Antworten zu den Übungsfragen im Lehrbuch „Pflanzenzüchtung“ von Heiko Becker (Ulmer Verlage, 2019, 3. Auflage)

Kapitel 7 Quantitative Genetik

1.

Bei einem großen Umwelteinfluss auf die Ausprägung des Merkmals bei diesen Genotypen.

2.

Die Erblichkeit h²=VG/VP. Also ist h² der Anteil der genotypischen Varianz an der gesamten phänotypischen Varianz (man kann auch sagen: das Verhältnis zwischen genotypischer und phänotypischer Varianz).

3.

h² = 100/200 = 0,50; also 50% der beobachteten phänotypischen Varianz beruht auf (genetischen) Unterschieden zwischen den Genotypen, der Rest der beobachteten Unterschiede ist umweltbedingt.

Es sind nicht 50% der phänotypischen Werte genetisch bedingt (wie wir es manchmal zu lesen bekommen – was sollte das auch bedeuten?), sondern hier ist die Hälfte der Varianz der phänotypischen Werte genetisch bedingt.

4.

Genotyp-Umwelt-Interaktionen können zwar in der Züchtung „störend“ sei, es ist aber nicht sinnvoll sie durch Versuche unter künstlichen Bedingungen zu vermeiden. Bei Merkmalen mit großen Interaktionen (vor allem Ertrag) ist die einzige Möglichkeit eine Prüfung der Genotypen unter möglichst vielen unterschiedlichen praxisrelevanten Bedingungen, also in mehreren Jahren an vielen Orten. Die vierte Antwort ist somit falsch.

Übrigens (Antwort 3): Dass eine Genotyp-Umwelt-Interaktion nur auftreten kann, wenn Versuchsergebnissen von mindestens zwei Genotypen aus mindestens zwei Umwelten vorliegen, würde ich nicht sagen. Ein GxE-Effekt kann schon in jedem einzelnen Ergebnis (Ergebnis eines Genotyps in einer Umwelt) auftreten (im Sinne von ‚enthalten seien’); aber man kann den GxE-Effekt in diesem Resultat dann eben nicht erkennen, und seine Größe auch nicht abschätzen. Man braucht in der Tat Resultate von mindestens zwei Genotypen aus mindestens zwei Umwelten, um aus den Daten heraus zu berechnen (abzuschätzen), ob GxE-Effekte vorliegen oder nicht und wie groß sie in etwa sind.

5.

Durch die Aufteilung der Genotyp-Umwelt-Interaktionen des ganzen Genotypen-Sortimentes auf die einzelnen Genotypen („Ökovalenz“), oder durch Berechnung der Abweichungen einzelner Genotypen von ihrer sortentypischen Regression auf die Ergebnisse des ganzen Sortimentes in den Umwelten (siehe S. 131f).

6

Der heterozygote Genotyp profitiert von der Dominanz, er hat eine höhere Leistung als das Mittel der beiden homozygoten Genotypen (Abbildung 7.11). Wenn nun zum Beispiel beide Allele in der Population gleich häufig sind – wie ja im Heterozygoten auch (!) ­­– dann ist der Zuchtwert des Heterozygoten identisch mit dem der ganzen Population (sein Einsatz als ‚Vererber’ verbessert sie nicht und verschlechtert sie nicht). Aber seine eigene Leistung ist höher als die der Population, daher ist seine Leistung höher als sein Zuchtwert.

Warum seine eigene Leistung höher ist? In der Population gibt es in diesem Fall gleich viele (je 25%, nämlich p² bzw. q²) ‚gute’ und ‚schlechte’ Homozygote, was sich ausgleicht, und 50% (nämlich 2pq) Heterozygote. Die Population profitiert nur zu 50% von der Dominanz, während der Heterozygote selbst von ihr zur Gänze profitiert.

7

Siehe Seite 135. QTL ist das Akronym für ‚Quantitative Trait Locus’. Bevor es DNA-Marker gab hat man einen QTL als Locus eines polygenen Merkmals bezeichnet (Ein QTL kann allerdings wie auf Seite 135 erklärt mehr als ein Gen umfassen).

8.

1. Richtig
2. Mit nur zwei Genotypen ist keine klassische Genetik und auch keine QTL-Analyse möglich
3. Nein! Der Grundgedanke der QTL-Analyse ist es gerade, mit Hilfe von Markern Gene zu identifizieren, deren DNA-Sequenz unbekannt ist.