SB)	259 Elternlinien
BAUER et al. (2006, 2007), BAUER und LÉON (2007)	Gerste ( <i>Hordeum vulgare</i> L.)	Generativ (SB)	152-500 Elternlinien

heraus, dass eine höhere Anzahl an Nachkommen in der Zuchtwertschätzung zu einer besseren Schätzgenauigkeit führte. Aus diesem Grund nutzten DUREL et al. (1998) sämtliche Stammbauminformationen in der Zuchtwertschätzung von Apfel (*Malus domestica*). Die erhaltenen Zuchtwerte waren für zukünftige Züchtungsstrategien informativer als alle anderen mit bisher verwendeten Standardmethoden ermittelten Werte.

## Generativ vermehrte Fruchtarten

### a) Fremdbefruchter

SOH (1994) erstellte ein Ranking von Eltern in Ölpalme (*Elaeis guineensis*, Jacq.) basierend auf den Daten von Kreuzungsnachkommen. Ebenfalls in Ölpalme schätzten PURBA et al. (2001) für die durchschnittliche Leistung von Hybriden Zuchtwerte. Anhand der Zuchtwerte wurden anschließend die Hybriden, die in den nächsten Selektionszyklus fortgeführt werden sollen, ausgewählt. In der Hybridzüchtung von Mais (*Zea mays*

L.) wurden von BERNARDO (1994, 1995, 1996a,b,c,d, 1997, 1998a,b, 1999) zahlreiche Studien durchgeführt. Der Autor konnte zeigen, dass mit Hilfe der Zuchtwertschätzung die Leistung von Maiskreuzungen vor der Durchführung von Feldversuchen abgeschätzt werden konnte (BERNARDO 1996a). Auch können basierend auf den Leistungsdaten der bereits in Feldversuchen getesteten Hybriden die Leistungen von noch ungetesteten Hybriden geschätzt werden (BERNARDO 1996c). Die Schätzung von Zuchtwerten mit BLUP-Eigenschaften zeigte sich auch dann robust, wenn fehlerhafte Stammbauminformationen der Inzuchtlinien vorlagen (BERNARDO 1996b). Die Nicht-Berücksichtigung von Abstammungsinformationen in der Zuchtwertschätzung führt dagegen zu einer Verringerung der genetischen Varianz bei Mais-Inzuchtlinien (BROMLEY et al. 2000). BUENO und GILMOUR (2003) fanden außerdem heraus, dass es bei der Auswahl des Designs in Feldversuchen eine große Rolle spielt,

ob Abstammungsinformationen in die Zuchtwertschätzung einbezogen werden oder nicht. Denn Designs, die bei nicht verwandten Individuen optimal sind, sind suboptimal bei verwandten Individuen. Bei Merkmalen, die stark von Dominanzeffekten beeinflusst werden, resultierte die Einbeziehung von Dominanzeffekten in das statistische Modell der Zuchtwertschätzung in einer höheren Schätzgenauigkeit (BERNARDO 1996d). Allerdings führte eine Berücksichtigung von additiv x additiven epistatischen Effekten zu keiner Erhöhung des Selektionserfolges (BERNARDO 1995). BERNARDO (1994, 1997, 1998a,b, 1999) untersuchten auch, ob der Einsatz von RFLP-Markerdaten in der Zuchtwertschätzung zu einem Effizienzgewinn führt. Der Autor konnte zeigen, dass die Integration von Markerdaten dann sinnvoll ist, wenn das Merkmal durch wenige QTLs kontrolliert ist. CHARCOSSET et al. (1998) nutzten in der Zuchtwertschätzung von F<sub>1</sub>-Hybriden bei Mais (*Zea mays* L.) einen ähnlichen Ansatz

wie BERNARDO (1994, 1995) und stellen fest, dass die Zuchtwertschätzung anderen Methoden überlegen war. In  $F_2$ -Vollgeschwisterfamilien eines rekurrenten Selektionsschemas bei Mais (*Zea mays* L.) konnten FLACHENECKER et al. (2006a,b) zeigen, dass Zuchtwerte, die auf der Basis der Vollgeschwisterleistung in der Generation  $C_n$  für die Folgegeneration  $C_{n+1}$  geschätzt wurden die gleiche oder eine höhere Genauigkeit hatten als Schätzwerte basierend auf der Leistung der Eltern.

### b) Selbstbefruchter

Um Zuchtwertschätzungen in der Selbstbefruchterzüchtung einsetzen zu können, müssen sowohl der hohe Inzuchtgrad der Kreuzungseltern als auch die starken Änderungen in der Bedeutung der Dominanzvarianz in frühen Kreuzungsgenerationen berücksichtigt werden. Das bedeutet, dass die Berechnung der Verwandtschaftsmatrix A und das statistische Modell angepasst werden müssen.

PANTER und ALLEN (1995a,b) führten Untersuchungen zum Einsatz der Zuchtwertschätzung bei der Sojabohne (*Glycine max* (L.) Merr.) durch. Die Autoren stellten fest, dass mit Hilfe der Zuchtwertschätzung mehr vorteilhafte Kreuzungen detektiert werden konnten als mit anderen Selektionsmethoden. Ähnlich wie die Arbeit von PANTER und ALLEN (1995a,b) verglichen PATTEE et al. (2001) in Erdnuss (*Arachis hypogaea* L.) und XU und VIRMANI (2000) in  $F_1$ -Reishybriden (*Oryza sativa* L.) Zuchtwerte und Elternmittel miteinander. Sie stellten ebenfalls fest, dass eine Selektion anhand von Zuchtwerten überlegen ist. In allen genannten Studien wurden jedoch nicht die Inzuchtbedingungen der Kreuzungseltern berücksichtigt. Einen anderen Ansatz wählten OAKEY et al. (2006), die den hohen Inzuchtgrad in nachfolgenden Selbstungsgenerationen in Weizen-Inzuchtlinien (*Triticum aestivum* L.) bei der Berechnung der Verwandtschaftsmatrix einbezogen. Da in der Pflanzenzüchtung oft Genotyp-Umwelt-Interaktionen auftreten, integrierten CROSSA et al. (2006) bei Weizen-Inzuchtlinien (*Triticum aestivum* L.) diesen Faktor in Form eines Kronecker-Produkts mit der

Verwandtschaftsmatrix in das statistische Modell der Zuchtwertschätzung. BAUER (2006) untersuchte den Einsatz der Zuchtwertschätzung in der Selektion von sowohl Kreuzungseltern als auch Kreuzungsnachkommen und fand heraus, dass, insbesondere wenn stark unbalancierte Daten und Merkmale mit niedriger Heritabilität vorliegen, die Selektion basierend auf Zuchtwerten allen anderen Selektionsstrategien überlegen ist. In dieser Studie wurde die Inzucht der Kreuzungseltern in der Verwandtschaftsmatrix berücksichtigt. Anhand von Simulationsdaten stellten BAUER et al. (2006) fest, dass bei ungenauen oder fehlenden Abstammungsdaten zwischen Elternlinien diese Information durch genetische Ähnlichkeiten, die anhand von molekularen Markerdaten berechnet wurden, ersetzt werden können. Da durch eine geringe Anzahl an Markern die Wahrscheinlichkeit für das Auftreten von genetisch identischen Linien steigt und damit die Matrix mit den genetischen Ähnlichkeiten singular werden kann, berechneten BAUER et al. (2007) bei Gerste (*Hordeum vulgare* L.) Eigenvalues der genetischen Ähnlichkeiten, die anschließend wieder rücktransformiert wurden. Die Autoren kamen zu ähnlichen Zuchtwerten wie bei einer direkten Einbeziehung von genetischen Ähnlichkeiten. Uni- und multivariate Modelle wurden von BAUER und LÉON (2007) bei verschiedenen Merkmalen mit unterschiedlich stark ausgeprägter Korrelation untersucht. Der Einsatz eines multivariaten Modells war besonders bei negativ korrelierten Merkmalen vorteilhaft.

### Fazit

Zusammenfassend kann festgestellt werden, dass in den meisten Studien zur Zuchtwertschätzung in der Pflanzenzüchtung die Überlegenheit einer Selektion anhand von Zuchtwerten über herkömmliche Selektionsstrategien nachgewiesen werden konnte. Es besteht jedoch noch weiterer Forschungsbedarf, um die Schätzung von Zuchtwerten auch in sehr großen, komplexen Pflanzenpopulationen einsetzen zu können. Weiterhin sind in der Praxis bei der Integration der DNA-Markerdaten in die Zuchtwertschätzung noch Probleme vorhanden. Außerdem sollte der Einsatz

der Zuchtwertschätzung auch in partiell-allogamen Kulturarten und in Populationsorten untersucht werden.

### Literatur

- ARAÚJO, J.A., R. SOUSA, L. LEMOS und N.M.G. BORRALHO, 1996: Estimates of genetic parameters and prediction of breeding values for growth in *Eucalyptus globulus* combining clonal and full-sib progeny information. *Silvae Genetica* 45:223-226.
- BAUER, A.M., 2006: BLUP-Zuchtwertschätzung bei selbstbefruchtenden Getreidearten unter Berücksichtigung aller Verwandtschaftsinformationen und der Inzuchtverhältnisse. Diss. Uni Bonn.
- BAUER, A.M., T.C. REETZ und J. LÉON, 2006: Estimation of breeding values of inbred lines using best linear unbiased prediction (BLUP) and genetic similarities. *Crop Sci.* 46:2685-2691.
- BAUER, A.M. und J. LÉON, 2007: Multiple-trait breeding values for parental selection in self-pollinating crops. *Theor. Appl. Genet.* (OnlineFirst).
- BAUER, A.M., T.C. REETZ und J. LÉON, 2007: Predicting breeding values of spring barley accessions by using the singular value decomposition of genetic similarities. *Plant Breeding* (in press).
- BECKER, H., 1993: Pflanzenzüchtung. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.
- BERNARDO, R., 1994: Prediction of maize single-cross performance using RFLPs and information from related hybrids. *Crop Sci.* 34:20-25.
- BERNARDO, R., 1995: Genetic Models for Predicting maize single-cross performance in unbalanced yield trial data. *Crop Sci.* 35:141-147.
- BERNARDO, R., 1996a: Best linear unbiased prediction of the performance of crosses between untested maize inbreds. *Crop Sci.* 36:872-876.
- BERNARDO, R., 1996b: Best linear unbiased prediction of maize single-cross performance. *Crop Sci.* 36:50-56.
- BERNARDO, R., 1996c: Best linear unbiased prediction of maize single-cross performance given erroneous inbred relationship. *Crop Sci.* 36:862-866.
- BERNARDO, R., 1996d: Testcross additive and dominance effects in best linear unbiased prediction of maize single-cross performance. *Theor. Appl. Genet.* 93:1098-1102.
- BERNARDO, R., 1997: RFLP markers and predicted testcross performance of maize sister inbreds. *Theor. Appl. Genet.* 95:655-659.
- BERNARDO, R., 1998a: A model for marker-assisted selection among single crosses with multiple genetic markers. *Theor. Appl. Genet.* 97:473-478.
- BERNARDO, R., 1998b: Predicting the performance of untested single crosses: trait and marker data. In: Lamkey K.R. und J.E. Staub (eds): Concepts and breeding of heterosis in crop plants. 117-127. *Crop Science Society of America, Madison, Wisconsin, USA.*

- BERNARDO, R., 1999: Marker-assisted best linear unbiased prediction of single-cross performance. *Crop Sci.* 39:1277-1282.
- BERNARDO, R., 2002: *Breeding for Quantitative Traits in Plants*. Stemma Press, Woodbury, Minnesota.
- BROMLEY, C.M., L.D. VAN VLECK, B.E. JOHNSON und O.S. SMITH, 2000: Estimation of genetic variance in corn from F1 performance with and without pedigree relationships among inbred lines. *Crop Sci.* 40:651-655.
- BUENO, J.S.S. und S.G. GILMOUR, 2003: Planning incomplete block experiments when treatments are genetically related. *Biometrics* 59:375-381.
- CHARCOSSET, A., B. BONNISSEAU, O. TOUCHÉBEUF, J. BURSTIN, P. DUBREUIL, Y. BARRIÈRE, A. GALLAIS und J.-B. DENIS, 1998: Prediction of maize hybrid silage performance using marker data: comparison of several models for specific combining ability. *Crop Sci.* 38:38-44.
- COMBERG, G., 1980: *Tierzüchtungslehre*. 3. Aufl., Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.
- COSTA E SILVA, J., H. WELLENDORF und N.M.G. BORRALHO, 2000: Prediction of breeding values and expected genetic gains in diameter growth, wood density and spiral grain from parental selection in *Picea abies* (L.) KARST. *Silvae Genetica* 49:102-109.
- COSTA E SILVAM, J., N.M.G. BORRALHO und B.M. POTTS, 2004: Additive and non-additive genetic parameters from clonally replicated and seedling progenies of *Eucalyptus globulus*. *Theor. Appl. Genet.* 108:1113-1119.
- CROSSA, J., J. BURGUENO, P.L. CORNELIUS, G. MCLAREN, R. TRETOWAN und A. KRISHNAMACHARI, 2006: Modelling genotype x environment interaction using additive genetic covariance of relatives for predicting breeding values of wheat genotypes. *Crop Sci.* 46:1722-1733.
- DA COSTA, B., M.D.V. DE RESENDE, P. DE SOUZA GONCALVES und M. DE ALMEIDA SILVA, 2002: Individual multivariate REML/BLUP in the presence of genotype x environment interaction in rubber tree (*Hevea*) breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 2:131-140.
- DAVIK, J. und B.J. HONNE, 2005: Genetic variance and breeding values for resistance to a wind-borne disease [*Sphaerotheca macularis* (Wallr. ex Fr.)] in strawberry (*Fragaria ananassa* Duch.) estimated by exploring mixed and spatial models and pedigree information. *Theor. Appl. Genet.* 111:256-264.
- DE SOUZA, V.A.B., D.H. BYRNE und J.F. TAYLOR, 2000: Predicted breeding values for nine plant and fruit characteristics of 28 peach genotypes. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 125:460-465.
- DUREL, C.E., F. LAURENS, A. FOUILLET und Y. LESPINASSE, 1998: Utilization of pedigree information to estimate genetic parameters from large unbalanced data sets in apple. *Theor. Appl. Genet.* 96:1077-1085.
- ESSL, A., 1996: *Grundlagen der Zuchtwertschätzung*. Institut für Nutztierwissenschaften, Universität für Bodenkultur, 1. Seminar des genetischen Ausschusses der Zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, Wien.
- FLACHENECKER, C., M. FRISCH, K.C. FALKE, A.E. MELCHINGER, 2006a: Trends in population parameters and best linear unbiased prediction of progeny performance in a European F2 maize population under modified recurrent full-sib selection. *Theor. Appl. Genet.* 112:483-491.
- FLACHENECKER, C., M. FRISCH, J. MUMINOVIC, K.C. FALKE, A.E. MELCHINGER, 2006b: Modified full-sib selection and best linear unbiased prediction of progeny performance in a European F2 maize population. *Plant Breeding* 125:248-253.
- OAKLEY, H., A. VERBYLA, W. PITCHFORD, B. CULLIS und H. KUCHEL, 2006: Joint modeling of additive and non-additive genetic line effects in single field trials. *Theor. Appl. Genet.* 113:809-819.
- PANTER, D.M. und F.L. ALLEN, 1995a: Using best linear unbiased predictions to enhance breeding for yield in soybean: I. Choosing parents. *Crop Sci.* 35:397-405.
- PANTER, D.M. und F.L. ALLEN, 1995b: Using best linear unbiased predictions to enhance breeding for yield in soybean: II. Selection for superior crosses from a limited number of yield trials. *Crop Sci.* 35:405-410.
- PATTEE, H.E., T.G. ISLEIB, D.W. GORBET, F.G. GIESBRECHT und Z. CUI, 2001: Parent selection in breeding for roasted peanut flavor quality. *Peanut Science* 28:51-58.
- PURBA, A.R., A. FLORI, L. BAUDOUIN und S. HAMON, 2001: Prediction of oil palm (*Elaeis guineensis*, Jacq.) agronomic performances using the best linear unbiased predictor (BLUP). *Theor. Appl. Genet.* 102:787-792.
- RESENDE, R.M.S., L. JANK, C.B. VALLE und A.L.V. BONATO, 2004: Biometrical analysis and selection of tetraploid progenies of *Panicum maximum* using mixed model methods. *Pesqui. Agropecu. Bras.* 39:335-341.
- SOH, A.C., 1994: Ranking parents by best linear unbiased prediction (BLUP) breeding values in oil palm. *Euphytica* 76:13-21.
- XU, W. und S.S. VIRMANI, 2000: Prediction of hybrid performance in rice: comparisons among best linear unbiased prediction (BLUP) procedure, midparent value, and molecular marker distance. *Int. Rice Res. Notes* 25:12-13.