

6. Verhaltensgenetik

- Wir können immer nur von *relativen* genetischen bzw. Umweltanteilen sprechen.
- Zudem können wir die relativen Anteile nur *schätzen*.
- Für 100%-Aussagen bräuchte man Züchtung.
- Merkmale, die zu 100% eine genetische Ursache haben wie z.B. rot-grün-Blindheit oder Chorea huntington, sind für die Persönlichkeitsforschung nicht geeignet

6.1 Versuchs- und Analyse-Designs in der Verhaltensgenetik

- **Korrelationsanalyse**
- **Multiple Regression** (Analyse mehrerer unabhängiger Variablen)
- **Pfadanalyse** (Mit ihr können Kausalbeziehungen zwischen Variablen in sogenannten Pfaddiagrammen dargestellt werden, die den Einflussrichtungen der Variablen entsprechen - z.B. bei der multivariablen Analyse, der multiplen Regression, auch Faktorenanalyse)
- **Direkte Einflußmessung** (Erklärung einer Eigenschaft durch möglichst wenige hoch mit ihr korrelierende Prädiktoren über Pfadanalyse oder multiple Regression - kommt in der Verhaltensgenetik nicht vor, weil zuviele nicht-quantifizierbare potentielle Einflußfaktoren (Gen/Umwelt) gegeben sind)
- **Indirekte Einflußmessung** (Schätzung über die Ähnlichkeit von Personen, die bestimmte Einflüsse auf die Persönlichkeit teilen; Vergleich bei geteiltem Genom (Zwillinge) und Vergleich bei geteilter Umwelt (Adoption, Geschwister, Partner))
- **Experimentelle Bestimmung** (z.B. durch Schätzung von Varianzkomponenten: auf diese Weise kann die Größe der genotypischen Varianz bestimmt und zur Größe der phänotypischen Varianz in Beziehung gesetzt werden)
- **Selektionsexperimente** (je höher die Heritabilität, desto größer der Erfolg einer Selektion. Aus einem beobachteten Selektionserfolg läßt sich daher auf die Heritabilität in der Ausgangspopulation rückschließen)
- **Der genotypische Wert** (kann in seine einzelnen Komponenten zerlegt werden, vgl. Formel von Jensen)

6.2 Begriffe der Verhaltensgenetik

- **Genotyp (Genom)** = Gesamtheit der im doppelten Chromosomensatz lokalisierten Information; in allen Zellen gespeichert und lebenslang gleich (außer bei Pathologie), definiert durch **Allelkombination**
- **Gene** = Abschnitte des Genoms, die durch ihre Funktion im Stoffwechsel definiert sind
- **Allel** = unterschiedliche Formen, Varianten eines Gens an einem Genlocus; liegen interindividuellen Ausprägungen von Merkmalen zugrunde; Menschen unterscheiden sich in ihrem Allelmuster nicht in ihren Genen
- **Phänotyp** = sichtbare/messbare Merkmalsausprägung (Symptom), definiert durch Interaktion von

Genotyp und Umwelteinflüssen

- **Heritabilität (Erblichkeit)** = erfaßt die relative Bedeutung des Genotyps für die auftretende Variabilität; Summe der Varianzanteile bzw. der prozentuale Anteil an der Gesamtvarianz eines Merkmals, der genetischen Faktoren zugeschrieben wird)
- **Polygenie**: mehrere Gene zur Ausprägung eines Merkmals
- **Polyphänie**: ein Gen kann verschiedene Ausprägungen bewirken

6.3 Quantitative Modelle

- Ein wesentliches Ziel der klassischen quantitativen Genetik ist es, zwischen Umwelteinflüssen und genetischen Faktoren zu unterscheiden. Dazu betrachtet man meist die Varianz des Merkmals unter der Annahme, daß es normalverteilt ist. Die Genetiker versuchen also, die beobachtete Varianz (Streuung um den Mittelwert) in ihre Komponenten zu zerlegen.

$$V_P = V_G + V_E$$

V_P = phänotypische Varianz

V_G = genetische Varianz

V_E = Varianz durch Umwelteinflüsse

6.3.1 Grundbegriffe der quantitativen Modelle

- Die genetische Varianz kann dann weiter aufgeschlüsselt werden, um z.B. Interaktionen von Genen untereinander oder von Genen mit Umweltfaktoren zu erforschen. Wir unterscheiden grundsätzlich:
 - **additiv** (Beispiel: $x=10\text{cm}$, $y=5\text{cm}$; jedes wirkt einzeln entsprechend der angegebenen cm, zusammen aber als 15cm)
 - **non-additiv** (wirkt einzeln nicht, gibt also zusammen 15cm , sonst nichts)
- **Erblichkeit** gibt an, wie stark sich z.B. Eltern und Kinder aufgrund ihrer Verwandtschaft hinsichtlich eines Merkmals gleichen $h^2 = V_A / V_P$
 - V_A = additive genetische Varianz (= V_G – Interaktions-Terme)
- Weitere Themen der klassischen quantitativen Genetik sind natürliche und künstliche Selektion, Effekte der Inzucht und korrelierte Merkmale.
 - Merke: Die *Ähnlichkeit* eines Merkmals wird über die *Korrelation* quantifiziert!
- **Genom-Umwelt-Kovarianz** = bestimmte Genome häufen sich in bestimmter Umgebung. Wir unterscheiden drei Formen diese Kovarianz:
 - **aktiv** = das betreffende Individuum sucht selbst die für seine genetische Ausstattung optimal stimulierende Umwelt
 - **passiv** = die Eltern vermitteln Gene und Umwelt, d.h. sie suchen etwa die für die Gene ihres Kindes passende Umwelt

- **reaktiv (evokativ)** = Umwelt reagiert differentiell auf wahrgenommene Merkmale, die ihrerseits genetisch codiert worden sind
- **Genom-Umwelt-Interaktion:** verschiedene Genotypen reagieren auf identische Umweltbedingungen unterschiedlich (Beispiel ATI)
 - **Beispiel:** Experiment mit extra gezüchteten klugen und dummen Ratten, bei dem sich zeigt, wie groß der Umwelteinfluss sein kann (AB, S. 560)
- **Pleiotropie:** ein einziges Gen kontrolliert mehrere phänotypische Merkmale
 - **Beispiel:** Mäuse mit drei Fellfarben: Braun, Schwarz, und Weiß. Schwarz ist gegenüber braun dominant. Es gibt für die drei Farben zwei Gene: Eins kann in der Form B (schwarz) oder b (braun) vorliegen, das andere in der Form C (farbig) oder c (nicht farbig). Vom ersten Gen hängt ab, welches Pigment produziert wird, vom zweiten, ob überhaupt ein Pigment produziert wird. Das zweite Gen steht epistatisch über dem ersten. Beim Kreuzen zweier Mäuse mit dem Genotyp BbCc erhält man also zu 4/16 weiße Mäuse (cc (unabhängig vom Pigment)), zu 3/16 braune Mäuse (bb und Cc oder CC) und zu 9/16 schwarze Mäuse (Bb oder BB, Cc oder CC).
- **Merke:**
 - Prozentangaben zu Varianzanteilen geben nur *relative Anteile* der in einer Stichprobe oder Population beobachteten Gesamtvarianz an bzw. das Ausmaß, in dem vorgefundene Unterschiede im Merkmal durch Unterschiede in Genom oder Umweltfaktoren aufgeklärt werden können.
 - Konstitutionelle Merkmale sind stärker genetisch bedingt als etwa Intelligenz oder Persönlichkeitsmerkmale (big five) > Gründe: stärkerer Einfluß der Umwelt bei letzteren

6.3.2 Varianzzerlegung nach Jensen

VG	+	VU	+	Ve
$(Vg + Vam + Vd + Vi)$	+	$V(sp,sh/nsh) + Vcov(G,U)$	+	Ve

- **VG = genetische Varianz**
 - **Vg = additive Varianz** (Summe der Durchschnittseffekte der Allele. Ohne Dominanz sind die Zuchtwerte gleich den genotypischen Werten, wird auch in der quantitativen Genetik auch Zuchtwert genannt)
 - Additive oder genetische Varianz, bedingt durch Ähnlichkeit des Genoms, sollte zwischen Zwillings- und Adoptionsstudien wesentlich durch die Genom-Übereinstimmung zwischen den Partnern bedingt sein
 - **Vam = selektive Partnerwahl** (positiv: ähnliche Partner, negativ: unähnliche Partner)
 - Höhere Ähnlichkeit zwischen Eltern erhöht den Einfluss sowohl additiver wie nicht-additiver

genetischer Varianz, wirkt entsprechend bei Zwillingsstudien stärker als bei Adoptionsstudien.

• **Vd + Vi = nicht-additive-Varianz**

- Nicht immer kann der genotypische Wert eines Individuums einfach als Summe der genotypischen Werte einzelner Gene aufgefaßt werden. Es kommt nämlich vor, daß zwei Gene erst in ihrer Kombination eine besonders günstige oder ungünstige Wirkung zeigen.
- **Vd = Dominanzabweichung** (Bei partieller oder vollständiger Dominanz ist der Zuchtwert des heterozygoten Genotyps niedriger als sein genotypischer Wert, da ein Teil seiner Nachkommen homozygot für das ungünstige Allel wird. Die Differenz zwischen Zuchtwert und genotypischen Wert wird als Dominanzabweichung bezeichnet)
- **Vi = Epistase** (Form der Gen-Interaktion. Sie liegt vor, wenn ein Gen die Unterdrückung der phänotypischen Ausprägung eines anderen Gens bewirken kann. Es gibt dominante und rezessive Epistase)
 - Achtung: Heutzutage wird der Begriff ‚Epistase‘ allgemein für Gen-Gen-Interaktionen verwendet. Die Definition nach Bateson entspricht der klassisch-genetischen Definition.

• **VU = Varianz durch Umwelteinflüsse**

- **V(sp, sh/nsh) = selektive Plazierung** (bei Adoption macht Umwelten ähnlicher als im Bevölkerungsdurchschnitt, Umweltähnlichkeit bekommt so relativ zum genetischen Varianzanteil mehr Einfluss am Phänotyp) und **geteilte vs. nicht-geteilte Umwelten** (Umweltanteil am Phänotyp ist bei Zwillingen aufgrund mehr geteilter Umwelten höher als bei Geschwistern, Einfluss geteilter Umwelten auf den Phänotyp sinkt mit dem Alter; der Varianzanteil Vu variiert somit mit der untersuchten Stichprobe)
- **Vcov(G,U) = Kovariation von genetischen und Umwelteinflüssen** (indem beide Anteile entweder passiv kovariieren, die Umwelt auf Anlagen reagiert oder die Person gemäss seiner Anlagen aktiv die Umwelt nutzt; Interaktion bedeutet Wechselwirkung im Sinne der ATI: nur im normalen Bereich möglicher Umweltvariation entwickeln bestimmte Genotypen ihren Phänotyp unterschiedlich, profitieren von den Umwelten)

6.3.3 Erblichkeitsschätzung nach Falconer

- **Falconer** entwickelte ein Formel zur Erblichkeitsschätzung h^2 aus dem Vergleich von monozygoten und dizygoten Zwillingen (1960) und analog zur Quantifizierung der Umwelteinflüsse c^2 (Kritik: h^2 kann größer 1 werden)

Erbe:	$h^2 = 2(r_{MZ} - r_{DZ})$	r_{MZ} = Merkmalskorrelation bei MZ
Umwelt:	$c^2 = 2r_{DZ} - r_{MZ}$	r_{DZ} = Merkmalskorrelation bei DZ

- Beispiel: Intelligenz bei Erwachsenen in westlichen Kulturen:

- $r_{DZ} = .85$ und $r_{ZZ} = .60$, also $h^2 = .5$ (50% erblich bedingt)

6.4 Zwillings- und Adoptionsstudien:

- Beispiele: The Minnesota Twin Family Study, Texas Adoption Project

6.4.1 Zwillingsstudien:

- Erste Untersuchungen der Ähnlichkeit stammen von Francis Galton (1876), die erste Zwillingsstudie von Merrimean (1924).
- Annahmen:
 1. Unterliegt ein Merkmal genetischer Beeinflussung, dann sollten sich hinsichtlich dieses Merkmals die EZ ähnlicher sein als die ZZ
 2. Die Umwelt ist für EZ nicht ähnlicher als für ZZ.
- Mit der Untersuchung getrennt aufgewachsener EZ wird untersucht, welchen konstanten Anteil die Gene bei variierter Umwelt haben. Dabei wird angenommen, daß EZ im Schnitt genetisch zu 100% identisch sind und ZZ zu 50%.
- Ergebnisse:
 1. In einigen Untersuchungen ist die Ähnlichkeit der gemeinsam aufgewachsenen EZ geringer als bei den getrennt aufgewachsenen. Mögliche Erklärung: Schon früher beobachtete Rollendifferenzierung in einen führenden Zwilling der eine dominantere Rolle einnimmt
 2. Die Varianz von *Extraversion, Neurotizismus und Offenheit* (big five) scheint nach den Untersuchungen zu ca. 50% genetisch erklärbar zu sein (die andere Hälfte durch rudimentäre Effekte der Umgebung und den Messfehler; die gemeinsame Umwelt hat dagegen kaum einen Einfluss). Für *Verträglichkeit und Gewissenhaftigkeit* dagegen wurden andere Werte ermittelt: niedrige Korrelationen für getrennt aufgewachsene Paarlänge und Korrelationen um .45 bei gemeinsam aufgewachsenen
- Probleme:
 - In der pränatalen Entwicklung bei MZ und DZ haben wir unterschiedliche Umweltbedingungen
 - Es hat sich gezeigt, dass EZ länger miteinander spielen, öfter die selbe Schule besuchen, häufiger ähnlich behandelt, gleich gekleidet und miteinander verwechselt werden als ZZ (bis jetzt konnte diesen Unterschieden allerdings kein Einfluss nachgewiesen werden)
 - Es werden nur die Familien-Binnenvarianzen berücksichtigt und nicht die Varianzen zwischen den Familien
 - ZZ werden bei gleichem Geschlecht vermutlich ähnlicher behandelt als ZZ unterschiedlichen Geschlechts
 - Ganz allgemeinen sind männliche Zwillinge und ZZ unterrepräsentiert in den vorhandenen Studien

6.4.2 Adoptionsstudien:

- Der Kontrast von Gen- und Umwelteinflüssen lässt sich untersuchen, indem bestimmte Merkmale von Adoptivkindern mit denen der leiblichen Eltern (geteilte Gene), und denen der Adoptiveltern (geteilte Umwelt) verglichen werden.
- Ergebnisse:
 - Die Eltern – Kind – Korrelationen des IQ in den biologischen Familien (ca. .40) sind signifikant höher als in den Adoptivfamilien (ca. .12), was auf einen hohen genetischen Faktor hinweisen könnte, aber auch daran liegen könnte, dass adoptierte Kinder anders behandelt werden als leibliche Kinder (auch durch das Verhalten der adoptierten Kinder ausgelöst, die um ihre Adoption wissend die Erziehung entsprechend beeinflussen)
 - Die Eltern – Kind – Korrelationen im Wortschatz – Untertest waren die einzigen deutlich überzufällig hohen Korrelationswerte (ca. .23) in den Adoptivfamilien, was auf die wichtige Rolle der Sprache bei allen Interaktionen und auf den Gebrauch ähnlicher Begriffe innerhalb einer Familie hinweist
 - Bei allgemeinen Leistungstests korrelierten die Werte biologischer Geschwister mit ca. .30, bei fehlender Verwandtschaft der Geschwister dagegen nur mit ca. .09 bzw. .03 > die selbe Familie, Nachbarschaft und Schule haben kaum einen Einfluss ohne gemeinsame Erbanlagen
- Probleme:
 - Repräsentativität von Adoptionsstudien
 - Die pränatale Umwelt ist von der leiblichen Mutter geprägt
 - **Selektive Plazierung:** beschreibt den Grad, in dem eine Adoptionsfamilie zum Beispiel in Sachen ökonomischer Status und Bildung mit der leiblichen Familie übereinstimmt (Varianz zwischen den Adoptionsfamilien geringer als in der Population)
 - die daraus entstehende homogene Stichprobe senkt den Korrelationskoeffizient und überbetont daher den genetischen Anteil an den Persönlichkeitsmerkmalen
- Was folgt aus der Varianzreduktion bei homogenen Stichproben?