

Einsatz von genetischen Ähnlichkeiten bei der Selektion potentieller Kreuzungseltern

A.M. BAUER und J. LÉON

Die Selektion potentieller Kreuzungseltern gehört mit zu den wichtigsten Schritten im Züchtungsprozess. Dabei ist die umfassende Nutzung aller verfügbaren Informationen in der Selektionsentscheidung von großer Bedeutung.

Dazu gehören auf der einen Seite phänotypische Daten von Feldversuchen, aber auch Abstammungsinformationen des Genotyps. Außerdem wird mittlerweile zunehmend für die Elite-Linien der Genotyp an bestimmten Marker-Loci untersucht. Bisher gibt es jedoch keine statistische Auswertemethode, mit der alle Informationen gemeinsam genutzt werden können (HECKENBERGER et al., 2006).

Fragestellung

In der Kreuzungseltern-Selektion sind oft nur unzureichend Abstammungsinformationen vorhanden. Daher wurden in dieser Studie mittels DNA-Markerdaten genetische Ähnlichkeiten geschätzt und anschließend an Stelle von Abstammungsinformationen in einer BLUP-Zuchtwertschätzung genutzt. Dadurch könnte der Selektionserfolg bei der Selektion potentieller Kreuzungseltern erhöht werden (BAUER et al., 2006).

Methodik

Dazu wurde eine „virtuelle“ Elternpopulation mit 500 Inzuchtlinien am Computer mit der Software SAS/IML 9.1 simuliert (SAS Institute, 2004). Die Ausprägung des Genotyps wurde von 150 Genorten mit je 2 - 7 Allelen pro Genort beeinflusst. In der Simulation wurden die Linien dann in 5 verschiedenen Umwelten mit je 5 Wiederholungen pro Umwelt angebaut. Außerdem wurden 3 verschiedene Merkmale mit den Heritabilitäten $h^2 = 0,1$; $0,5$ und $0,9$ und balanzierte sowie unbalanzierte Datensätze simuliert. Die Zuchtwertschätzung erfolgte mit der Software ASReml (GILMOUR et al., 2002).

Ergebnisse

Die Integration von genetischen Ähnlichkeiten in die Zuchtwertschätzung führte im Vergleich zu einem simplen Mixed-Model oder einem Linienmittel (von verzerrenden Umwelteinflüssen bereinigt) zu einer signifikanten Erhöhung des Selektionserfolges. Dabei ist der Einsatz eines Mixed-Models ohne Nutzung von Abstammungsinformationen oder genetischen Ähnlichkeiten meist nicht signifikant unterschiedlich zum Linienmittel.

Schlussfolgerung

Da in der Selbstbefruchterzüchtung insbesondere bei potentiellen Kreuzungseltern oft keine Abstammungsinformationen vorhanden sind, bietet die Nutzung von genetischen Ähnlichkeiten basierend auf DNA-Markerdaten in der Selektionsentscheidung eine hervorragende Möglichkeit zur Steigerung des Selektionserfolges.

Literatur

- 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.* (in press).
- GILMOUR, A.R., B.J. GOGEL, B.R. CULLIS, S.J. WELHAM und R. THOMPSON, 2002: ASReml User Guide Release 1.0. VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK.
- HECKENBERGER M., A. BÜCHSE, M. FRISCH, H.P. MAURER, J. MÖHRING, J. MUMINOVIC, H.-P. PIEPHO, J.C. REIF, B. STICH, H.F. UTZ, A.E. MELCHINGER, F. LICHERT, A. BRAUN, J. BREUN, F. DREYER, E. EBMEYER, E. KNOPF, J. LÜBECK, A. SCHECHERT, D. STELLING, S. STRENG, E. TACKE, A. ZACHARIAS und H. WORTMANN. 2006. Die Brücke zwischen Genomforschung und angewandter Pflanzenzüchtung schlagen. *GenomXPress* 1:13-15.
- SAS Institute, 2004: The SAS system for Windows. Release 9.1. SAS Inst., Cary, NC, USA.

Autoren: Dr. Andrea M. BAUER und Prof. Dr. Jens LÉON, Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz, Professur für Speziellen Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Katzenburgweg 5, D-53115 BONN

