

Effekt systematischer Datenreduktion auf die Trendschätzungen aus Wertprüfungsdaten

22.06.2022

Jens Hartung, Friedrich Laidig, Hans-Peter Piepho



Inhalt

- Nutzung von Wertprüfungsdaten für Trendschätzungen
- Das Problem der fehlenden Daten
- Simulationsansatz
- Ergebnisse
- Interpretation
- Einordnen der Relevanz



Selektion der Züchter

Anmeldung zur Sortenprüfung

Post-breeding Population

2-3 Jahre Wertprüfung (WP)

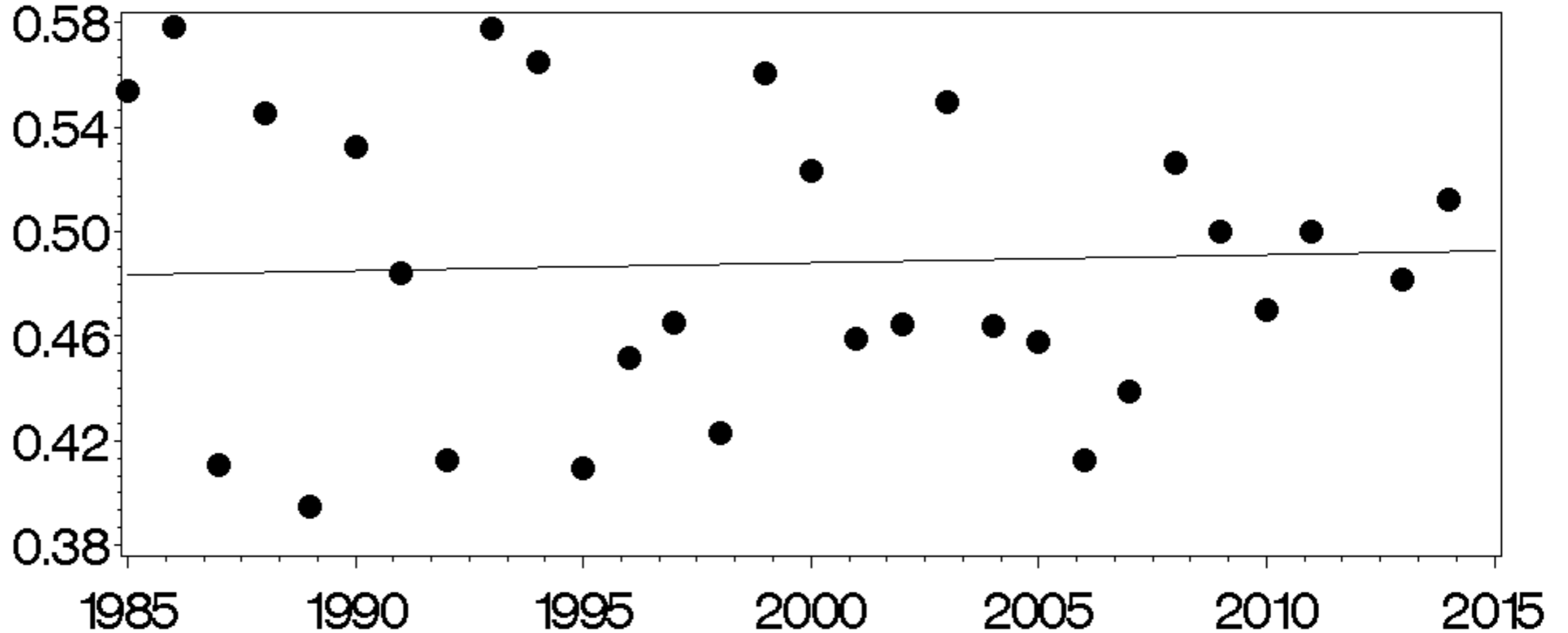
Zulassung

Post-registration Population



Wahrscheinlichkeit, dass Genotypen im zweiten Jahr weiter geprüft werden

Selektionswahrscheinlichkeit



Jahr der ersten Prüfung



Selektion der Züchter

Anmeldung zur Sortenprüfung

Post-breeding Population

2-3 Jahre Wertprüfung (WP)

Zulassung

Post-registration Population



Selektion der Züchter

Anmeldung zur Sortenprüfung

Post-breeding Population

2-3 Jahre Wertprüfung (WP)

Zulassung

Post-registration Population



Selektion der Züchter

Anmeldung zur Sortenprüfung

Post-breeding Population

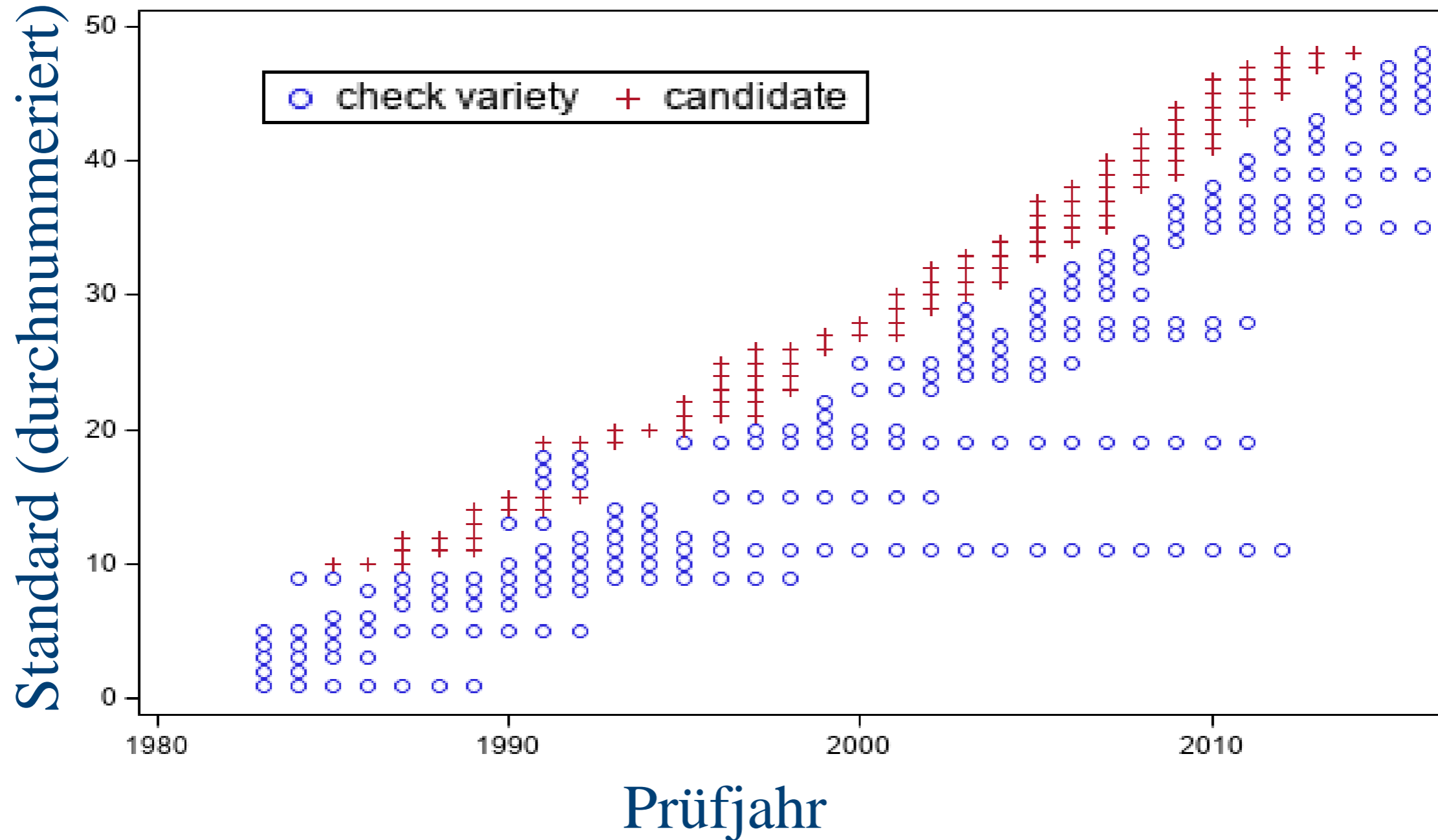
2-3 Jahre Wertprüfung (V/P)

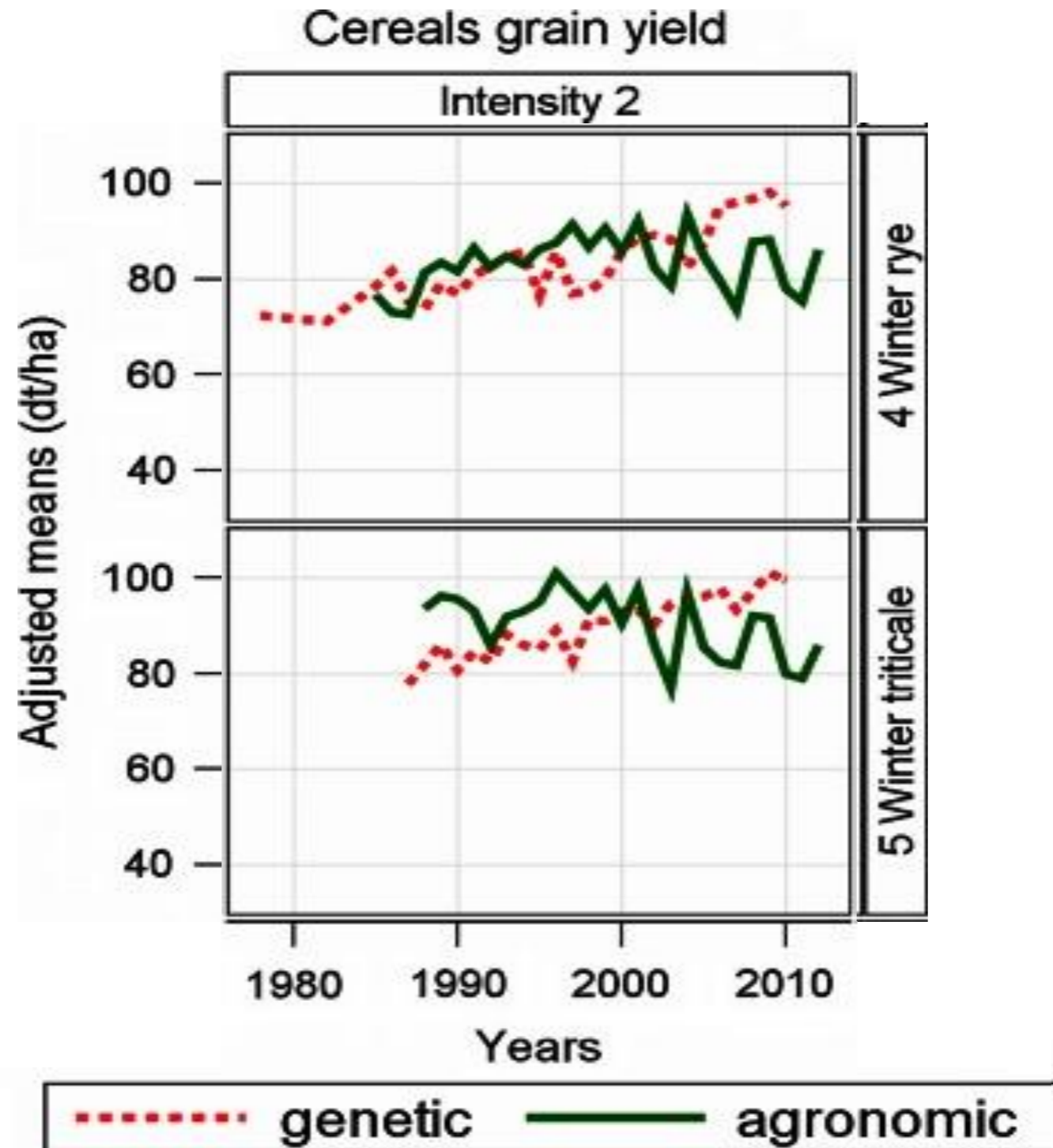
Zulassung

Post-registration Population



Verwendung von Standards über die Jahre

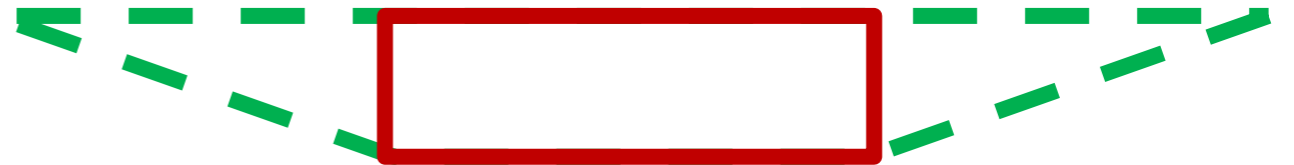






Simulation

- Gleiche Struktur wie Wertprüfung
- 77802 Beobachtungen
- 1622 Versuche, 2912 Genotypen
- Keine Trends
- Kompletter Datensatz
- Reduzierter Datensatz







Ergebnisse

Ansatz	Genotypevarianz in $dt^2 ha^{-2} a^{-2}$		Trend in $dt ha^{-1} a^{-1}$	
	simuliert	gefunden	genetisch	nicht genetisch
Kompletter Datensatz	13,3	13,3	0,0004	-0,0002








Ergebnisse

Ansatz	Genotypevarianz in $dt^2 ha^{-2} a^{-2}$		Trend in $dt ha^{-1} a^{-1}$		
	simuliert	gefunden	genetisch	nicht genetisch	
Kompletter Datensatz	13,3	13,3	0,0004	-0,0002	
Reduzierter Datensatz	13,3	5,9	0,1153	-0,1057	



Ergebnisse

Ansatz	Genotypevarianz in $dt^2 ha^{-2} a^{-2}$		Trend in $dt ha^{-1} a^{-1}$		
	simuliert	gefunden	genetisch	nicht genetisch	
Kompletter Datensatz	13,3	13,3	0,0004	-0,0002	
Reduzierter Datensatz	13,3	5,9	0,1153	-0,1057	
Reduzierter Datensatz, zufällige Auswahl	13,3	13,3	0,0003	0,0001	



Ergebnisse

Ansatz	Genotypevarianz in $dt^2 ha^{-2} a^{-2}$		Trend in $dt ha^{-1} a^{-1}$		
	simuliert	gefunden	genetisch	nicht genetisch	
Kompletter Datensatz	13,3	13,3	0,0004	-0,0002	
Reduzierter Datensatz	13,3	5,9	0,1153	-0,1057	
Reduzierter Datensatz, zufällige Auswahl	13,3	13,3	0,0003	0,0001	
Reduzierter Datensatz, G×J groß	13,3	5,4	0,6403	-0,6674	



Relevanz

Genetischer Trend aus Wertprüfungsdaten:	$0,5532 \text{ dt ha}^{-1} \text{ a}^{-1}$
Verzerrung in Simulation	$0,1153 \text{ dt ha}^{-1} \text{ a}^{-1}$
Genotypevarianz aus kompletten Daten:	$13,3 \text{ dt}^2 \text{ ha}^{-2} \text{ a}^{-2}$
Genotypevarianz aus reduzierten Daten	
• Reale Daten:	$12,1 \text{ dt}^2 \text{ ha}^{-2} \text{ a}^{-2}$
• Simulation:	$5,9 \text{ dt}^2 \text{ ha}^{-2} \text{ a}^{-2}$



Fazit

Post-breeding Population

2-3 Jahre Wertprüfung (WP)

Post-registration Population



Fazit

- Trend der post-breeding Population
- Leicht verzerrte Trend der post-breeding Population aus reduzierten Daten
- Verwendung nachgelagerter Versuche (LSV)



Referenzen:

Laidig F, Piepho H-P, Drobek T, Meyer U (2014) Genetic and non-genetic long-term trends of 12 different crops in German official variety performance trials and on-farm yield trends. *Theor Appl Genet* 127:2599–2617. doi:101007/ s00122-014-2402-z

Piepho H-P, Möhring J (2006) Selection in cultivar trials: Is it ignorable? *Crop Sci* 46:192–201. doi:102135/cropsci200504-0038

Hartung J, Laidig F, Piepho H-P (2022) Effects of systematic data reduction on trend estimation from German registration trials. In preparation.

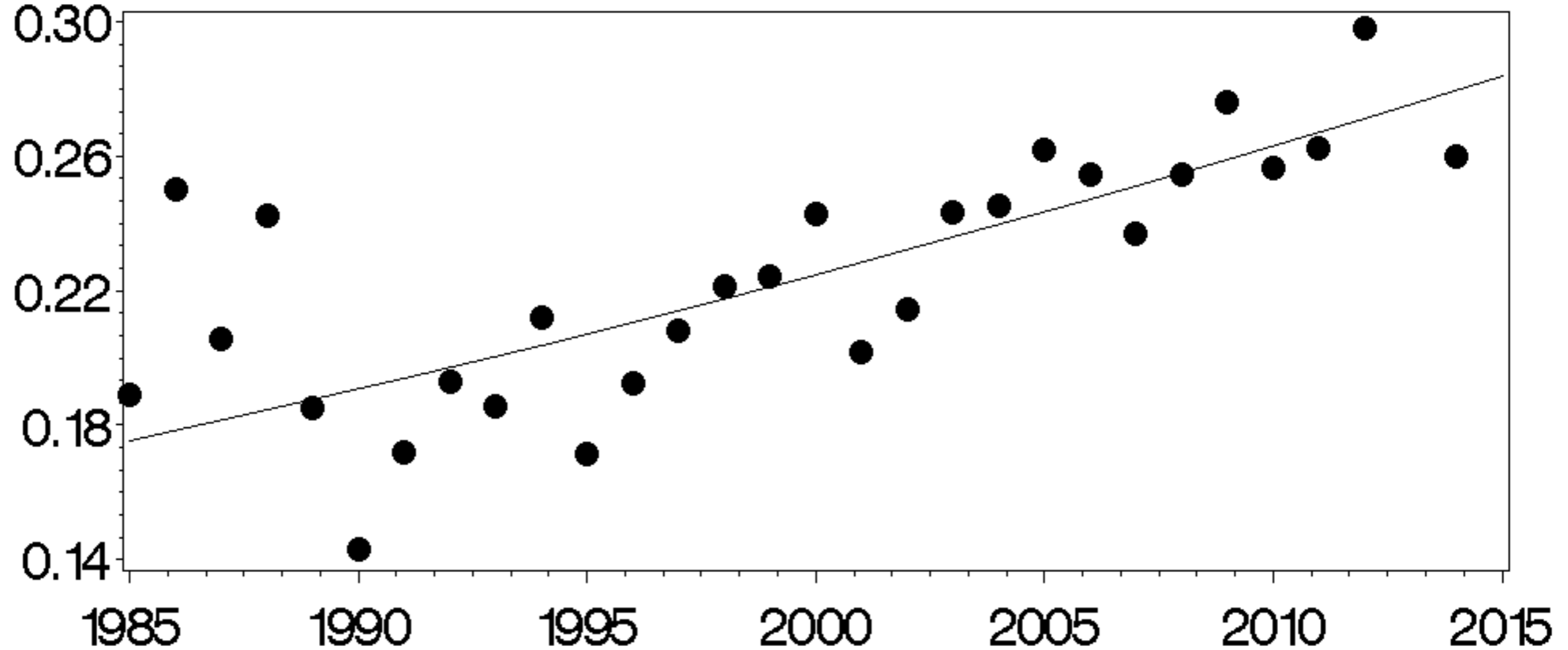


Parameter	Estimate for dataset in dt ² ha ⁻²		
	BSA	BSA-2	Check varieties only
Variance component			
Year	25.1314	23.8879	22.9941
Location	53.1506	53.4990	54.0750
Year-by-location	74.1434	73.9777	72.8957
Year-by-location-by-trial	8.8293	9.0251	9.5473
Genotype	13.2716	12.0976	11.1719
Genotype-by-year	3.1598	2.9439	4.2967
Genotype-by-location	2.2527	2.1570	2.3762
Genotype-by-year-by-location	9.6216	9.0116	9.1895
Error	9.3552	9.4141	9.1666
Trend	Estimate (standard error) for dataset in dt ha ⁻¹ year ⁻¹		
Genetic	0.5588 (0.02912)	0.5532 (0.03068)	0.5551 (0.05029)
Non-genetic	0.1743 (0.09960)	0.1258 (0.09762)	0.1528 (0.09888)



Wahrscheinlichkeit, dass Genotypen im dritten Jahr geprüft werden

Selektionswahrscheinlichkeit



Jahr der ersten Prüfung