

Biologie Jahrgangsstufe 12 im LehrplanPLUS

I Genetik und Gentechnik

5 Weitergabe genetischer Information

Thomas Nickl, Februar 2023; überarbeitet März 2024, ergänzt April 2025

Bitte lesen Sie meine allgemeinen Anmerkungen zur Jahrgangsstufe 12 [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#) zu den Aspekten: Situation in der 12. Jahrgangsstufe Biologie, Kompetenzen, Berufsbilder und Medien.

[Allgemeine Vorbemerkungen zum Lernbereich 2.5](#)

[Zeitplan](#)

I Genetik und Gentechnik

[5 Weitergabe genetischer Information](#)

[5.0 Praktikum: Kreuzungsexperimente](#)

[5.1 Klassische Genetik nach Gregor Mendel](#)

[5.1.1 Methodik und Begriffe](#)

[5.1.2 Der monohybride Erbgang](#)

[5.1.3 Der dihybride Erbgang](#)

[5.1.4 Erklärung mit Chromosomen \(fakultativ\)](#)

[5.2 Erweiterungen der klassischen Genetik](#)

[5.2.1 Unvollständige Dominanz](#)

[5.2.2 Kodominanz](#)

[5.3 Statistischer Charakter der Vererbungsregeln](#)

[5.4 Genkopplung \(nur eA\)](#)

[5.4.1 Kopplungsgruppen](#)

[5.4.2 Genaustausch durch Kopplungsbruch](#)

[5.4 / 5.5 * Zellbiologische Grundlagen](#)

[5.6 Einfluss von Umweltbedingungen](#)

[5.6.1 Epigenetische Vererbung](#)

[5.6.2 Genomische Prägung](#)

[Anhang: Arbeitsblatt zu einem mittelalterlichen Text über Geschlechtsbestimmung](#)

** Im eA-Kurs sollten Genkopplung und Genaustausch besprochen sein, bevor die zellbiologischen Grundlagen betrachtet werden. Deshalb unterscheiden sich die Nummern für diesen Abschnitt bei gA und eA.*

Allgemeine Vorbemerkungen zum Lernbereich 2.5

Betrachtungs-Ebenen: Die Abschnitte 5.1 und 5.2 betreffen die makroskopische Ebene. In den Abschnitten 5.4 und 5.5 werden Beobachtungen der makroskopischen und der mikroskopischen Ebene gegenüber gestellt. Das sollte deutlich gemacht werden, z. B. indem die Schüler diese Einordnung vornehmen (ggf. Ikons zur Visualisierung).

Arbeitsblatt mit den Ikons der drei Betrachtungsebenen [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

Ikons der drei Betrachtungsebenen: makroskopisch [\[jpg\]](#); mikroskopisch [\[jpg\]](#); submikroskopisch [\[jpg\]](#)

Zeitplan

Der LehrplanPLUS sieht für den Lernbereich 2.5 „Weitergabe genetischer Information“ im grundlegenden Anforderungsniveau (gA) ca. 7 und im erweiterten Anforderungsniveau (eA) ca. 13 Unterrichtsstunden vor (alle Lehrplan-Formulierungen für das gA finden sich auch beim eA). Das bedeutet nicht unbedingt, dass in diesem Lernbereich für die dem eA vorbehaltenen Aspekte sechs Unterrichtsstunden anzusetzen wären, sondern dass beim eA insgesamt mehr Zeit für Kompetenztraining bzw. schülerzentrierte Unterrichtsformen bleibt.

Die folgende Tabelle zeigt einen Vorschlag für einen Zeitplan des Lernbereichs 2.4, getrennt nach gA und eA:

Nummer	Abschnitte	Stunden gA	Stunden eA
5.0	Praktikum: Kreuzungsexperimente	–	2
5.1	Klassische Genetik nach Gregor Mendel	3	3
5.2	Erweiterungen der klassischen Genetik	3	3,5
5.3	Statistischer Charakter der Vererbungsregeln	0,5	0,5
5.4	Genkopplung	–	1
5.4 / 5.5	Zellbiologische Grundlagen	0,5	1
5.6	Einfluss von Umweltbedingungen	–	2
	Summe	7	13

5 Weitergabe genetischer Information

Ich habe die Reihenfolge der Einzelaspekte in diesem Lernbereich teilweise anders angeordnet als im LehrplanPLUS und auch die eine oder andere Formulierung verändert. Dadurch wird das für die Schüler weitgehend neue Sachgebiet Schritt für Schritt aufgebaut und erst am Ende mit Vorwissen aus anderen Bereichen abgeglichen. Dass die hier vorgeschlagene Abfolge ungefähr dem historischen Erkenntnisgang folgt, ist eher zufällig und stellt kein Ordnungsprinzip dar.

Wegen der Veränderungen in der Anordnung werden die Formulierungen des LehrplanPLUS ausnahmsweise im Ganzen vorangestellt und nicht einzelnen Abschnitten zugeordnet.

Auch wenn der Begriff „Klassische Genetik“ im LehrplanPLUS nicht genannt wird, halte ich es für sinnvoll, ihn zu verwenden.

Inhalte zu den Kompetenzen	Kompetenzerwartungen: Die Sch. ...
mono- und dihybrider Erbgang: statistischer Charakter, Allelbegriff, dominante und rezessive Genwirkung (u. a. Rhesus-System), unvollständige Dominanz, Kodominanz (AB0-System); Genkopplung und Gen-austausch (Crossing-over) epigenetische Vererbung*, genomische Prägung Mendelsche Regeln, zellbiologische Grundlagen	werten (ggf. selbst durchgeführte) Kreuzungsexperimente aus, um den statistischen Charakter der Vererbung abzuleiten. beschreiben die Veränderung des Wissens und die Bedeutung neuer Erkenntnisse bei der Erklärung von biologischen Phänomenen am Beispiel der Aufdeckung von Gesetzmäßigkeiten der Vererbung.
Vorwissen: (Die klassische Genetik ist kein Thema der Mittelstufe im LehrplanPLUS.)	

**) Die Formulierung „epigenetische Vererbung“ zielt zwar vermutlich darauf ab, dass epigenetische Strukturen an die nächste Generation von Vielzellern weitergegeben würden. Der Epigenetiker Prof. Dr. Stefan H. Stricker, LMU / Helmholtz Zentrum München, steht dieser Aussage aber mit großer Skepsis gegenüber und betonte mir gegenüber im Gespräch, dass man in der Schule die epigenetische Vererbung besser auf die Weitergabe epigenetischer Strukturen an die Tochterzellen (bei der Mitose) beschränken sollte.*

5.0 Praktikum: Kreuzungsexperimente

(eA: ca. 2 Stunden)

Bei den Kompetenzerwartungen wird verlangt, dass die Teilnehmer im Kurs mit erweitertem Anforderungsniveau Kreuzungsexperimente auswerten, um den statistischen Charakter der Vererbung abzuleiten. Sie sollten dies auf jeden Fall anhand vorgegebener Daten tun, können aber – fakultativ – zusätzlich anhand von selbst durchgeführten Experimenten eigene Daten erheben und diese ebenfalls auswerten.

Es spricht nichts dagegen, Kreuzungsversuche auch mit dem gA-Kurs durchzuführen, weil sie die Anschaulichkeit und die Motivation erhöhen. Ggf. können Kreuzungsversuche des eA-Kurses in einer allgemein einsehbaren Vitrine durchgeführt werden, so dass man im gA-Kurs darauf zurückgreifen kann.

Zeitpunkt: Wenn die Versuche während des laufenden Unterrichts der vorangehenden Themen durchgeführt werden, liegen die Ergebnisse zu Beginn des Abschnitts 5 bereits vor, so dass die Kursteilnehmer aus ihnen Hypothesen zu Vererbungsregeln ableiten können. Wenn die Kursteilnehmer dagegen den jeweiligen Versuchsaufbau selbst entwerfen sollen, müssen sie dafür bereits Kenntnisse in Klassischer Genetik haben. Alternativ können die Versuche auch im zweiten Schulhalbjahr nachträglich durchgeführt und ausgewertet werden.

Man sollte die Materialien und Tiere mit langem Vorlauf bestellen (2-3 Monate). Sie sind im Lehrmittelhandel erhältlich, aber auch bei Universitäten, Hochschulen und Schulbiologiezentren.

5.0.1 Fruchtfliege

Als Versuchsobjekt eignet sich die Fruchtfliege (Taufliege) *Drosophila melanogaster* sehr gut. Sie hat bei 21 °C eine Generationsdauer von ca. 2 Wochen. Die Haltung benötigt nicht viel Platz und kann im Schaukasten durchgeführt werden. Die Kreuzungsexperimente dauern bis in die F₂-Generation mindestens vier Wochen und setzen einige Kenntnisse für die Durchführung voraus, die aber leicht erlernbar sind.

Eine ausführliche Beschreibung dazu finden Sie in folgendem Link des Schulbiologiezentrums Hannover: <http://www.schulbiologiezentrum.info/AH%2010.9%20Kreuzungen%20Drosophila%20150309Me.pdf>

Eine weitere Quelle bietet der Friedrich-Verlag (1 € für 30 Tage Zugriff):

<https://www.friedrich-verlag.de/biologie/genetik/drosophila-im-kreuzungsexperiment-1970>

Ein Elternteil der P-Generation sollte dem (reinerbigen) Wildtyp entsprechen, das andere Elternteil sollte eine reinerbige Mutante sein, deren besondere Ausprägung mit bloßem Auge erkennbar ist, z. B.:

- vestigial (vg): Stummelflügel; autosomal rezessiv
- ebony (e): schwarzer Körper; autosomal rezessiv
- white (w): weiße Augen; X-chromosomal rezessiv
- Curly (Cy): verdrehte Flügel; autosomal dominant

Die Schüler sollten die jeweiligen Merkmale kennen sowie Männchen und Weibchen unterscheiden können (das Ende des Hinterleibs der Weibchen ist spitz zulaufend, bei den Männchen ist es abgerundet und auch bei der Wildform schwarz).

Beide Elterntiere werden in einem Zuchtgefäß zusammen gebracht und nach der Eiablage daraus entfernt. Die Maden entwickeln sich auf einem Nährmedium, aus den Puppen schlüpfen nach zwei Wochen die adulten Fliegen (die Imago, Plural: Imagines). Die Phänotypen werden bestimmt und ausgezählt. Dazu werden die Tiere kurzzeitig betäubt und unter dem Binokular betrachtet. Dann werden die Tiere der F₁-Generation zur Paarung gebracht und deren Nachkommen nach weiteren 14 Tagen bestimmt und ausgezählt (F₂-Generation). Dadurch lässt sich feststellen, ob die Vererbung des betrachteten Merkmals autosomal oder gonosomal bzw. dominant oder rezessiv erfolgt, weil die Zahl der Nachkommen dafür groß genug ist, vor allem, wenn mehrere Ansätze parallel durchgeführt werden. Bei großen Nachkommenzahlen tauchen mit ein wenig Glück auch Phänotypen auf, die nur mit Crossing-Over-Ereignissen erklärbar sind.

Die Schüler sollen nicht nur die Ergebnisse protokollieren, sondern sie auch selbständig auswerten. Ggf. werden die Versuche von einer kleinen Gruppe Kursteilnehmer betreut (einschließlich der Pflege und ggf. den Bestellungen). Dies kann Grundlage für eine Seminararbeit sein.

Die Experimente sind zwar nur im Kurs mit erweitertem Anforderungsniveau vorgesehen, aber wenn sie an der Schule durchgeführt werden, kann man auch Kurse mit grundlegendem Anforderungsniveau daran teilhaben lassen, denn die Experimente wirken stark motivierend.

5.0.2 Ackerschmalwand (Mendel in a Box)

Die Ackerschmalwand (Gänserauke) *Arabidopsis thaliana* ist ein wichtiger Modellorganismus in der Genetik. Bryan Nowak, Universität Potsdam, hat das Experimentier-Kit *Mendel in a Box*

für Schulen entwickelt, mit dem parallel Arabidopsis-Pflanzen der P-, F₁- und F₂-Generation aus Samen gleichzeitig angezogen werden, so dass sich die Experimente nicht über zwei Vegetationsperioden hinziehen müssen. Auf der Webseite <https://mendelinabox.com/> heißt es: „Das bereitgelegte Saatgut wurde vorher so gekreuzt, dass alle Mendelschen Regeln abgedeckt sind und beinhaltet mehrere Kreuzungen von Mutanten für die Entwicklung von Blatthaaren und Blütenblättern.“

Die 50 x 30 x 30 cm große Mendelbox enthält das Saatgut, zwei Zimmergewächshäuser, 30 Töpfe, 30 Schilder, Zahnstocher für die Aussaat sowie deutschsprachige Versuchsanleitungen für Kursteilnehmer und Lehrkräfte. Sie kostet ca. 120 Euro und wird vertrieben durch die Lehrmittelfirmen Phywe und Conatex. Es sind auch Ersatzpakete mit frischem Saatgut und neuen Schildern erhältlich. Zusätzlich zur Box werden 8 Liter Blumenerde benötigt und v. a. in der dunklen Jahreszeit eine Anzuchtlampe (mit Tageslicht kann sich die Wachstumsdauer von 6 auf bis zu 12 Wochen verlängern).

Links zu dem Produkt bei [Phywe](#) und [Conatex](#)

5.0.3 Wunderblume

Carl Correns hat 1909 an der Wunderblume *Mirabilis jalapa* die Vererbung mit eingeschränkter Dominanz beschrieben: rote, rosa und weiße Blütenfarbe. Die Wunderblume kann ab Mitte März in Blumentöpfen ausgesät werden. Die Samen lässt man zuvor 1-2 Tage in Wasser quellen. Standort: geschützt, sonnig, warm. Erst in der zweiten Maihälfte (nach den Eisheiligen) kann sie ins Freiland ausgepflanzt werden, weil sie frostempfindlich ist. (Zum Überwintern müssen die Wurzelstöcke der mehrjährigen Pflanze ins Haus geholt werden.) Sie blüht von Juni bis Oktober.

Wenn Kreuzungsexperimente im Rahmen einer Seminararbeit vergeben werden sollen, dann muss die P-Generation im Frühling des Schuljahres angesät werden, in dem der betreffende Schüler noch in der 11. Jahrgangsstufe ist. Die künstliche Bestäubung findet dann im Sommer desselben Jahres statt. Die Samen der F₁-Generation werden dann in dem Frühjahr ausgesät, wenn der Schüler in der 12. Jahrgangsstufe ist. Die Blütenfarbe kann dann ab Juni festgestellt werden.

Weil bei der Vererbung mit eingeschränkter Dominanz der Genotyp durch den Phänotyp eindeutig bestimmt ist, sind Samen für weiß- bzw. rotblühende Wunderblumen jeweils homozygot, Samen für rosablühende Wunderblumen heterozygot.

5.0.4 Saaterbse

Der gleiche Zeitplan gilt auch für Versuche mit der **Saaterbse** *Pisum sativum*, wenn sie bis zur F₂-Generation gehen sollen. Wenn die Versuche nur bis zur F₁-Generation gehen sollen, genügt ein Jahr, das ist der Zeitraum der 12. Jahrgangsstufe (die Ernte liegt im Bereich Juni bis Juli). Dann sollten einerseits reinerbige und andererseits mischerbige Sorten verwendet werden, um nicht nur uniforme F₁-Erbsen zu erhalten (vergleichbar *Mendel in a Box*).

5.1 Klassische Genetik nach Gregor Mendel

(ca. 3 Stunden)

Im alten G9 lernten die Schüler die Klassische Genetik bereits in der Mittelstufe kennen und hatten keine Probleme damit. Seit dem G8 taucht dieses Thema erst in der Kursphase auf. Manche Kurse haben damit ebenso wenig Probleme wie die früheren Mittelstufenschüler. Aber in manchen Kursen stehen sich die Schüler selbst im Weg, sehen den Wald vor lauter Bäumen nicht und finden nur mühsam Zugang zum Thema. In so einem Fall muss behutsam und einfühlsam vorgegangen werden, auf jeden Fall nicht zu schnell und mit oftmaliger Evaluation.

Eine große Gefahr bei der Didaktik der Klassischen Genetik besteht darin, sich zu sehr auf die Kreuzungsschemata zu konzentrieren und dabei zu vernachlässigen, den Schülern ein klares Bild davon zu vermitteln, was eigentlich konkret bei den genetischen Versuchen gemacht wird.

Außerdem gibt es Schüler, die ihre Kreuzungsschemata zwar vollständig und korrekt zeichnen können, quasi als Automatismus, aber kaum eine Vorstellung davon haben, was die Symbole eigentlich bedeuten. Um diesem Problem abzuweichen, sollte man darauf bestehen, dass alle Symbole (schriftlich wie mündlich) von den Schülern benannt werden: „Genotyp der Körper- bzw. Keimzellen“, „Phänotyp“. Das kostet zwar Zeit und Disziplin, ist aber nach meiner Erfahrung ausgesprochen hilfreich.

*Wenn Ihre Schule noch alte **Wandkarten** zur Klassischen Genetik hat, auf denen nur die Phänotypen gezeigt werden, aber keine Genotypen, dann empfehle ich deren Einsatz, weil so ein selten bis nie eingesetztes Medium im Vintage-Stil Aufmerksamkeit erregt und methodisch sehr zielführend ist.*

Erklärvideo „Erbgänge“ (5:23)

https://studyflix.de/biologie/erbgange-6167?topic_id=172

Einsatz: aufgrund der hohen Informationsdichte und wegen der unten genannten Unschärfen im Unterricht kaum einsetzbar; zum eigenständigen Wiederholen nach der Besprechung zwar grundsätzlich gut geeignet, aber nur, wenn die genannten Unschärfen angesprochen werden.

Inhalt: Blutgruppe, Augenfarbe und Haarfarbe als Beispiele. Genorte werden auf nur einem Schwesterchromatid dargestellt. Genotyp, Phänotyp; homo-, heterozygot. Typen von Erbgängen, jeweils mit Kreuzungsschema: dominant-rezessiv (hier werden zwei verschiedene Buchstaben als Allelsymbole verwendet, es sollten aber die gleichen sein; als Beispiel dient Albinismus bei Mäusen, der im Beispiel als dominant angenommen wird, im Gegensatz zu den Tatsachen); intermediär (der LehrplanPLUS formuliert dafür „eingeschränkte Dominanz“); kodominant (Beispiel: gefleckte Fellfarbe bei heterozygoten Kaninchen; ich bin mir nicht sicher, ob ein Mosaik in der Ausprägung tatsächlich als kodominant bezeichnet wird; besser wäre das Beispiel Blutgruppen); gonosomale und autosomale Vererbung.

Erklärvideo „Mendel'sche Regeln – Einführung“ von simple biology(6:38)

<https://www.youtube.com/watch?v=12jycVC2rtg>

Einsatz: Für den Unterricht nur bedingt geeignet, gut geeignet dagegen der Abschnitt zu den Begriffen diploid und haploid sowie zu homo- und heterozygot. Zum Selbstlernen kaum geeignet, da teilweise etwas unzusammenhängend. Zum selbständigen Wiederholen geeignet, allerdings muss auf die Unschärfen aufmerksam gemacht werden

Inhalt: einfacher Erbgang, bei dem eine Eigenschaft nur durch 1 Gen bestimmt wird (das Beispiel Blütenfarbe passt dann also nicht so ganz, denn da steckt eine Genwirkkette dahinter); Begriffe Genotyp und Phänotyp; Gültigkeit der Mendelregeln für diploide Organismen mit haploiden Keimzellen (beide Begriffe werden sehr anschaulich erklärt und mit Beispielen illustriert); falscher Plural: es heißt Chromosomen, nicht Chromosome; Zunge einrollen ist definitiv durch mehr als 1 Gen bestimmt (das kommt im Video nicht heraus); Begriffe homo- und heterozygot werden erklärt und korrekt visualisiert.

Ab 3:48 Beispiele Samenfarbe und Blütenfarbe bei Erbsen (das rezessive Allel erhält einen anderen Buchstaben als das dominante, was nicht üblich ist, aber auf der gezeigten Briefmarke korrekt dargestellt ist); ab 4:50 intermediärer und kodominanter Erbgang.

Ab 5:22 Zusammenfassung

5.1.1 Methodik und Begriffe

Die Schüler haben in der Regel keine klare Vorstellung, wie Kreuzungsversuche ablaufen. Deshalb ist es notwendig, zunächst das Vorwissen über Blütenbau und Fortpflanzung bei Blütenpflanzen zu wiederholen und dann die Vorgehensweise bei den Erbsen-Kreuzungen ausführlich zu beleuchten.

a) Blütenbau und Fortpflanzung bei Pflanzen (Wiederholung)

Z. B. bearbeiten die Schüler ein Arbeitsblatt und stellen anhand eines Modells der Saaterbsenblüte die Blütenorgane und den Bestäubungsvorgang vor, auch wenn dieser Aspekt nicht ausdrücklich im LehrplanPLUS erwähnt wird.

Arbeitsblatt Wiederholung Blütenbau und Fortpflanzung bei Pflanzen [\[docx\]](#) [\[pdf aus scan\]](#)

„Genetik in Cartoons“ S. 40 f

Wesentliche Begriffe:

Kelchblätter, Kronblätter, Staubblätter mit Pollensäcken, Pollenkorn mit Spermienzelle, Stempel (Fruchtblatt) mit Narbe, Griffel und Fruchtknoten, Samenanlage mit Eizelle; Bestäubung, Befruchtung; Heranwachsen der Samenanlage zum Samen

b) Der Naturforscher Gregor Mendel (1822-1884)

Die Forscherpersönlichkeit Gregor Mendel sollte kurz (!) vorgestellt werden, ggf. in Form eines Schülerreferats mit klaren Vorgaben über Inhalt und Dauer. Folgende Gesichtspunkte halte ich dabei für wesentlich:

Gregor Mendel war Mönch im Augustinerkloster im böhmischen Brunn, wo er unterrichtete, im Klostergarten arbeitete und in seiner Freizeit Züchtungsversuche unternahm.

Im Gegensatz zu seinen Zeitgenossen hat Mendel nicht versucht, eine Fülle genetisch bedingter Merkmale gleichzeitig zu beobachten, sondern sein (primärer) Geniestreich bestand darin, sich zunächst nur **einem einzigen Merkmal** zu widmen (später dann gleichzeitig auch zweien) und dabei **reinerbige** Elternpflanzen einzusetzen. *(Ende des 20. Jahrhunderts wurden Mendels Methoden und Ergebnisse zwar angezweifelt, aber weitere Nachforschungen ergaben, dass ihm damals durchaus reinerbige Rassen zur Verfügung standen und dass er seine Ergebnisse nicht geschönt hat.)*

Mendel hat die Ergebnisse seiner 1856-1863 durchgeführten Forschung 1866 in der Zeitschrift des Naturforschenden Vereins in Brunn auf deutsch veröffentlicht und einzelne Exemplare davon an verschiedene Wissenschaftler verschickt. Sein Aufsatz blieb zwar nicht völlig unbeachtet, schlug aber keine Wellen, vor allem weil niemand die Brisanz seiner Aussagen erkannt hat. Das geschah erst im Jahr 1900 durch de Vries, Correns und Tschermak, die damals eigene Kreuzungsversuche durchführten, Mendels Arbeiten wiederentdeckten und dafür sorgten, dass sie allgemein bekannt wurden.

„Genetik in Cartoons“ S. 75

Erklärvideo „Gregor Mendel“ (4:27): <https://studyflix.de/deutsch/gregor-mendel-3444>

Bedeutung seiner Forschung, Lebenslauf, Experimente im Allgemeinen *(Ein Schülerreferat halte ich für interessanter, aber der Film ist ein brauchbarer Ersatz.)*

Erklärvideo „Grundbegriffe der Vererbung“ von simple biology (4:57)

<https://www.youtube.com/watch?v=LM1KY0yAmBU>

Einsatz: gute Darstellung, für Selbstlernen wie für Unterricht geeignet, aber die missverständlichen Aspekte in der Darstellung müssen angesprochen werden

Inhalt: Erbinformation auf der DNA, Darstellung eines Metaphase-Chromosoms, Gene und Allele (Kritik: das Gen für Haarfarbe sollte aber nicht ausgerechnet auf dem Zentromer sitzen; ab 0:46 sind die beiden Schwesterchromatiden unterschiedlich gefärbt, obwohl sie identische Erbinformation besitzen; ab 1:08 sind die Chromosomen von Vater und Mutter identisch gefärbt, sie unterscheiden sich in der Färbung ihrer Zentromere, das ist irreführend); gut formuliert: „Das Gen bestimmt das Was, das Allel bestimmt das Wie“. Ab 1:46 dominante und rezessive Allele; ab 2:08 Genotyp und Phänotyp, ab 2:40 homozygot und heterozygot; ab 3:12 Zusammenfassung am Beispiel; ab 3:53 Wiederholung.

Kritik an Gregor Mendel:

1902 kritisierte Walter Weldon, dass die von Mendel veröffentlichten Untersuchungsergebnisse viel näher an den theoretischen Werten lägen, als das beim Umfang seiner Stichproben zu erwarten sei. 1936 bestätigte Ronald Fisher diese Kritik, vermutete aber beschwichtigend, dass möglicherweise Hilfskräfte Mendels ein bisschen nachgeholfen haben könnten. Mendel hatte sieben Merkmale der Saaterbse untersucht und freie Kombinierbarkeit festgestellt, obwohl die Gene dafür auf nur vier Chromosomen verteilt sind. Es wird allgemein angenommen, dass Mendel „sauber“ gearbeitet und dabei (mit der Auswahl seiner Merkmalspaare) viel Glück gehabt hat. Aber selbst wenn er nach einer von ihm entwickelten Hypothese diejenigen Versuchsreihen, die nicht dazu gepasst haben, einfach weggelassen haben sollte, wäre es ein ungeheures Verdienst, so eine Hypothese überhaupt aufzustellen.

c) Die Methode von Gregor Mendel

Nach der Wiederholung des botanischen Grundwissens entwerfen die Schüler einen Versuchsaufbau zu einem Kreuzungsexperiment, z. B. gelbschalige mit grünschaligen Erbsen. Dabei werden Fehler und Lücken sichtbar, die im gemeinsamen Gespräch ausgeräumt werden, z. B. auf der Grundlage eines Informationstextes zu Mendels Methode mit der Saaterbse (Pisum sativum).

Im Rahmen dieser Diskussionen wird der Katalog der Fachbegriffe nach und nach erarbeitet. Dazu dient das doppelseitige Informationsblatt „Begriffe und Methode der klassischen Mendel-Genetik“.

Informationsblatt Begriffe und Methode der klassischen Mendel-Genetik [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

Alternativ stelle ich auch das Informationsblatt „Grundwortschatz der Klassischen Genetik“ zur Verfügung. Es wurde von den bayerischen Biologie-Seminarlehrkräften entwickelt und von mir ein wenig umgearbeitet. Ich würde den Schülern aber nur eines dieser Informationsblätter geben, nicht beide. Ich will Ihnen lediglich unterschiedliche Anregungen geben für die Formulierung eines eigenen Informationsblatts.

alternatives **Informationsblatt** Grundwortschatz der Klassischen Genetik [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

Wesentliche Aspekte:

- Aussaat von Erbsensamen im Frühjahr, Keimung, Wachstum der Erbsenpflanzen bis in den Sommer (P-Generation)
- Schutz der Blüten, von denen nur die Eizellen benötigt werden (Mutterpflanzen), vor unkontrollierter Eigen- und Fremdbestäubung (Entfernung der Staubblätter; Papiertüte über die Blüte stecken)
- Künstliche Bestäubung mit dem Pollen der anderen Erbsenrasse (Vaterpflanzen)

- Ernte der Hülsenfrüchte im Sommer, Auszählen der Erbsensamen (Die Samen enthalten die Embryonen der F₁-Generation)
- Aussaat der F₁-Erbsensamen im Frühling des Folgejahres usw.

Sinnvoll ist Veranschaulichung durch aussagekräftige Bilder, Naturmaterial bzw. Film.

Folgende **Fachbegriffe** sollten daraus abgeleitet bzw. wiederholt werden:

- das Merkmal (im Unterschied zur genetischen Information bezüglich eines Merkmals)
- reinerbige Rasse (reinerassig)
- P-, F₁-, F₂-Generation (Parental-, erste, zweite Filialgeneration)
- monohybrider Erbgang (nur 1 Merkmal wird betrachtet)

Damit hat Gregor Mendel als einer der ersten konsequent die Grundsätze der naturwissenschaftlichen Erkenntnisgewinnung berücksichtigt, die Mitte des 19. Jahrhunderts noch nicht allgemein anerkannt waren. Zudem war er einer der ersten Naturwissenschaftler, der statistische Methoden anwandte. (Das Buchner-Buch betont diese Aspekte in besonderem Maß, z. B. in M2 auf Seite 175.)

5.1.2 Der monohybride Erbgang

*Ich beschreibe im Folgenden ein **methodisches Konzept**, mit dem die Schüler die erste und zweite Mendelsche Regel selbständig aus dessen Ergebnissen ableiten und anschließend ebenfalls selbständig dessen Erklärung (2 Erbmerkmale pro Körperzelle, 1 Erbmerkmal pro Keimzelle) erarbeiten können.*

*Es ist üblich (und zielführend), als Modell für klassische Erbgänge Versuche von Gregor Mendel zu verwenden. Zunächst sollen dabei nur die **phänotypischen** Beobachtungen protokolliert werden. Dabei entsteht eine Skizze, mit deren Hilfe in einem zweiten Schritt eine **genotypische** Erklärung erarbeitet wird. Weitere Erbgänge werden in gleicher Weise (und Ausführlichkeit) protokolliert.*

Erst nach der Formulierung dieser Regeln folgt Mendels Interpretation auf der genotypischen Ebene, wenn auch mit den modernen Fachbegriffen, die erst weit nach Mendels Tod definiert worden sind.

*Mein Vorschlag für das Vorgehen ist induktiv. Er verwendet die modernen Begriffe Gen und Allel, wohingegen Gregor Mendel den Begriff „Erbeinheiten“ verwendet hat. Ich verzichte hier bewusst auf die Einbeziehung von Chromosomen, weil Mendel nicht wusste, dass sie die Träger der Erbinformation sind, sie vermutlich auch nicht gekannt hat. Deshalb sollten die Erklärungsvideos von **Studyflix** vorläufig nicht eingesetzt werden, sondern erst am Ende des Abschnitts 5.1, also nach der Besprechung der mono- und dihybriden Erbgänge.*

„Genetik in Cartoons“ S. 47-57

a) Legende

Zunächst werden das Untersuchungsobjekt, das untersuchte Merkmal, seine beiden Varianten sowie die Symbolik für den Phänotyp (hier: farbige Füllung in einem Kreis) vorgestellt und in einer Legende protokolliert:

Untersuchungsobjekt:	Saaterbse
untersuchtes Merkmal:	Farbe der Samenschale
Phänotyp:	gelbe Samenschale  ; grüne Samenschale 

Wenn der Fachbegriff Phänotyp noch nicht eingeführt worden ist (vgl. *Lernbereich 2.4: Neukombination und Veränderung genetischer Information*), dann muss dies hier erfolgen:

der Phänotyp (im engeren Sinn) = das betrachtete Merkmal / die betrachtete Merkmalskombination

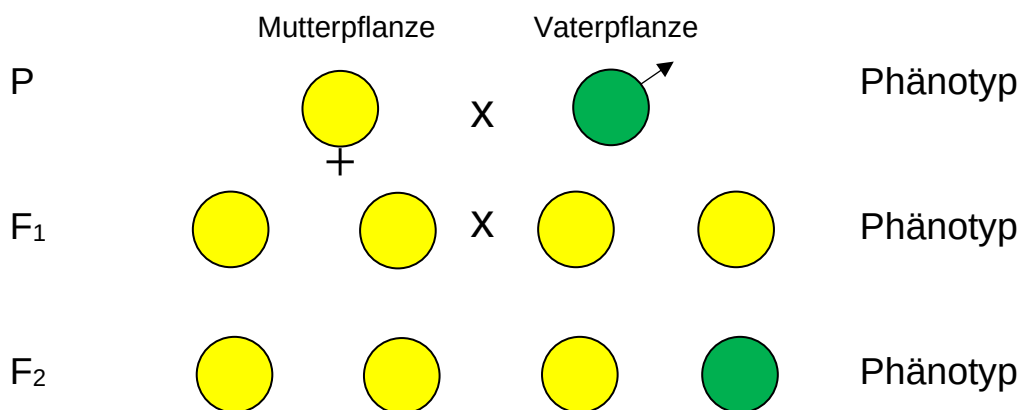
(der Phänotyp im weiteren Sinn = die Gesamtheit aller Merkmale eines Individuums)

b) Beobachtungen

Gregor Mendel begann mit seinen Kreuzungs-Experimenten im Jahr 1856. In einer Versuchsserie kreuzte er reinerbige Erbsensorten mit gelber bzw. grüner Samenschale miteinander. Alle Samen der 1. Filialgeneration, die er im Sommer erntete, waren gelb.

Im Jahr darauf kreuzte er die Erbsen der 1. Filialgeneration, die er aus den Samen vom Vorjahr zog, untereinander. Er zählte in der 2. Filialgeneration 6.022 gelbe und 2.001 grüne Samen. Das entspricht einer Aufspaltung im Verhältnis von ungefähr 3 : 1.

Die Schüler protokollieren diese Ergebnisse als **Kreuzungsschema**. Das X zeigt an, welche Pflanzen miteinander gekreuzt werden. In der P-Generation wird protokolliert, welche Pflanze die Ei- und welche die Spermienzellen liefert. Die Generationen werden mit den Kennbuchstaben P, F₁ und F₂ beschriftet. Die Beschriftung „Phänotyp“ auf Höhe der Körperzellen kann zu diesem frühen Stadium noch wegfallen, sollte im ausführlichen Kreuzungsschema aber nicht fehlen (s. u.).



c) Vererbungs-Regeln

Daraus lassen sich die ersten beiden **Mendel-Regeln** ableiten:

- **Uniformitätsregel:** Werden zwei reinerbige Rassen miteinander gekreuzt, die sich bezüglich eines Merkmals voneinander unterscheiden, so sind die Individuen der F₁-Generation untereinander gleich. (*uniformis*, lateinisch: gleichförmig)
- **Spaltungsregel:** Werden Individuen der F₁-Generation untereinander gekreuzt, so spalten sich die Phänotypen in der F₂-Generation in einem einfachen Zahlenverhältnis auf. Dabei tritt der in der F₁-Generation fehlende elterliche Phänotyp wieder auf.

NB: Man spricht nicht von Gesetzen, sondern von Regeln, weil sie nicht uneingeschränkt gültig sind. Beispielsweise stimmt die im nächsten Abschnitt erarbeitete Unabhängigkeitsregel nicht bei gekoppelten Genen bzw. können epigenetische Mechanismen Kreuzungs-Ergebnisse anders aussehen lassen als nach Mendel vorhergesagt.

Damit die Schüler nicht meinen, eine einzige Versuchsreihe wäre ausreichend, um daraus Regeln abzuleiten, sollte man unbedingt darauf hinweisen, dass Gregor Mendel die Vererbung von etlichen weiteren Merkmalen in gleicher Weise untersucht und dabei immer die gleichen Ergebnisse bekommen hat. Man könnte beispielsweise folgende Tabelle projizieren, die auf dem **Arbeitsblatt** zum statistischen Charakter der Vererbungsregeln wiedergegeben ist:

Organ	Merkmals-Variante 1	Samen in F ₂	Merkmals-Variante 2	Samen in F ₂	Verhältnis
Samenschale	glatt	5.474	runzlig	1.850	2,96 : 1
Samenschale	dunkel	705	weiß	224	3,15 : 1
Hülse	glatt	882	eingeschnürt	299	2,95 : 1
Hülse	grün	428	gelb	152	2,82 : 1
Stängel	lang	787	kurz	277	2,84 : 1

Arbeitsblatt Statistischer Charakter der Vererbungsregeln [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

d) Erklärung

Mendel hat für seine Beobachtungen eine Erklärung gefunden. Dies war sein zweiter Geniestreich, der seiner Zeit so weit voraus war, dass es jahrzehntelang keinen Wissenschaftler gab, der ihre Tragweite (und meist auch ihre Aussage) verstanden hätte. Das änderte sich erst um das Jahr 1900. Im Unterricht wird bei der Formulierung der Erklärung die moderne Fachsprache verwendet:

Aus Ergebnissen dieses Erbgangs folgt:

- In den Zellen der Individuen der F₁-Generation muss die Information für **gelbe** Samenschalen-Farbe vorhanden sein, weil die Schalen der Samen, aus denen sie gewachsen sind, gelb sind bzw. weil die meisten Samen, die sie selbst produzieren, gelbschalig sind.
- In den Zellen der Individuen der F₁-Generation muss aber auch die Information für **grüne** Samenschalen-Farbe vorhanden sein, weil ein Teil der Samen, die sie produzieren, grünschalig sind.

Daraus folgt: Die Information zu einem Merkmal liegt in den (Körper-)Zellen in **doppelter** Ausführung vor. Weil in der ersten Zelle eines Individuums (der Zygote) die Erbinformation der väterlichen sowie der mütterlichen Seite zusammengeführt werden, können die Keimzellen die Information zu einem Merkmal nur in **einfacher** Ausführung enthalten.

Nun werden folgende **Fachbegriffe** eingeführt, wenn sie nicht ohnehin schon bekannt sind:

- das Gen, -e = der Ausschnitt aus der Erbinformation, der die Information für ein bestimmtes Merkmal enthält (hier: die Farbe der Samenschale); *gennao*, griechisch: erzeugen
- das Allel, -e = die konkrete Variante eines Gens (hier: gelb bzw. grün); *allelon*, griechisch: einander, gegenseitig

- der Genotyp = die (betrachteten) Allele in einer Zelle

Es gibt erfahrungsgemäß immer wieder Schüler, die Probleme haben, die Begriffe Gen und Allel auseinander zu halten. Vielen Schülern hilft in diesem Fall eine Analogie aus der Informatik:

Informatik	Klassische Genetik
das Attribut in der Objektklasse Rechteck gibt es z. B. die Attribute Breite, Randlinienstärke oder Füllfarbe; für Zeichen in der Textverarbeitung gibt es das Attribut „kursiv“	das Gen z. B. das Gen „white“ bei Drosophila, das ein Protein codiert, welches für die rote Augenfarbe zuständig ist; beim Menschen gibt es ein Gen für die Hauptblutgruppen des AB0-Systems
der Attributwert z. B. kann die Breite des Rechtecks 4,3 cm betragen oder 7,8 cm das Attribut „kursiv“ hat zwei Attributwerte: „kursiv“ und „nicht kursiv“	das Allel Vom Drosophila-Gen „white“ sind 2 Allele bekannt: „white“ und „Wildtyp“; Vom Gen für die Hauptblutgruppen sind 3 Allele bekannt: A, B und 0.

Neue **Fachbegriffe**:

- homozygot = reinerbig: Körperzelle, in der bei einem Gen zwei Mal das selbe Allel auftritt; *homios*, griechisch: gleich; *zygotos*, griechisch: verbunden
- heterozygot = mischerbig: Körperzelle, in der bei einem Gen zwei unterschiedliche Allele auftreten; *heteros*, griechisch: der andere
- dominant: Merkmal, das bei heterozygoten Individuen im Phänotyp auftritt, das sich also durchsetzt (*dominare*, lateinisch: beherrschen); im Beispiel: gelbe Samenschale
- rezessiv: Merkmal, das bei heterozygoten Individuen im Phänotyp nicht auftritt, das also zurücktritt (*recedere*, lateinisch: zurück weichen); im Beispiel: grüne Samenschale
- Anwendung der Begriffe dominant und rezessiv auch im Genotyp: das dominante Allel, das rezessive Allel
- daraus abgeleitet: homozygot dominant / homozygot rezessiv

e) Erweitertes Kreuzungsschema

Die neu gewonnenen Erkenntnisse (Körperzellen enthalten von jedem Gen 2 Allele, Keimzellen dagegen nur 1 Allel; reinerbige Zellen besitzen zwei Exemplare des selben Allels) werden in das Schema der Phänotypen-Abfolge eingearbeitet (dazu eine neue Skizze anlegen). Die Genotypen der Körper- und Keimzellen werden mit Buchstabensymbolen benannt.

Dazu müssen als erstes die Allelsymbole in der **Legende** ergänzt werden:

Genotyp:	Gen für Farbe der Samenschale
	Allel 1, dominant: gelb; Symbol: G
	Allel 2, rezessiv: grün; Symbol: g

Es ist üblich, dominante Allele mit Großbuchstaben (Majuskeln) und rezessive Allele mit Kleinbuchstaben (Minuskeln) zu kennzeichnen; dabei wird der selbe Buchstabe verwendet, um zu zeigen, dass beide Allele zum selben Gen gehören.

Grundsätzlich lassen sich dafür alle Buchstaben frei einsetzen, es sei denn, Majuskel und Minuskel sind handschriftlich so ähnlich, dass sie nicht eindeutig auseinander gehalten werden

können wie bei C, O, U, X, Y oder Z (sowie bei vielen Schülern auch N, M oder W). Im Kasten oben wurde der Buchstabe G gewählt, weil er der Anfangsbuchstabe sowohl von „gelb“ als auch von „grün“ ist.

Bei der Erstellung des vollständigen Kreuzungsschemas folgt man Schritt für Schritt den folgenden Überlegungen, mit denen Mendels Argumentation nachvollzogen wird:

Körperzellen der P-Generation:

- Körperzellen enthalten von jedem Gen zwei Allele.
- Die elterlichen Individuen sind homozygot, enthalten also zwei mal das selbe Allel.
- Der Phänotyp wird angegeben (hier: Füllfarbe der Kreise; Beschriftung am Rand).

Keimzellen der P-Generation:

- Die Herkunft der Keimzellen aus einer elterlichen Körperzelle kann mit Strichen gekennzeichnet oder in ein Kreuzungsquadrat eingetragen werden.
- Keimzellen enthalten pro Gen nur 1 Allel.
- Jedes der beiden Allele einer elterlichen Körperzelle wird je einer Keimzelle zugeordnet.

Körperzellen der F₁-Generation:

- Je eine Eizelle und eine Spermienzelle vereinen sich. Jede dabei denkbare Kombination wird in das Kreuzungsschema oder -quadrat eingetragen.
- Um Fehlerquellen zu vermeiden, sollten die Striche, die solche Kombinationen anzeigen, immer in der gleichen Reihenfolge angelegt werden, z. B.: linke Eizelle mit linker Spermienzelle; linke Eizelle mit rechter Spermienzelle; rechte Eizelle mit linker Spermienzelle; rechte Eizelle mit rechter Spermienzelle.
- In die Körperzellen der F₁-Generation werden die Allel-Kombinationen eingetragen; dabei steht das dominante Allel links, das rezessive rechts (Gg).
- Der Phänotyp wird angegeben (hier: Füllfarbe der Kreise; Beschriftung am Rand).

Keimzellen der F₁-Generation:

- Jedes der beiden Allele einer elterlichen Körperzelle wird je einer Keimzelle zugeordnet. (Weil alle Individuen der F₁-Generation heterozygot und damit untereinander gleich sind, genügt es, wenn die Keimzellenbildung nur bei zwei Individuen berücksichtigt wird.)

Körperzellen der F₂-Generation:

- Je eine Eizelle und eine Spermienzelle vereinen sich. Jede dabei denkbare Kombination wird in das Kreuzungsschema eingetragen.
- Der Phänotyp wird angegeben (hier: Füllfarbe der Kreise; Beschriftung am Rand).

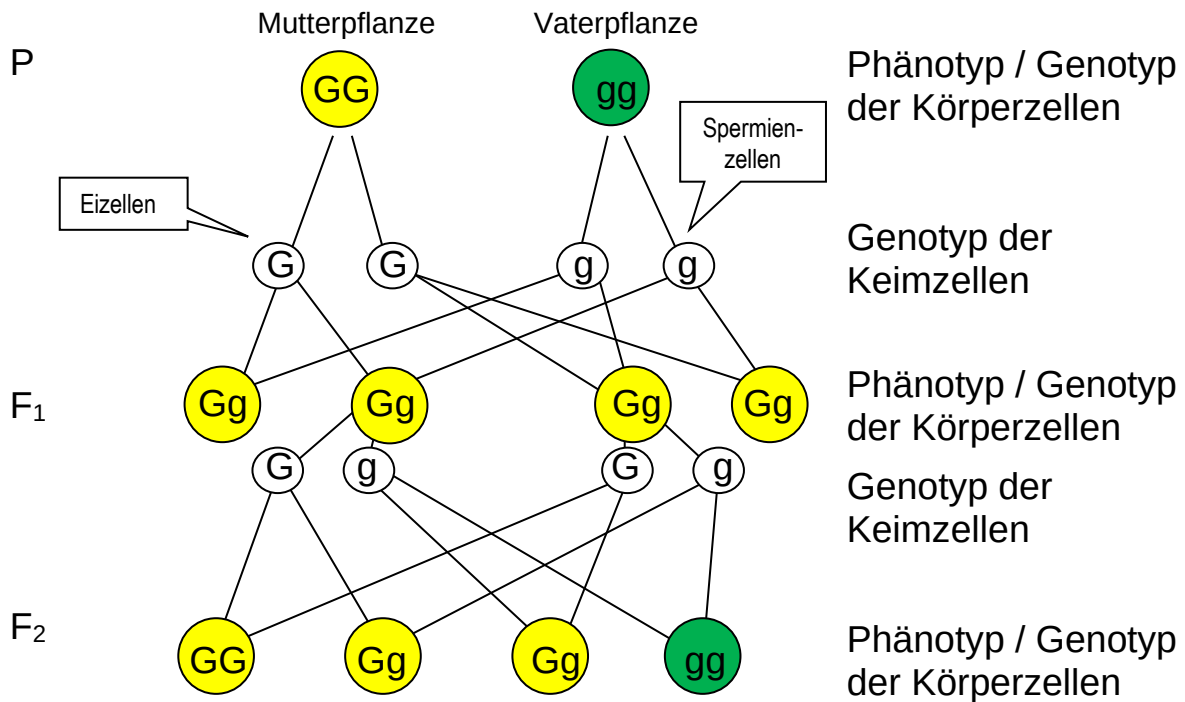
Ich zeige im Folgenden ein Vererbungsschema mit Strichen, weil es direkt aus der oberen Darstellungsweise abgeleitet wird und weil die Wege der Allel-Weitergabe zu sehen sind. Wenn der Sachverhalt klar geworden ist, kann auch auf die weniger aufwendige Schreibweise des Kreuzungsquadrats übergegangen werden. In jeden Fall soll eine Legende angelegt werden:

Objekt: Saaterbse

Merkmal: Farbe der Samenschale

Phänotypen:  gelbe,  grüne Samenschale

Genotypen: Allel 1 (gelb), dominant: G
Allel 2 (grün), rezessiv: g



Zahlenverhältnis der Phänotypen: gelb : grün = 3 : 1

Zahlenverhältnis der Genotypen: GG : Gg : gg = 1 : 2 : 1

Die Allelsymbole können anstatt in die Kreise auch unter die Kreise geschrieben werden.

Es ist sehr hilfreich, wenn die Schüler jedes Kreuzungsschema vollständig beschriften, damit allen klar wird, was die Kreise und Buchstaben zu bedeuten haben. Sonst besteht die Gefahr, dass die Schemata zu einem reinen Formalismus verkommen, dessen Inhalt nicht wirklich verstanden wird.

Die Schüler sollen so ein Kreuzungsschema auch **verbalisieren**. Beim Verlesen der Allelsymbole nicht: „Ge Ge“, sondern z. B. „groß G, klein G“. Dabei Formulierungen wie „F₁ hat / ist groß G, klein G“ vermeiden; besser: „In F₁ haben die Körperzellen die Allele groß G, klein G.“ Zusätzlich sollen die Schüler stets die **Genotypen benennen**: homozygot dominant, heterozygot, homozygot rezessiv, z. B.: „Die Individuen bzw. die Körperzellen der F₁-Generation sind heterozygot.“

Daran schließen sich mindestens eine, besser zwei Übungsaufgaben an, in denen das Kreuzungsschema zu monohybriden Erbgängen eingeübt wird, z. B. die Aufgaben 1, 4.1 und 4.2 auf dem **Arbeitsblatt** „Aufgaben zur Klassischen Genetik“ (klassische Kreuzungen; in Aufgabe 1.3 Fallunterscheidung für eine Kreuzung innerhalb von F₂).

Wenn die Schüler einigermaßen sicher in der Anlage solcher Kreuzungsschemata sind, sollten Transferaufgaben gestellt werden, bei denen aus den Ergebnissen der F₁-Generation auf die Genotypen der P-Generation geschlossen wird, unter denen dann auch ein heterozygoter sein kann (Aufgaben 2 und 3).

Arbeitsblatt Aufgaben zur Klassischen Genetik [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

5.1.3 Der dihybride Erbgang

Erst wenn die Schüler den monohybriden Erbgang ausreichend eingeübt und verstanden haben, wird zum dihybriden Erbgang übergegangen, bei dem zwei Merkmale betrachtet werden.

Um das Vorwissen der Schüler optimal zu nutzen, aber auch aus wissenschafts-historischen Gründen bietet sich als einführendes Beispiel Mendels Versuch mit gelb-glatten bzw. grün-runzligen Erbsensamen an.

Alternativ kann auch die Aufgabe auf dem **Arbeitsblatt** „Dihybrider Erbgang bei Erbsen“ zur Einführung verwendet werden (mit den Merkmalen: Länge des Stängels / Blütenstand bei der Saaterbse.)

Arbeitsblatt Dihybride Vererbung bei Erbsen [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

Methodik: Entweder werden die Beobachtungen von Gregor Mendel bezüglich des Phänotyps in der F₁-Generation bekannt gegeben, aus denen die Schüler die Art der Vererbung bestimmen, oder es wird deduktiv vorgegangen, indem die Art der Vererbung vorgegeben wird und die Schüler vorhersagen, was Mendel beobachtet haben müsste.

Als erstes wird – wie immer – die **Legende** angelegt (die Angaben zu dominant / rezessiv bzw. die Allelsymbole erst nach der Auswertung der Versuchsergebnisse):

Untersuchungsobjekt: Saaterbse

Merkmal 1: Farbe der Samenschale

Phänotyp 1: gelbe Samenschale  ; grüne Samenschale 

Genotyp 1: Gen für Farbe der Samenschale
 Allel 1.1, dominant: gelb; Symbol: G
 Allel 1.2, rezessiv: grün; Symbol: g

Merkmal 2: Oberfläche der Samenschale

Phänotyp 2: glatte Samenschale  ; runzlige Samenschale 

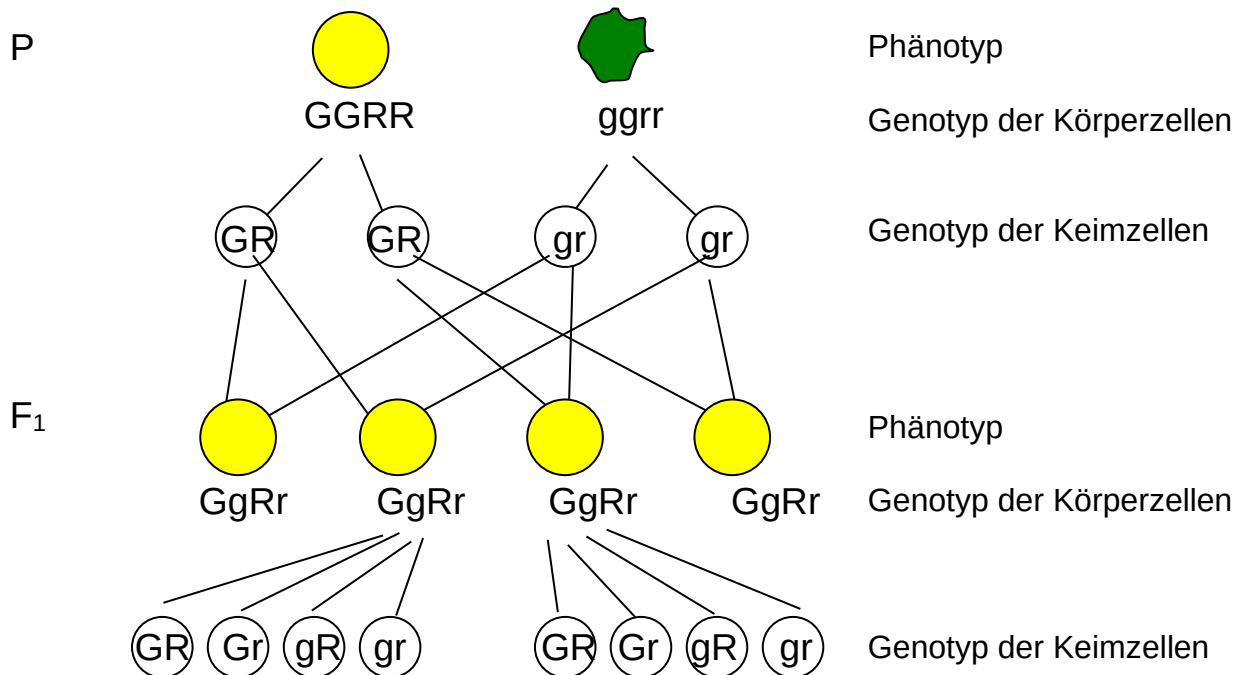
Genotyp 2: Gen für Oberfläche der Samenschale
 Allel 2.1, dominant: glatt (rund); Symbol: R
 Allel 2.2, rezessiv: runzlig; Symbol: r

Damit die Schüler das **Kreuzungsschema** von Anfang an korrekt anlegen, müssen die **Regeln** dafür festgelegt werden:

- Im dihybriden Erbgang wird die Reihenfolge der Gene in der Legende festgelegt und dann strikt eingehalten (bei den Genotypen der Körper- und Keimzellen).
- Bei den Körperzellen werden zuerst beide Allele von Gen 1 und dahinter beide Allele von Gen 2 geschrieben.
- Im heterozygoten Zustand steht das dominante Allel links, das rezessive rechts.

Zunächst wird das Kreuzungsschema von der P- bis zur F₁-Generation angelegt. Weil in der Innenfläche der hier gewählten Phänotyp-Symbole nicht genügend Platz für die 4 Allele der Körperzellen ist, wird der Genotyp darunter geschrieben. Beim ersten Mal ist es hilfreich, wenn

die Keimzellen der F_1 -Generation ausführlich abgeleitet werden (wie hier dargestellt); dieser Schritt kann später weggelassen werden.



Bevor die Genotypen der Keimzellen in der F_1 -Generation notiert werden, formulieren die Schüler Hypothesen über die Phänotypen der F_2 -Generation unter Beachtung der Spaltungsregel. Dann wird das reale Versuchs-Ergebnis bekannt gegeben und daraus geschlossen, dass die Allele frei kombinierbar sind und deshalb nicht zwei, sondern vier Genotyp-Varianten in den Keimzellen auftreten.

Den Schülern wird schnell klar, dass sie die Kreuzung der Keimzellen aus der F_1 -Generation nicht in gleicher Weise darstellen können wie zuvor, weil sonst zu viele Verbindungsstriche kreuz und quer gehen würden. Stattdessen werden die Genotypen der Ei- und Spermienzellen in ein **Kreuzungsquadrat** eingetragen. Es ist darauf zu achten, dass die Reihenfolge der Genotypen bei Eizellen und Spermienzellen gleich ist. Dadurch ergibt sich im Kreuzungsquadrat eine **Symmetrieachse** von links oben nach rechts unten, die eine Kontrolle der Genotypen der F_2 -Generation sehr erleichtert und Fehler vermeidet. (Außerdem ist das Schema so wesentlich schneller zu korrigieren.) Die Symmetrieachse ist in der folgenden Abbildung durch eine gestrichelte Linie verdeutlicht, wird aber im Unterricht nicht eingezeichnet.

Im folgenden Kreuzungsquadrat werden willkürlich die Genotypen der Spermienzellen in die obere Zeile und die der Eizellen in die linke Spalte geschrieben. Bei der Zusammenstellung der Genotypen der Körperzellen ist Konzentration gefragt!

		Spermienzellen der F ₁ -Generation			
		GR	Gr	gR	gr
Eizellen der F ₁ -Generation	♀ \ ♂				
	GR	GGRR 	GGRr 	GgRR 	GgRr 
	Gr	GGRr 	GGrr 	GgRr 	Ggrr 
	gR	GgRR 	GgRr 	ggRR 	ggRr 
	gr	GgRr 	Ggrr 	ggRr 	ggrr 
		F ₂ -Generation: Genotyp der Körperzellen, Phänotyp			

Zahlenverhältnis der Phänotypen:

$$: \text{yellow circle} : \text{yellow star} : \text{green circle} : \text{green star} = 9 : 3 : 3 : 1$$

Aus diesem Ergebnis wird die **dritte Mendelregel** abgeleitet:

- **Unabhängigkeitsregel:** Im dihybriden Erbgang treten in der F₂-Generation neben den Phänotypen der P-Generation neue Merkmalskombinationen im Phänotyp auf. Die Erbinformation für die verschiedenen Merkmale wird unabhängig voneinander vererbt und ist deshalb frei kombinierbar (Regel der freien Kombinierbarkeit).

Hinweis: Die Saaterbse besitzt 7 Kopplungsgruppen. Deshalb ist die Wahrscheinlichkeit relativ groß, dass zwei Merkmale, die Mendel gleichzeitig betrachtete, auf verschiedenen Kopplungsgruppen liegen. Allerdings hat er insgesamt 7 Merkmalspaare untersucht, die auf nur 4 dieser Kopplungsgruppen liegen. Er hatte also auch Glück, die richtigen Kombinationen auszusuchen, für die die Unabhängigkeitsregel tatsächlich gilt.

Fakultativ: phänotypische Erklärung der Oberflächenform

Kohlenhydrate liegen bei glatten Erbsen vor allem als Stärke vor, bei runzligen vor allem als freier Zucker (Mono-, Disaccharide). Bei runzligen Erbsen wurde ein Enzymmangel festgestellt, der bewirkt, dass zu wenig Zucker in Stärke umgewandelt wird. Im Gegensatz zu Stärke lagert freier Zucker viel Wasser ein. Beim Trocknen verlieren die stark wasserhaltigen Samen viel Wasser und werden dadurch runzlig.

[Nach natura Genetik und Immunbiologie, Klett 1999, S. 19]

Häufige Fehlerquellen:

- Die Schüler verzichten auf die Legende bzw. legen die Allele und ihre Symbole falsch fest.
- Die Striche zwischen Keimzellen und Körperzellen der nächsten Generation sind nicht konsequent eingetragen und führen evtl. zu falschen Genotypen in der Folgegeneration.*
- Eine Keimzelle wird drei Mal, die benachbarte nur ein Mal verwendet.*
- Fehler im Kreuzungsquadrat, weil die Gameten-Typen nicht beide Male in der gleichen Reihenfolge geschrieben werden.
- Keimzellen des selben Individuums werden miteinander gekreuzt.

* Dies sind Probleme, die beim Kreuzungsquadrat in dieser Weise nicht auftreten. Die Darstellung mit Strichen hat aber den Vorteil, dass die Weitergabe der Allele als Weg sichtbar wird.

Allgemeines Wissen zum Bearbeiten von Kreuzungsaufgaben:

- Anzahl der Erbgänge: mono-, di-, tri-hybrid
- Art der Erbgänge: dominant-rezessiv; eingeschränkte Dominanz (kommt erst bei 5.2.1)
- Rolle der Allele und Allelsymbole (Legende): A und a im dominant-rezessiven Erbgang; zwei unterschiedliche Kleinbuchstaben oder a^x und a^y im Erbgang mit eingeschränkter Dominanz (5.2.1)
- Bestimmung der möglichen Genotypen anhand der Phänotypen
- Kreuzungsschema: führt zu Genotypen der Folgegeneration
- Bestimmung der Phänotypen der Folgegeneration anhand der Genotypen
- Bestimmung des Zahlenverhältnisses in der Folgegeneration

5.1.4 Erklärung mit Chromosomen (fakultativ)

Bisher wurden die Versuchsergebnisse allein mit den (modernen) klassisch-genetischen Begriffen Gen und Allel interpretiert. Das entspricht etwa dem Wissensstand von Gregor Mendel, der allerdings „Erbeinheiten“ dazu sagte. Weil es Schüler geben mag, denen das noch etwas zu abstrakt erscheint, ist es sinnvoll, die Vorgänge auch mit Begriffen der Zytologie zu betrachten, also unter dem Gesichtspunkt, dass die beiden Allele eines Gens auf den beiden homologen Chromosomen sitzen. Damit kann an das Vorwissen über die Meiose angeknüpft werden. Dazu passen Filme von Studyflix, die den Schülern gleichzeitig als Wiederholung dienen und ggf. zu klären vermögen, was noch unverstanden ist:

Die folgenden drei Filme von **Studyflix** zu den Mendelregeln beziehen sich auf die oben dargestellte Vererbung bei der Saaterbse. Anstelle der Darstellung mit Verbindungsstrichen wird durchgehend das Kombinationsquadrat eingesetzt (eine zulässige alternative Darstellungsweise). Die Herleitung erfolgt klar und übersichtlich und eignet sich deshalb auch zur häuslichen Nachbereitung (die wenigen heiklen Punkte bei den Filmen werden im Folgenden genannt): Die Allele werden durchgehend als farbige Abschnitte auf Chromosomen dargestellt.

Als zweites Beispiel dient die Augenfarbe des Menschen als Beispiel; das ist insofern etwas unglücklich gewählt, als die Augenfarbe von mehreren Genen bestimmt wird (polygenes Merkmal).

In allen drei Filmen werden die Allele jeweils nur auf einem der beiden Schwesterchromatiden dargestellt. Wenn die Filme verwendet werden, sollte klar gestellt werden, dass das gleiche Allel immer auf beiden Schwesterchromatiden liegt. (Vielleicht bemerkt ja ein Schüler die Unstimmigkeit von selbst.) Davon abgesehen liegen die Chromosomen in Keimzellen ohnehin 1-chromatidig vor.

Erklärvideo „1. Mendelsche Regel (Uniformitätsregel)“ (4:54)

<https://studyflix.de/biologie/1-mendelsche-regel-uniformitaetsregel-2651>

Erklärvideo „2. Mendelsche Regel (Spaltungsregel)“ (4:37)

<https://studyflix.de/biologie/2-mendelsche-regel-spaltungsregel-2652>

(Beim Kombinationsquadrat wird der heterozygote Genotyp einmal Gg und einmal gG geschrieben und anschließend einheitlich auf Gg gebracht.)

Erklärvideo „3. Mendelsche Regel (Unabhängigkeitsregel)“ (4:11)

<https://studyflix.de/biologie/3-mendelsche-regel-unabhaengigkeitsregel-2653>

(Unglückliche Formulierung am Anfang: „Was passiert eigentlich, wenn mehr als zwei Merkmale vererbt werden, also zum Beispiel die Augenfarbe und Haarfarbe?“ Es werden beim Menschen immer sehr viele Merkmale vererbt, aber in diesem Fall werden eben zwei davon betrachtet.) Etwas verwirrend ist, dass zuerst beide Gene auf dem selben Chromosom platziert werden, das eine auf dem einen, das andere auf dem anderen Schwesterchromatid. Erst später wird dargestellt, dass die beiden Gene auf zwei verschiedenen Chromosomen verortet sind. Damit sollten die Schüler nicht alleine gelassen werden.

Erklärvideo „Monohybrider Erbgang“ (3:10)

<https://studyflix.de/biologie/monohybrider-erbgang-5354>

Beispiel: gelbe und grüne Samenschalenfarbe bei der Saaterbse. Darstellung ohne Chromosomen und ohne Kombinationsquadrate, insgesamt sehr kompakt und deshalb nicht zur Erarbeitung, wohl aber zur abschließenden Zusammenfassung geeignet. Sprachliche Unschärfen: „ein einziges Merkmal vererbt und betrachtet“ (nur betrachtet!); in F2 erhält man „3 gelbe und 1 grüne Erbse“ (statt drei mal so viele gelbe wie grüne Erbsen).

*Es müssen im Anschluss unbedingt weitere **Übungsaufgaben** zur dihybriden Vererbung bearbeitet werden. Beispiele dafür finden Sie auf dem **Arbeitsblatt** „Klassische Genetik – Aufgaben“ (Aufgaben 4.2, 4.3 und 4.4) sowie auf dem **Arbeitsblatt** „Dihybrider Erbgang bei Erbsen“.*

Das **Arbeitsblatt** „*Fachsprache Klassische Genetik*“ dient den Schülern zur **Selbstevaluation** und kann eventuell noch bestehende Unsicherheiten aufdecken. Es sollte erst nach vollständiger Besprechung der Klassischen Mendelgenetik eingesetzt werden.

Arbeitsblatt Fachsprache Klassische Genetik [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

Auf dem **Informationsblatt** „Beispiele für Erbgänge“ finden Sie weiteres Material für Übungs- und Prüfungsaufgaben:

Informationsblatt (für die Lehrkraft): Beispiele für Erbgänge [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

5.2 Erweiterungen der klassischen Genetik

(gA: ca. 3 Stunden; eA: ca. 3,5 Stunden)

Bei den Kompetenzerwartungen steht im LehrplanPLUS: „Die Schülerinnen und Schüler beschreiben die Veränderung des Wissens und die Bedeutung neuer Erkenntnisse bei der Erklärung von biologischen Phänomenen am Beispiel der Aufdeckung von Gesetzmäßigkeiten der Vererbung.“

Mendels Ergebnisse blieben jahrzehntelang praktisch unbeachtet. 1909 beschrieb Carl Correns die Vererbung der Blütenfarbe bei der Wunderblume und brachte damit die Vererbung mit unvollständiger Dominanz als neues Element ein. Es ist wesentlich, dass die Schüler nicht den Eindruck haben, ursprüngliche Ergebnisse der Forschung würden durch spätere Ergebnisse außer Kraft gesetzt. Vielmehr erweitern sie das Modell von Mendel.

*Der LehrplanPLUS nennt konkret bestimmte Erweiterungen der klassischen Genetik; sie stellen also verbindliche Unterrichtsinhalte dar. Sie werden im Folgenden thematisiert. Andere Phänomene nennt der LehrplanPLUS dagegen **nicht** (wenn diese im Lehrbuch aufscheinen, dann nur für über den Lehrplan hinaus gehende Zwecke wie vom Kurs erwünschte zusätzliche Vertiefung oder zur **Begabtenförderung**:*

- additive Polygenie (war im G8-Lehrplan noch drin)
- Polyphänie (schon lange aus dem Lehrplan verschwunden)
- Epistasie
- Rückkreuzung
- gonosomale Vererbung außerhalb des Menschen (z. B. Drosophila), bei der die reziproke Kreuzung eine bedeutende Rolle spielt
- Mitochondriale Vererbung

5.2.1 Unvollständige Dominanz

Unter diesem Stichwort findet man keinen Eintrag bei Wikipedia, dieses Phänomen wird dort (immer noch) als intermediäre Vererbung bezeichnet. Die etwas umständlichere neue Formulierung nimmt darauf Rücksicht, dass der Phänotyp der Heterozygoten nicht immer genau in der Mitte zwischen den Phänotypen der Homozygoten liegt, sondern irgendwo dazwischen.

Das übliche Beispiel im Unterricht ist die **Wunderblume** (*Mirabilis jalapa*), bei der drei Varianten der Blütenfarbe auftreten: rot, rosa und weiß. Rosa ist dabei die Mischfarbe aus Rot und Weiß und zwar mit 50%iger Dominanz. (Correns, 1909)

Das Auftreten von drei Phänotyp-Varianten beim gleichen Merkmal ist ein sicheres Kennzeichen für eine Vererbung mit unvollständiger Dominanz, sofern sich diese drei Varianten in einer Reihe anordnen lassen: Die Variante zwischen den beiden Extremen ist der Phänotyp der Heterozygoten. (Die Formulierung: „Heterozygote zeigen gemischte Merkmalsausprägung“ ist falsch! Zwar ergibt sich im Malkasten Rosa, wenn Rot und Weiß vermischt werden, in der Genetik liegt aber ein eigener dritter Phänotyp vor.)

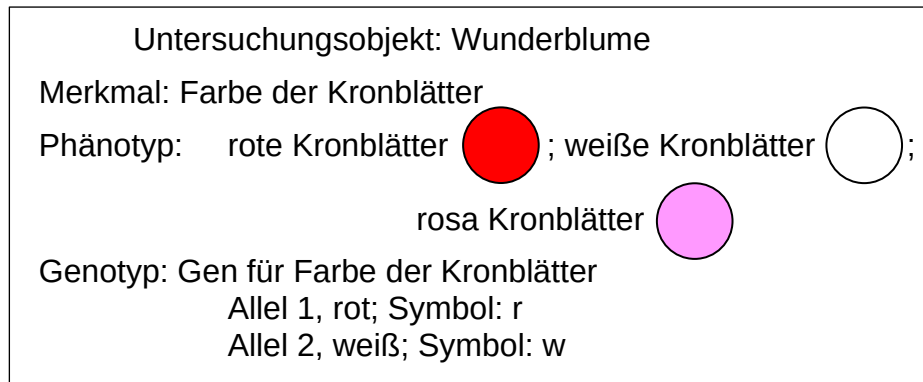
Beim Erstellen der **Legende** ist zu beachten, dass bei Vererbung mit eingeschränkter Dominanz stets nur Kleinbuchstaben (Minuskeln) als Allelsymbole verwendet werden. Schüler machen bisweilen den Fehler, für die Mischform einen dritten Buchstaben zu vergeben (das ist deshalb erheblich, weil es zeigt, dass der Schüler die Kombination der Allele nicht verstanden hat). Für die Schreibweise gibt es Varianten:

- zwei unterschiedliche Minuskeln, z. B. r für rot und w für weiß
- wie bei der dominant-rezessiven Vererbung ein Buchstabe (z. B. a), bei dem die Allelsymbole rechts hochgestellt geschrieben werden, z. B. a^r für rot und a^w für weiß (diese Schreibweise wird im Buchner-Buch verwendet)

Bei Vererbung mit eingeschränkter Dominanz kann immer direkt vom Phänotyp auf den Genotyp geschlossen werden (während bei der dominant-rezessiven Vererbung Träger der dominanten Merkmals-Variante sowohl homozygot dominant als auch heterozygot sein können).

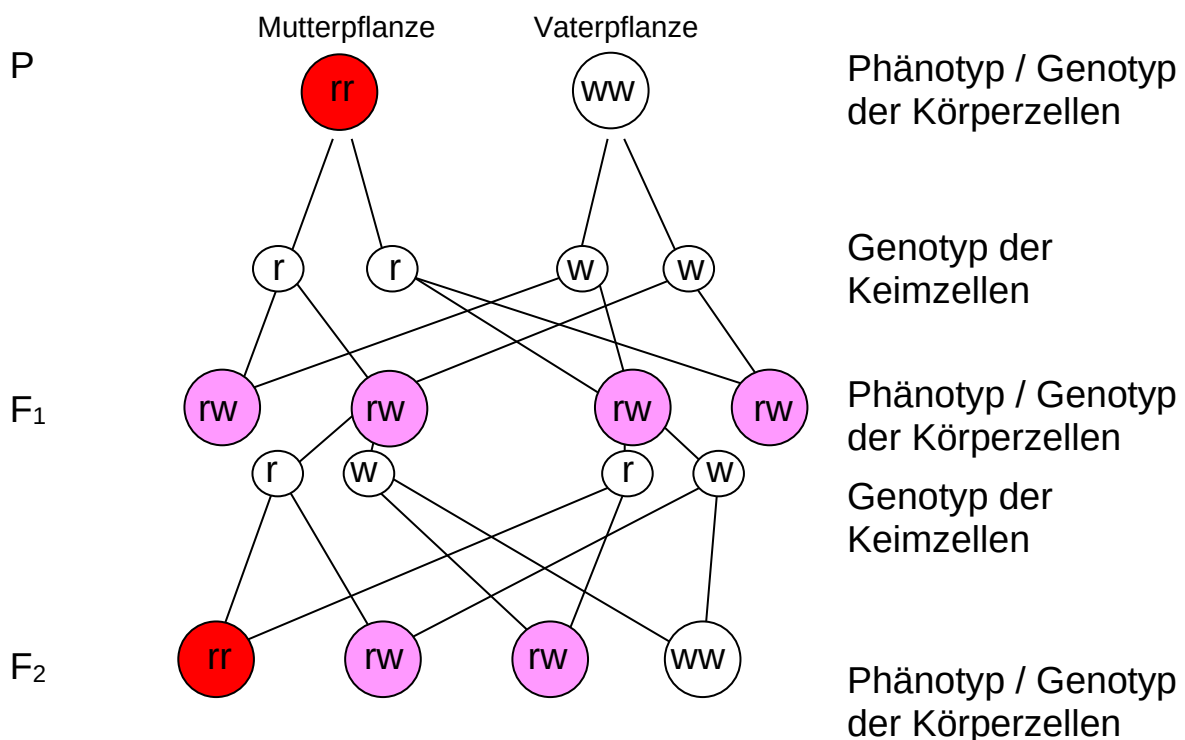
Rotblühende werden mit weißblühenden Wunderblumen gekreuzt. Die Kronblätter in den Blüten der F₁-Generation sind rosa.

Legende:



Für manche Schüler kann es hilfreich sein, wenn sie die 3 möglichen Genotypen der Körperzellen ebenfalls in der Legende angeben.

Im **Kreuzungsschema** ist die Reihenfolge der Allelsymbole konsequent einzuhalten (hier: erst Allel r, dann Allel w. Diese Reihenfolge kann willkürlich festgelegt, muss aber dann beibehalten werden.)



Zahlenverhältnis der Phänotypen: rot : rosa : weiß = 1 : 2 : 1

Die Schüler beurteilen, ob die 1. und die 2. Mendelregel bei diesem Erbgang erfüllt sind (sie sind es, nur ist das Zahlenverhältnis der Phänotypen in F₂ ein anderes als beim dominant-rezessiven Erbgang).

Erklärvideo „Intermediärer Erbgang“ (4:08)

<https://studyflix.de/biologie/intermediarer-erbgang-2743>

Beispiel: Blütenfarbe bei der Wunderblume. Darstellung mit Chromosomen (bei denen sich das entsprechende Allel fälschlich nur auf einer der beiden Schwesterchromatiden befindet; s. o.). Davon abgesehen klar dargestellt.

Fakultativ: Erklärung auf molekularbiologischer Ebene

Das Allel r enthält die Information für den Bau eines Enzyms, das zur Herstellung des roten Blütenfarbstoffs nötig ist. Eine Blütenzelle mit zwei Allelen r erzeugt die doppelte Menge an Enzym und damit auch an Blütenfarbstoff im Vergleich zu einer Zelle mit nur einem Allel r. Für das Allel w gibt es kein funktionierendes Genprodukt.

Weitere Beispiele sollten in Übungsaufgaben bearbeitet werden. Bei Vorgabe der Phänotypen sollen die Schüler erkennen, dass es sich um eine Vererbung mit eingeschränkter Dominanz handelt (weil drei abgestufte Varianten des Phänotyps vorliegen), und die jeweiligen Genotypen festlegen.

*Wenn zuvor in einer Übungsaufgabe ein dihybrider Erbgang bearbeitet worden ist, bei dem ein Erbgang dominant-rezessiv, der andere mit eingeschränkter Dominanz erfolgt, dann kann dieser Aufgabentyp auch als Prüfungsaufgabe gestellt werden (dies sollte aber dem Kurs mit erhöhtem Anforderungsniveau vorbehalten bleiben). Aufgabe auf dem **Arbeitsblatt** „Aufgaben zur Klassischen Genetik“*

Auf dem **Informationsblatt** Beispiele für Erbgänge finden Sie weiteres Material für Übungs- und Prüfungsaufgaben [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

5.2.2 Kodominanz

Das klassische Beispiel bilden die Hauptblutgruppen des AB0-Systems (sprich: A-Be-Null) und werden vom LehrplanPLUS an dieser Stelle ausdrücklich verlangt.

Eventuell ist das AB0-System in der 9. Klasse beim Thema Genetik bereits aufgetaucht (Abschnitt 2.2.5 Der Zellzyklus) oder in der 10. Klasse beim Thema Blut (2.3.4.5 Organspende). Aber auch dann schadet eine Wiederholung nicht. Zunächst sollte die Forschung von Karl Landsteiner und seinen Mitarbeitern vorgestellt werden, die viele Menschenleben gerettet hat. Dann werden die molekularbiologischen Grundlagen geklärt (Antigene und ihre Allele). Ich führe hier relativ viele Details auf; Sie entscheiden, was Sie davon verwenden wollen.

Arbeitsblatt Vererbung der Blutgruppen [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

Das Arbeitsblatt enthält einen Informationstext zu den Blutgruppen und ihren molekularen Grundlagen, die unten stehende Verklumpungstabelle von Landsteiner sowie Aufgaben dazu.

a) Blutverlust und Bluttransfusion

Tödliche Blutverluste: Vor allem im Krieg treten viele starke Verletzungen auf, bei denen die Soldaten (wie auch die Zivil-Bevölkerung) starke Blutverluste erleiden, die oft tödlich verlaufen, wenn die Opfer kein Spenderblut erhalten. Auch bei Geburten kam es vor, dass Mütter durch starke Blutungen tödliche Blutverluste erlitten.

Transfusionsversuche im 19. Jahrhundert: Im 19. Jahrhundert wurden intensive Versuche zur Blut-Transfusion unternommen. Dabei stellte sich heraus, dass die Zufuhr von Blut anderer Säugetiere (Schweine, Hunde usw.) dabei ebenso zum Tod des Verletzten führte wie das Blut mancher Menschen. Allerdings glückte die Transfusion menschlichen Bluts in etwa der Hälfte der Fälle. Grund genug, diese Methode immer dann anzuwenden, wenn der Blutverlust so stark

war, dass er mit Sicherheit zum Tod geführt hätte, denn damit lag die Überlebens-Wahrscheinlichkeit immerhin bei etwa 50 %.

Verklumpung: 1875 wurde zum ersten Mal beschrieben, dass Blut verklumpt, wenn rote Blutzellen mit „unverträglichem“ Blutserum gemischt werden (Leonard Landois).

b) Entdeckung der Hauptblutgruppen

Die Hauptblutgruppen des AB0-Systems wurden von Karl Landsteiner entdeckt, der von 1898 bis 1908 als Assistent an der Pathologischen Anatomie der Universität Wien arbeitete.

- Er stellte im Jahr 1900 fest, dass das Blut zweier Menschen in bestimmten Fällen miteinander verklumpte, in anderen dagegen nicht. Und er entdeckte, dass der selbe Effekt auftrat, wenn Blut des einen mit Blutserum des anderen Menschen gemischt wird (das deutet darauf hin, dass er die Arbeit von Landois nicht kannte).
- Im Jahr 1901 mischte Landsteiner Blut von sechs Personen jeweils mit dem Serum aller sechs Personen (das Blut stammte von ihm selbst sowie fünf weiteren Medizinern an der Pathologischen Anatomie). Er erhielt dabei folgende Ergebnisse (**V** = Verklumpung; **–** = keine Verklumpung), für die er 1930 den Nobelpreis für Medizin erhielt:

Serum von ▼	Blut von ►	Person 1	Person 2	Person 3	Person 4	Person 5	Person 6
Person 1		–	V	–	V	–	–
Person 2		V	–	–	–	–	V
Person 3		V	V	–	V	–	V
Person 4		V	–	–	–	–	V
Person 5		V	V	–	V	–	V
Person 6		–	V	–	V	–	–

Diese Tabelle finden Sie in attraktiverer Form und mit den konkreten Namen der Personen in einem eigenen Dokument:

Informationsblatt/Graphik Ergebnisse von Landsteiner [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

Die Schüler werten die Tabelle aus:

- Es gibt drei Typen, von denen jeder (zufällig) zwei Mal vorkommt: Personen 1 und 6, Personen 2 und 4, Personen 3 und 5.
- Beim Typ von Person 3 bzw. 5 kommt keine Verklumpung zustande, egal welches Serum eingesetzt wird.
- Wenn Serum vom eigenen Typ eingesetzt wird (z. B. Serum von Person 1 bei Person 6), kommt es zu keiner Verklumpung.
- Landsteiner benannte die drei Typen der Blutgruppen zunächst mit A, B und C. Heute wird die Gruppe, deren Blut durch kein Fremdserum zum Verklumpen gebracht wird, mit 0 (Null) bezeichnet.
- Bei der Weiterführung der Untersuchungen wurde 1902 von zwei Kollegen Landsteiners (Alfred von Decastello-Rechtwehr und Adriano Sturli) noch die seltene Blutgruppe AB entdeckt (aber erst 1910 auch so benannt).

1907 führte Landsteiner in New York erfolgreich die erste gezielte Bluttransfusion zwischen Menschen nach seinen Erkenntnissen (also mit der gleichen Blutgruppe) durch.

1928 wurden die Bezeichnungen A, B, 0 (im englischsprachigen Raum der Buchstabe O) und AB für die vier Hauptblutgruppen international angenommen.

Ich würde an dieser Stelle die Problematik der Bluttransfusion nicht ansprechen, das war evtl. Thema in der 10. Klasse. (Mit der Problematik ist gemeint: Welches Blutserum bzw. welches Vollblut darf Personen mit welcher Blutgruppe verabreicht werden? Begründet über die im Blut kursierenden Antikörper.)

c) Molekularbiologische Grundlagen:

Das Merkmal Hauptblutgruppe beruht auf Glyco-Proteinen (Protein mit Zuckeranteil), die in der Zellmembran von roten Blutzellen verankert sind und nach außen ragen. Sie stellen somit Antigene dar, die von Antikörpern erkannt und gebunden werden können.

Das Allel A erzeugt die Glyco-Protein-Variante A (Antigen A), das Allel B die Variante B (Antigen B) und das Allel 0 hat kein Genprodukt (stummes Allel). Das besondere ist, dass die Roten Blutzellen von Personen mit Blutgruppe AB beide Glyco-Protein-Varianten (A und B) voll ausgeprägt nebeneinander tragen.

Didaktische Reduktion: Es genügt, wenn die Schüler wissen, dass es die zwei Antigen-Typen A und B gibt und dass diese jeweils alleine oder zu zweit oder gar nicht auf der Zellmembran der Roten Blutzellen sitzen. Die exakten Verhältnisse führen hier erheblich zu weit, nämlich: Allel A codiert für eine Glycosyl-Transferase, die das Monosaccharid N-Acetylglucosamin auf eine Vorläufersubstanz namens H überträgt, während Allel B für eine Glycosyl-Transferase codiert, die das Monosaccharid Galactose auf H überträgt, während bei Allel 0 weder das eine noch das andere geschieht.

Fachsprache: Der Begriff Blutgruppe A, B, AB, 0 beschreibt den Phänotyp. Mit Blutgruppen-Allel A, B, 0 wird der Genotyp beschrieben. Es ist also falsch zu formulieren: „Die Tochter erbt Blutgruppe A von der Mutter und Blutgruppe 0 vom Vater“, denn sie erbt Allele und hat selbst die Blutgruppe A, nicht aber 0.

Zusatzinfo: Das Gen AB0 befindet sich auf dem langem Arm des Chromosoms 9. (Rückbezug auf das Karyogramm.)

d) Kodominanz:

Kodominanz beschreibt das Phänomen, dass bei heterozygoten Organismen beide Varianten des betrachteten Merkmals gleichzeitig und voll ausgeprägt im Phänotyp erscheinen. Von beiden Allelen dieses Gens werden die Genprodukte hergestellt und liegen nebeneinander vor.

Vergleich: Bei Kodominanz sind beide Varianten im Phänotyp vollständig ausgeprägt, während bei Vererbung mit eingeschränkter Dominanz bei Heterozygoten eine Variante im Phänotyp erscheint, die zwischen den beiden Varianten liegt, wie sie bei Homozygoten vorliegen.

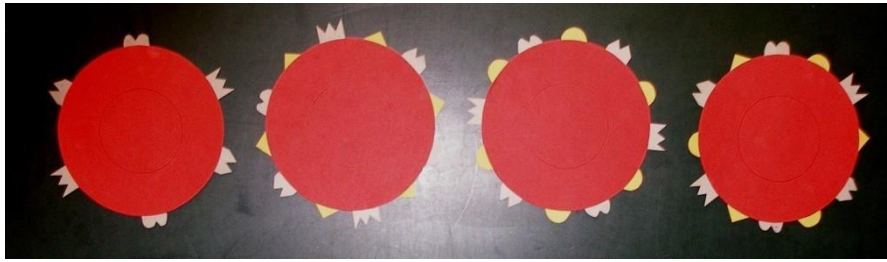
Beispiel Hauptblutgruppen:

Blutgruppe (Phänotyp)	mögliche Genotypen
A	AA, A0
B	BB, B0
AB	AB
0	00

Daraus folgt:

Allel 0 ist rezessiv gegenüber den Allelen A und B.
Die Allele A und B sind untereinander kodominant.

Visualisierung, z. B.:



Das Modell zeigt rote Blutzellen mit Antigenen. Die Antigene des AB0-Systems sind gelb markiert. Von links nach rechts: Blutgruppe 0, A, B, AB. Die grau markierten Antigene zeigen an, dass außer den AB0-Antigenen noch etliche weitere Antigene auf der Zellmembran sitzen. Vgl. **ALP** Blatt 14_V12: Magnetmodell AB0-System

Die Schüler bearbeiten **Aufgabe** 3 und ggf. 4 des Arbeitsblattes „Vererbung der Blutgruppen“.

Zum Abschluss dieses Abschnitts bietet sich folgendes Video an, das die wesentlichen Fachbegriffe im Zusammenhang darstellt:

Erklärvideo „Allel“ (4:41)

<https://studyflix.de/biologie/allel-2632>

Als Beispiel dient ein Gen für Augenfarbe. Auf den 2-chromatidigen Chromosomen werden die Allele fälschlich nur auf einem der beiden Schwesterchromatiden dargestellt. Ab 1:37 werden dagegen 1-chromatidige Chromosomen (jeweils beide Homologen) dargestellt, was leicht übersehen wird. Das Video stellt eine gute Zusammenfassung der wesentlichen Lerninhalte dar.

5.3 Statistischer Charakter der Vererbungsregeln

(ca. 0,5 Stunden)

Ein Kreuzungsschema dient der Ermittlung statistischer Wahrscheinlichkeiten. Bei den dort auftretenden Zahlenverhältnissen der Phänotypen treten nur kleine ganze Zahlen auf.

Bei Kreuzungsversuchen weichen die realen Auszählungs-Ergebnisse stets ein wenig vom theoretischen Wert ab. Je größer die Stichprobe ist, desto geringer ist in der Regel die Abweichung.

Es ist nicht einfach, den Schülern den Unterschied zwischen realen Auszählungs-Ergebnissen und theoretisch ermittelten Wahrscheinlichkeiten nahe zu bringen. Weil dies aber ein zentraler Aspekt naturwissenschaftlicher Erkenntnisgewinnung ist, sollten das alle verstehen. Die meisten Medien zeigen in ihren bildlichen Darstellungen die theoretischen Zahlen (z. B. eine Erbsenhülse mit 3 gelben und 1 grünem Samen). Das kommt zwar durchaus vor, ist aber nicht die Regel. Auf jeden Fall sollte angesprochen werden, dass auch Hülsen mit 3 gelben und 3 grünen Samen usw. vorkommen können.

Die Schüler können die Tendenzen aus Tabellen mit Auszählungs-Ergebnissen selbst erarbeiten:

- Die realen Auszählungs-Ergebnisse liegen zwar nahe bei den statistischen Wahrscheinlichkeiten, treffen sie aber nicht genau
- Die Abweichung ist bei kleinen Stichproben tendenziell größer als bei großen Stichproben.
- Zufällig kann aber auch eine relativ kleine Stichprobe eine sehr kleine Abweichung haben.

Informationsblatt *Auszählungs-Ergebnisse* (2 Tabellen mit vielen Werten) [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

Hinweis: Bei der Kreuzung gelbschaliger mit grünschaligen Erbsen erhielt Gregor Mendel trotz seiner nur mittelgroßen Stichprobe von insgesamt 8023 Erbsensamen eine erstaunlich geringe Abweichung vom theoretischen Wert nämlich gelb : grün = 3,01 : 1. Es gab deshalb im 20. Jahrhundert Kritiker (R. A. Fisher, 1936; Sewall Wright, 1966; J. Hodges, 1975), die ihn beschuldigten, die Zahlen gefälscht zu haben. Darauf folgende Nachforschungen ergaben aber, dass dies wohl nicht der Fall war (F. Weiling, 1982). [Nach natura Genetik und Immunbiologie, Klett 1999, S. 21]

Modell-Experimente mit Münzwürfen:

Jede Seite einer Münze repräsentiert ein Allel. Die genauen Anleitungen dazu finden Sie im Buchner-Buch auf den Seiten 162 und 163.

ISB-Handreichung (LIS): Wie funktioniert Genetik – statistische Methoden (4 Seiten)

[\[Link\]](#)

Dargestellt wird ein Modellversuch mit gelben und grünen Erbsen im Rahmen einer vorgegebenen Aufgabenstellung (mit Lösungshinweisen). Mir erschließt sich nicht ganz, warum die Erbsen dabei gewogen werden, weil sie stattdessen genau so gut auch ausgezählt werden können. Davon abgesehen: eine gute Hilfestellung für den Unterricht.

5.4 Genkopplung (nur eA)

(eA: ca. 1 Stunde)

5.4.1 Kopplungsgruppen

*Einführung z. B. über Aufgabe 4.4.2 (**Arbeitsblatt** *Aufgaben zur Klassischen Genetik*): Zunächst erstellen die Schüler das Kreuzungsschema für eine dihybride Vererbung bei *Drosophila* und ermitteln daraus das Zahlenverhältnis der Phänotypen in der F₂-Generation (9 : 3 : 3 : 1). In der nächsten Teilaufgabe erfahren sie, dass tatsächlich nur zwei der vier prognostizierten Phänotypen auftreten und zwar ungefähr im Verhältnis 3 : 1. Daraus wird das Phänomen der Genkopplung abgeleitet. (Sie wurde im ersten Jahrzehnt des 20. Jahrhunderts entdeckt.)*

Arbeitsblatt *Aufgaben zur Klassischen Genetik* [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

Hinweis: Im nächsten Abschnitt werden die Ergebnisse der klassischen Genetik mit denen der Zytologie (also mikroskopisch beobachteten Phänomenen) abgeglichen. Deshalb ist es wichtig, dass hier vorläufig nur von Kopplungsgruppen gesprochen wird und nicht von Chromosomen.

Der US-amerikanische Genetiker Thomas Hunt Morgan führte ab 1908 Kreuzungsversuche mit der Fruchtfliege (Taufliege) *Drosophila melanogaster* durch. Weil eine Generation nur zwei Wochen dauert und die Fliegen eine große Zahl an Nachkommen produzieren, konnten in relativ kurzer Zeit sehr viele Daten gesammelt werden. Morgan und sein Team entdeckten dabei, dass die 3. Mendel-Regel nur in bestimmten Fällen gültig ist. Sie entdeckten bei der Taufliege viele Gene, die nicht unabhängig voneinander vererbt werden, sondern miteinander gekoppelt sind, beispielsweise die Gene „vestigial“ (ebene Flügel, dominant; in Längsrichtung verbogene Flügel, rezessiv) und „brown“ (rote Augen, dominant; braune Augen, rezessiv).

Fotos von vielen mutierten Organen bei *Drosophila* stehen auf der Webseite www.biologie.uni-halle.de, die aber den Zugang beschränkt. Ich konnte die Abbildungen aufrufen unter dem Link:

<https://www.biologie.uni-halle.de/entwicklungsgenetik/lehre/studenten/drosophila/mutanten/>

Im Laufe der Jahre ergab sich, dass die Gene von *Drosophila* insgesamt vier Kopplungsgruppen bilden, die sehr unterschiedliche Größe haben.

In einer Kopplungsgruppe liegen die Gene hintereinander in einer bestimmten Reihenfolge und in einem bestimmten Abstand voneinander.

(Eine schöne Abbildung der Kopplungsgruppen mit vielen Genen und deren Lage in Morgan-Einheiten findet sich in L. Hafner, P. Hoff: Materialien für den Sekundarbereich II Biologie – Genetik Bayern, Schroedel Schulbuchverlag 1984, S. 51. Abbildungen von 7 Mutanten finden Sie in D. Baron (Hrg.): Grüne Reihe Materialien SII Genetik Bayern, Schroedel Schulbuchverlag 2004, S. 33.)

Für Genkopplung gibt es unterschiedliche Schreibweisen. Bei den Lösungen zum Arbeitsblatt habe ich die Schreibweise mit einer waagrecht eckigen Klammer über den gekoppelten Allelen gewählt. Die Figur aus der Klammer und den beiden Allelen bleibt stets zusammen und wird im Kreuzungsschema verwendet wie ein einziges Symbol.

Das Informationsblatt „Beispiele für Erbgänge“ enthält eine Auswahl von gekoppelt vererbten Genen bei der Fruchtfliege für weitere Übungs- und Prüfungsaufgaben.

Informationsblatt *Beispiele für Erbgänge* [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)

5.4.2 Genaustausch durch Kopplungsbruch

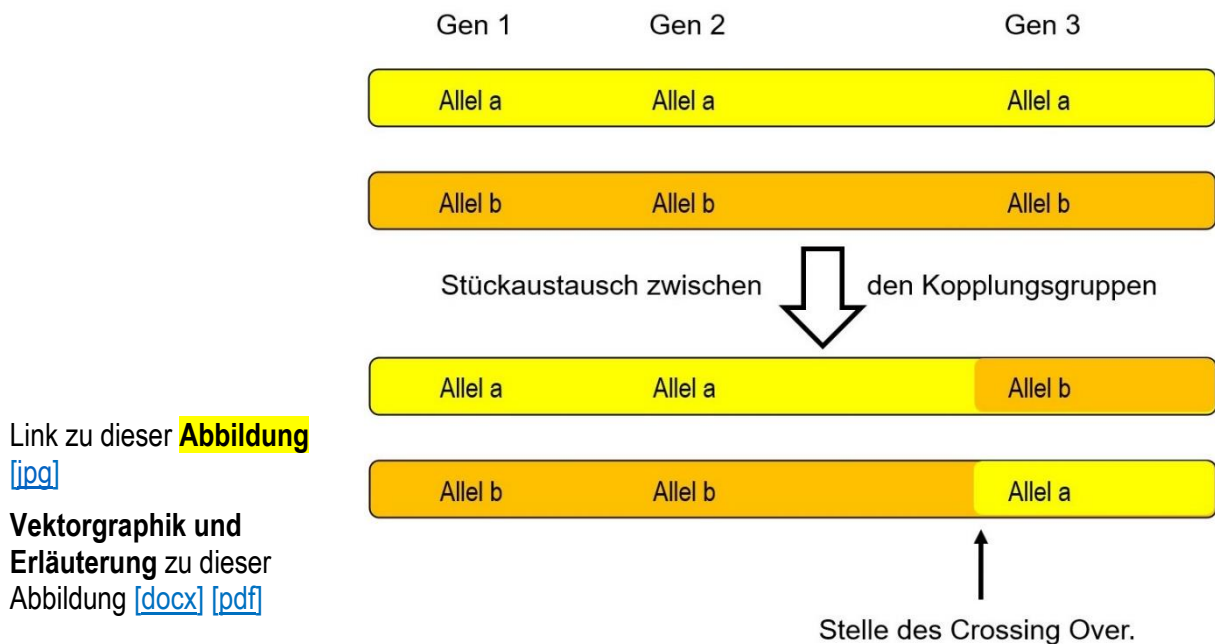
Nachdem beim vorigen Abschnitt die Schüler anhand der **Aufgabe** 4.4.2 (Arbeitsblatt „Aufgaben zur Klassischen Genetik“) die Genkopplung kennengelernt haben, führt sie die **Aufgabe** 4.4.3 zum Kopplungsbruch.

In seltenen Fällen treten bei gekoppelten Genen in der F₂-Generation die unerwarteten Kombinationen auf. Dieser Effekt wurde zuerst von dem US-amerikanischen Genetiker Thomas Hunt Morgan 1908-1910 bei Kreuzungsversuchen an der Taufliege *Drosophila melanogaster* entdeckt.

Erklärung (klassische Genetik): In Körperzellen existieren von jeder Kopplungsgruppe zwei Exemplare, die unterschiedliche Varianten des selben Gens tragen können. Beim Kopplungsbruch werden Teilstücke dieser Kopplungsgruppen ausgetauscht. Das Phänomen heißt: Genaustausch oder Crossing-over, die Ursache dafür heißt Kopplungsbruch.

Hinweise: Der Ausdruck Genaustausch (Formulierung im LehrplanPLUS) ist missverständlich, denn die Gene bleiben beim Crossing-over an ihren Genorten; was ausgetauscht wird, sind die Allele dieser Gene! Der korrektere Begriff wäre Allelen-Austausch. Dieser Gedanke sollte kurz diskutiert werden.

Zunächst sollte nicht zytogenetisch (Chromosomen), sondern rein klassisch genetisch (Kopplungsgruppen) argumentiert werden. Deshalb sind hier rein formale Kopplungsgruppen dargestellt und keine 2-chromatidigen Chromosomen der Prophase:



Link zu dieser **Abbildung**
[jpg]

Vektorgraphik und Erläuterung zu dieser
Abbildung [docx] [pdf]

Hinweis: Der LehrplanPLUS verlangt nur das Phänomen des Crossing-over, nicht aber seine Bedeutung für die Erstellung von Genkarten. Nur zur Information der Lehrkraft: Morgan hat in sehr umfangreichen Versuchsreihen ermittelt, mit welcher Häufigkeit Crossing-over zwischen bestimmten Genen auftritt. Je weiter die Gene auf der Kopplungsgruppe voneinander entfernt sind, desto häufiger tritt Crossing-over auf. Anhand dieser Daten erstellte er Genkarten, auf denen nicht nur die Reihenfolge, sondern auch die Abstände der Gene auf der Kopplungsgruppe verzeichnet sind. Diese Abstände werden in Morgan-Einheiten angegeben. Dies alles stellt keinen Lerninhalt dar!

Jetzt wird es etwas unübersichtlich mit der Nummerierung: Der nächste Abschnitt trägt im gA-Kurs die Nummer 5.4 und im eA-Kurs die Nummer 5.5!

5.4 Zellbiologische Grundlagen (gA)

5.5 Zellbiologische Grundlagen (eA)

(gA: ca. 0,5 Stunden; eA: ca. 1 Stunde)

Mit den zellbiologischen Grundlagen der Vererbung sind die Chromosomen gemeint. Auch wenn es der LehrplanPLUS nicht explizit formuliert, sollen an dieser Stelle die Ergebnisse der klassischen Genetik mit den Beobachtungen der Zytologie (Zellbiologie) abgeglichen werden. Zudem können zytologische Aspekte vertieft werden, v. a. im eA-Kurs.

Die Behandlung dieses Abschnitts erfolgt im Kurs mit erweitertem Anforderungsniveau ausführlicher, weil die Genkopplung behandelt ist und hier aufgegriffen wird.

Informations-/Arbeitsblatt Chromosomentheorie der Vererbung [docx] [pdf]

Hier sind die Stationen der Erkenntnis bei der klassischen Genetik wie der Zytologie chronologisch aufgelistet (Arbeitsmaterial, kein Lerninhalt). Die Schüler können die einzelnen Punkte diesen beiden Wissenschaftszweigen zuordnen bzw. auf einer Zeitleiste darstellen. Im Anschluss werden in einer Tabelle die zueinander passenden Erkenntnisse aus beiden Disziplinen gegenübergestellt:

Zytologie	Klassische Genetik
Die diploiden Körperzellen besitzen homologe Chromosomenpaare.	Körperzellen besitzen 2 Erbanlagen für jedes Merkmal.
Die haploiden Keimzellen besitzen von jedem Chromosomentyp nur 1 Exemplar.	Keimzellen besitzen 1 Erbanlage für jedes Merkmal.
Die Chromosomen homologer Paare werden in der Meiose I getrennt und neu kombiniert.	Die Allele werden bei der Bildung der Keimzellen neu kombiniert.
Die Anzahl der Chromosomen ist arttypisch (z. B. 4 im haploiden Satz bei <i>Drosophila</i>). Sie sind unterschiedlich lang.	Die Gene eines Lebewesens lassen sich zu einer bestimmten Anzahl von Kopplungsgruppen zusammenfassen (z. B. 4 bei <i>Drosophila</i>). Sie haben unterschiedliche Größe.
Chromosomen sind lineare Gebilde.	Gene sitzen in den Kopplungsgruppen hintereinander.
In der Prophase von Meiose I treten vereinzelt Chiasmata (Überkreuzungen) auf.	Vereinzelt treten Kopplungsbrüche auf (Crossing Over).

Bei der Arbeit mit dieser Tabelle ist darauf zu achten, dass in gA-Kursen Genkopplung und Kopplungsgruppen nicht bekannt sind. Die in der obigen Tabelle blau markierten Zeilen werden im gA-Kurs entweder weggelassen oder der Begriff Kopplungsgruppe wird kurz eingeführt, ohne aber weiter vertieft zu werden.

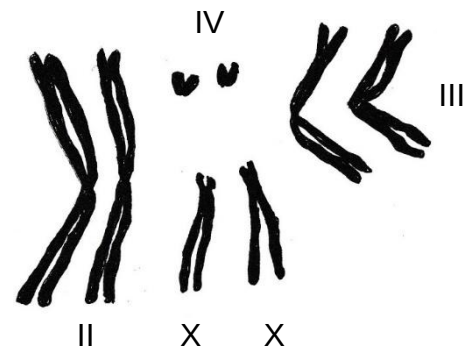
eA-Kurs: Damit erweitern sich die Mechanismen zur Neukombination des genetischen Materials auf drei (vgl. Abschnitt 4.1.2):

- zufällige Verteilung der Homologen in Meiose I
- zufällige Auswahl der Ei- und Spermienzelle bei der Zygotenbildung
- Crossing over

Nebenstehende Skizze zeigt den diploiden Chromosomensatz eines Weibchens der Fruchtfliege *Drosophila melanogaster*. Die Anzahl und die Größe der Chromosomen entspricht der Anzahl und Größe der von Morgan festgestellten Kopplungsgruppen.

Die römischen Zahlen bezeichnen den Chromosomentyp. Die Gonosomen (hier zwei X-Chromosomen) stellen das Chromosom I dar.

Link zum **Karyogramm** [\[jpg\]](#)



Vertiefung zum Kopplungsbruch im eA-Kurs: In der Prophase von Meiose I liegen die Chromatiden der Homologen relativ lange eng nebeneinander („Tetrade“ in der Homologen-Paarung). Dabei kommt es zum Stückaustausch zwischen Nicht-Schwesterchromatiden: Doppelstrangbrüche auf einem mütterlichen und einem väterlichen Chromatid, Vertauschen der Bruchstücke und erneutes Zusammenfügen. Wenn die Homologen in der Anaphase I zu entgegengesetzten Polen wandern, bleiben sie an solchen Stellen kurzzeitig aneinander kleben, so dass im Mikroskop Überkreuzungsstellen zu sehen sind, die Chiasmen (Singular: das Chiasma) genannt werden. Der Stückaustausch an Nicht-Schwesterchromatiden ist die zytologische Ursache für das Crossing-over.

Chiasma bedeutet also eine Struktur, die von Zellbiologen bei der Beobachtung der Meiose im Mikroskop entdeckt wurde, während Crossing-over einen Allel-Austausch beschreibt, den klassische Genetiker anhand von Kreuzungsversuchen ermittelt haben. Ab 1902 stellten Walter Sutton und Theodor Boveri die Chromosomentheorie der Vererbung auf, bei der zellbiologische Beobachtungen mit klassisch genetischen Beobachtungen zur Übereinstimmung gebracht wurden. So ließ sich Morgans Entdeckung des Crossing-over mit der damals bereits bekannten Erscheinung der Chiasmen gut erklären.

Erklärvideo „Crossing-over“ (4:04)

<https://studyflix.de/biologie/crossing-over-2738>

Etwas unscharfe Verwendung des Begriffs Gen (wo Allel gemeint ist). Für den Unterricht wertvoll ist der kurze Abschnitt „Ablauf“ (ansteuern über das Fenster „Crossing-over Ablauf“ unter dem Video), in dem die zytologischen Vorgänge schematisch und stark vereinfacht dargestellt sind. Der Rest ist für den Unterricht wenig brauchbar.

Schematische Darstellung der zytologischen Grundlage des Crossing-over in der Prophase der Meiose I (jeweils 2-chromatidige Chromosomen mit Zentromer):

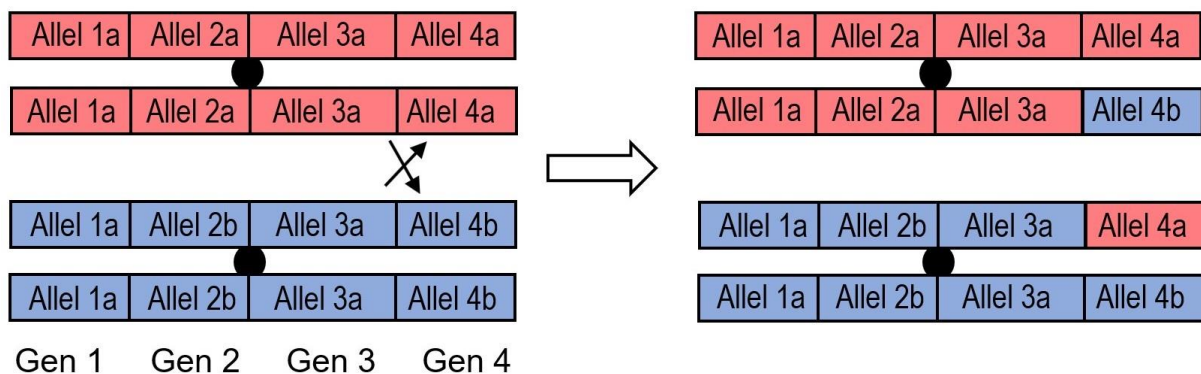


Abbildung Stükaustausch an homologen Chromosomen (zytologisch) [\[docx\]](#) [\[jpg\]](#)

Der Austausch von Chromatidenstücken innerhalb der „Tetrade“ lässt sich von Schülern im Modell sehr gut mit Papilloten darstellen (das sind mit weichem Schaumstoff umwickelte Drahtstücke, die als Haarwickler benutzt werden):

ALP Blatt 14_V07: Chromosomenmodell Papilloten



Modellkritik: Das Zentromer ist so dargestellt, als würden an dieser Stelle die Schwester-Chromatiden mehrfach umeinander gewickelt sein.

Hintergrund-Information für die Lehrkraft, nicht geeignet für den Unterricht:

Während der Homologen-Paarung werden mit Hilfe des Spo11-Proteinkomplexes Doppelstrangbrüche der DNA erzeugt. Dieser Enzymkomplex erkennt Stellen, an denen die DNA mechanisch stark gestresst ist, also stark gebogen, und schneidet sie an diesen Stellen durch, während andere Endonukleasen sich ihre Schnittstellen gemäß bestimmter Nukleotid-Sequenzen aussuchen. Häufig genutzte Stellen der DNA sind in besonderem Maß mechanisch gestresst. An der Universität Wien konnte gezeigt werden, dass die von Spo11 erzeugten Doppelstrangbrüche besonders oft in den Regionen von Promotoren stattfinden, also Stellen, welche die Transkription des nachfolgenden Strukturgens regulieren. Dadurch wird die Evolution der Steuerungselemente deutlich beschleunigt.

Originalarbeit von S. Prieler et al.: Spo11 generates chromosomal gaps through 1 concerted cuts at sites of topological stress. Nature 2021. Referiert in: biuz newsletter 16.6.21

5.6 Einfluss von Umweltbedingungen

(ca. 2 Stunden)

Die klassische Genetik beschreibt die Mechanismen der Vererbung von Genen. Darüber hinaus können Gene durch Umweltbedingungen blockiert sein. Diese Blockade kann vermutlich in bestimmten Fällen vererbt werden.

(Die Nummerierung des Abschnitts ist hier eindeutig 5.6, weil der vorige Abschnitt im eA mit 5.5 nummeriert ist.)

5.6.1 Epigenetische Vererbung

Bereits im Lernbereich „Regulation der Gentätigkeit“ wird die Epigenetik im Abschnitt 2.2 unter dem Gesichtspunkt der Regulation behandelt. An dieser Stelle soll der Gesichtspunkt der Vererbung epigenetischer Effekte betrachtet werden.

Der wesentlichste Aspekt bei der epigenetischen Vererbung ist die Weitergabe der epigenetischen Modifikationen an die Tochterzellen bei der Replikation. *Das sollte an dieser Stelle noch einmal betont werden, auch wenn der LehrplanPLUS mit seiner Formulierung vermutlich eher auf die Vererbung auf die nächste Generation von Lebewesen abzielt, die aber nicht hinreichend gesichert untersucht ist.*

Es gibt allerdings einige Beispiele dafür, dass epigenetische Markierungen (also quasi die Schalterstellung AN bzw. AUS für bestimmte Gene) an die nächste Generation weiter vererbt werden, wobei die Nukleotid-Sequenz der DNA unverändert bleibt.

Bei epigenetischer Vererbung auf die nächste Generation werden epigenetische Markierungen der Eltern auf das Kind übertragen und weiter auf dessen Kinder, also auf die dritte Generation. Über die molekularen Mechanismen ist (noch) nichts bekannt.

(Davon zu unterscheiden sind generationsübergreifende epigenetische Effekte, die sich erst in der frühen Schwangerschaft als Reaktion auf Umweltreize wie Stress in den Zellen des Fetus bilden und beim Menschen ziemlich sicher vorkommen. Die sind aber kein Lerninhalt.)

Beispiele für (echte) epigenetische Vererbung:

- Fellfärbung bei Mäusen in Abhängigkeit von der Ernährung (bleibt auch bei Umstellung der Ernährung über mehrere Generationen erhalten)*
- Schwanzform (gerade bzw. mit Knick) bei Mäusen*
- Färbungen bei Maispflanzen

*) In beiden Fällen beruht der Effekt allerdings auf einem Stück Virus-DNA, das in die Mäuse-DNA eingebaut ist und auf das die Mäusezelle reagiert, indem sie den epigenetischen Schalter auf AUS stellt.

Epigenetische Vererbung beim Menschen?

Bestimmte Beobachtungen werden bisweilen als Hinweise auf epigenetische Vererbung beim Menschen betrachtet: So hatten Dorfbewohner in Nordschweden dann eine höhere Lebenserwartung, wenn ihre Großväter nur wenig Nahrung zur Verfügung hatten. Auch die Anfälligkeit von Enkeln bezüglich Diabetes bzw. Herz-Kreislauf-Erkrankungen soll von der Ernährungssituation der Großeltern abhängig sein. [Quelle: Max-Planck-Gesellschaft]

Aber es gibt (bisher) keine Untersuchungen, die darauf hinweisen würden, dass epigenetische Phänomene beim Menschen mindestens bis in die dritte Generation vererbt würden.

Während bei Pflanzen die Keimzellen recht spät aus Körperzellen entstehen und dabei die epigenetischen Markierungen erhalten bleiben, ist bei Säugetieren die Keimbahn strikt von der Entwicklung der Körperzellen getrennt. Bei der Entstehung der Keimzellen werden in mehreren Schritten fast alle epigenetischen Markierungen entfernt. Deshalb gilt eine (echte) epigenetische Vererbung beim Menschen (derzeit) als unwahrscheinlich.

[Quelle v. a. Dr. Volker Henn, Berlin: https://www.wissensschau.de/genom/epigenetik_vererbung_umwelt.php]

*Der Epigenetiker Prof. Dr. Stefan H. Stricker, LMU / Helmholtz Zentrum München, steht den Ergebnissen beim sogenannten schwedischen Hungerwinter sehr skeptisch gegenüber. Die Daten besitzen eine relativ geringe Signifikanz (die Untersuchung der Methylierung basierte nur auf Zellen aus Blutproben). Und dann bleibt die Frage, welcher Natur die durch Hunger verursachten epigenetischen Modifikationen denn sein sollten: Verursachen die gestörten Stoffwechsel-Verhältnisse irgendwelche Störungen in den epigenetischen Modifikationen (toxische Störung) oder beinhalten die durch Hunger verursachten epigenetischen Modifikationen gezielte Informationen für den Umgang mit Ernährungsmangel (was extrem unwahrscheinlich ist)? Und dann bleibt die Frage: Wie gelangt das Methylierungsmuster in die Keimbahn? – Prof. Stricker hält es allerdings für einen Vorteil, wenn es ungeklärte Hypothesen gibt, denn das Spannende an der Forschung ist, dass sie ständig im Fluss ist. Man muss eben angemessen vorsichtig formulieren: „Man kann sich vorstellen, dass ...“ **Prof. Stricker betont, dass gerade solche umstrittenen Themen in der Schule diskutiert werden sollten, wobei Skeptizismus und Begeisterung eine zentrale Rolle spielen. Im Gegensatz zur Schule kann die Universität diese Diskussion nicht leisten (auch wenn sie eigentlich genau der Ort wäre, wo das geleistet werden sollte).***

5.6.2 Genomische Prägung

Unter genomischer Prägung (*genomic imprinting*) versteht man das Phänomen, dass an bestimmten Genen die Proteinbiosynthese am mütterlichen Chromosom abläuft und am väterlichen nicht bzw. umgekehrt. Es hängt also davon ab, von welchem Elternteil das Chromosom stammt, ob das jeweilige Gen aktiv ist oder nicht („Schalterstellung“ AN bzw. AUS). Die epigenetische Markierung dafür wird an alle Tochterzellen weitergegeben.

Solche genomischen Prägungen werden bei der Entwicklung der Keimzellen (teilweise) gelöscht und geschlechtsspezifisch neu gesetzt. Dies zeigt, dass die genomische Prägung reversibel ist, d. h. sie kann rückgängig gemacht und wieder neu gesetzt werden.

Über die molekularen Mechanismen der genomischen Prägung sind einige Details bekannt. So spielen eine bestimmte nicht-kodierende RNA sowie bestimmte Methylierungen der DNA eine Rolle.

Bei Mäusen sind 260 Gene mit genomischer Prägung bekannt, beim Menschen 228 (Stand 2019).

[Quelle v. a. der wikipedia-Artikel „Genomische Prägung“, aufgerufen am 17.2.2023]

Anhang

Aufgabe zu einem mittelalterlichen Text zur Geschlechtsbestimmung

Konrad von Megenberg gab im 14. Jahrhundert in seinem *Buch der Natur* Tipps, wie man die Wahrscheinlichkeit für einen männlichen Nachkommen erhöhen könnte. Die Schüler sollen seine wesentlichen Aussagen zusammenstellen, aus heutiger Sicht Stellung beziehen und Untersuchungsmöglichkeiten entwerfen, wie Megenbergs Behauptungen überprüft werden können.

Arbeitsblatt *Mittelalterlicher Text zur Geschlechtsbestimmung* [\[docx\]](#) [\[pdf\]](#)