

Genetische Diversität

Bestimmung genetischer Diversität

Phänotypische Ähnlichkeit

Verwandtschaft

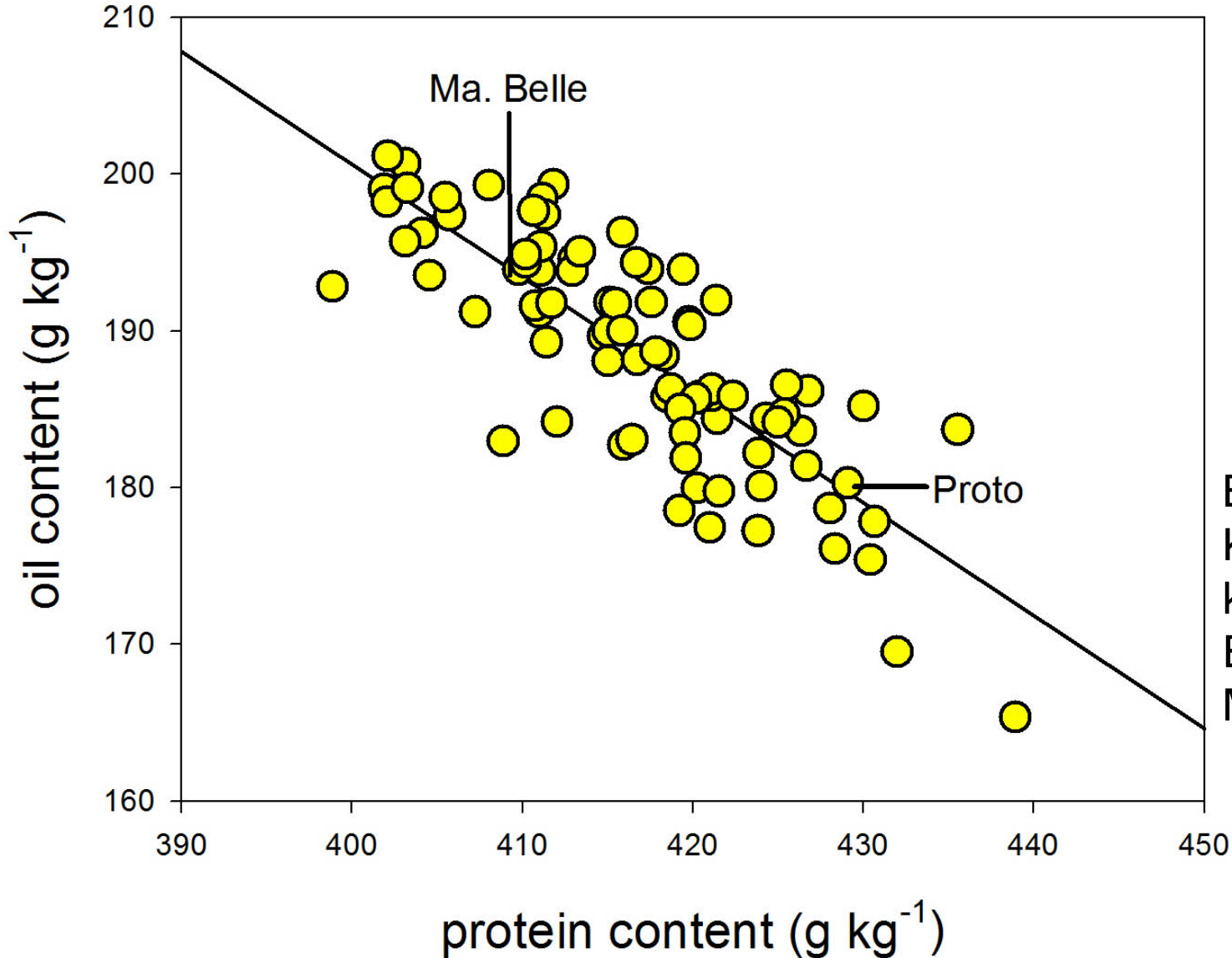
Molekulare Marker

Darstellung genetischer Diversität

Genetische Distanzmatrix

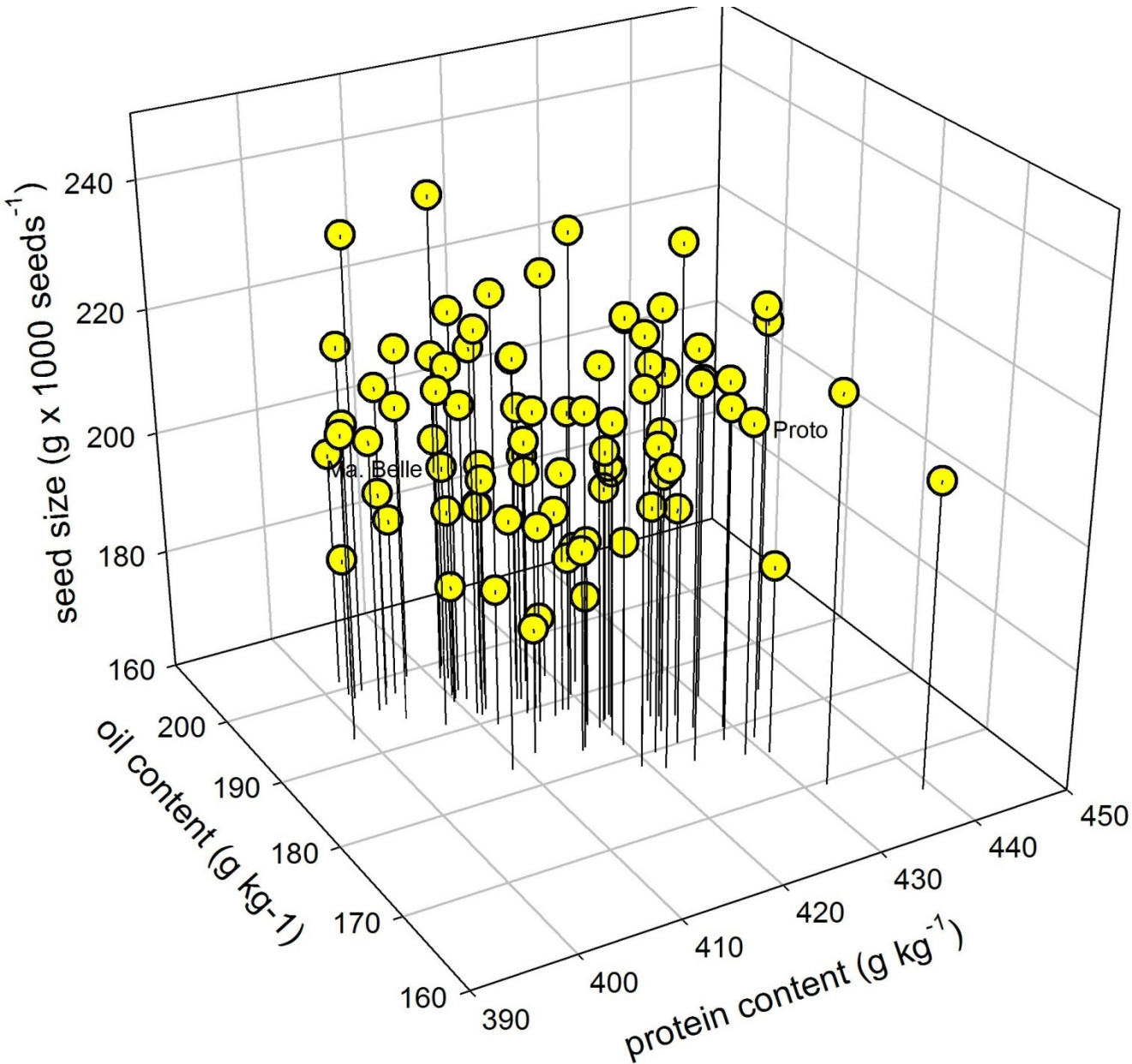
Dendrogramm, Principal Components/Coordinates usw.

Phänotypische Ähnlichkeit



Beispiel:
Kreuzungsnach-
kommen mit
Eltern, 2
Merkmale

Phänotypische Ähnlichkeit



Beispiel:
Kreuzungsnach-
kommen mit
Eltern, 3 Merkmale

Phänotypische Ähnlichkeit

G R Arche Noah 2007

150 alte Sorten der Sojabohne

entry	name
1	Nanking
2	Hei-He Nr. 3
3	Wilenska Brunatna 2
4	Dornburger Stamm 106
5	Chmelarovska brenská SVA
6	Roudnicka Cierná
7	Gatersleben 13
8	v. Japonica
9	v. Kiszelnicka
10	Szklista
11	15761-Norddeutsch-Schwarz matt
12	Altonagaarden
13	Dieckmannova Cierna
14	Baburka Przebedowska
15	Alurzynka
16	Amurskaja 262
17	Altongaard
18	Dr. Esycok
19	Fruhwirts Schwarze Pedoja
20	Amurskaja
21	Char'kovskaja 149
22	Light Green
23	Rekord Severnyj
24	Nagy Szemü Fehér
25	Gelbe Riesen
26	D-747
27	Rouest 68
28	Kouban 0.375
29	Zolta Przebedowska
30	Kou-shou
	...

Beispiel:

Sojabohnen-Sammlung d. Arche Noah

Evaluierung von agronomischen
Merkmalen und Qualitätsparametern

Phänotypische Ähnlichkeit

entry	name	Adjustierte Mittelwerte									Z-transformierte Werte							
		reife	wuchsh	nafa	vnaverf	samenf	tkg	prot	oil	po	reife	wuchsh	nafa	vnaverf	samenf	tkg	prot	oil
1	Nanking	42,73	76,00	5,00	0,10	5,00	167,40	379,50	237,01	616,00	0,31	1,98	1,47	-2,13	2,73	0,55	-1,28	2,64
2	Hei-He Nr. 3	49,97	58,97	2,50	3,00	1,00	154,68	414,03	185,06	599,69	1,47	0,04	-0,61	0,91	-0,38	0,04	0,5	-0,46
3	Wilenska Brunatn	30,47	62,81	3,00	0,10	3,00	124,77	418,93	182,47	599,79	-1,67	0,48	-0,19	-2,13	1,17	-1,17	0,76	-0,62
4	Dornburger Stamm	29,14	34,44	3,00	0,10	3,00	183,16	418,09	188,04	609,29	-1,89	-2,75	-0,19	-2,13	1,17	1,19	0,71	-0,29
5	Chmelarowska brei	50,93	60,04	3,00	0,10	3,00	131,82	419,28	169,82	589,52	1,63	0,17	-0,19	-2,13	1,17	-0,88	0,78	-1,37
6	Roudnicka Cierná	48,40	56,23	5,00	0,10	5,00	117,16	429,36	178,31	610,08	1,22	-0,27	1,47	-2,13	2,73	-1,47	1,3	-0,87
7	Gatersleben 13	44,06	73,82	5,00	0,10	5,00	175,58	369,33	234,55	599,64	0,52	1,74	1,47	-2,13	2,73	0,88	-1,81	2,49
8	v. Japonica	39,96	63,97	5,00	0,10	5,00	130,56	408,79	208,97	613,17	-0,14	0,61	1,47	-2,13	2,73	-0,93	0,23	0,96
9	v. Kiszelnicka	40,54	65,71	5,00	0,10	5,00	182,37	361,11	236,07	597,31	-0,05	0,81	1,47	-2,13	2,73	1,16	-2,23	2,58
10	Szklista	45,91	64,18	5,00	0,10	5,00	146,75	420,89	195,36	614,56	0,82	0,64	1,47	-2,13	2,73	-0,28	0,86	0,15
11	15761-Norddeutsc	48,66	68,89	5,00	0,10	5,00	134,17	387,55	204,99	597,46	1,26	1,17	1,47	-2,13	2,73	-0,79	-0,87	0,73
12	Altonagaarden	43,31	63,65	5,00	0,10	5,00	170,85	368,17	240,01	606,04	0,4	0,58	1,47	-2,13	2,73	0,69	-1,87	2,82
13	Dieckmannova Cie	39,48	63,07	5,00	0,10	5,00	166,49	374,45	212,80	582,38	-0,22	0,51	1,47	-2,13	2,73	0,52	-1,54	1,19
14	Baburka Przebedc	49,39	73,52	5,00	0,10	5,00	142,31	427,03	183,86	611,51	1,38	1,7	1,47	-2,13	2,73	-0,46	1,18	-0,54
15	Alurzynka	34,85	52,40	5,00	0,10	5,00	130,23	392,20	235,28	623,99	-0,97	-0,7	1,47	-2,13	2,73	-0,95	-0,63	2,53
16	Amurskaja 262	52,32	68,76	5,00	0,10	5,00	123,92	402,25	198,78	596,28	1,85	1,16	1,47	-2,13	2,73	-1,2	-0,11	0,36
17	Altongaard	50,03	74,71	5,00	0,10	5,00	138,17	428,80	192,19	618,87	1,48	1,84	1,47	-2,13	2,73	-0,63	1,27	-0,04
18	Dr. Esycok	49,16	74,66	5,00	0,10	5,00	126,68	419,59	194,19	617,38	1,34	1,83	1,47	-2,13	2,73	-1,09	0,79	0,08
19	Fruhwirts Schwarz	45,29	73,06	5,00	0,10	5,00	131,46	413,63	196,22	614,42	0,72	1,65	1,47	-2,13	2,73	-0,9	0,48	0,2
20	Amurskaja	43,54	63,42	5,00	0,10	5,00	121,76	423,05	178,31	602,52	0,44	0,55	1,47	-2,13	2,73	-1,29	0,97	-0,87

Beispiel:

Sojabohnen-Sammlung d. Arche Noah

Evaluierung von agronomischen
 Merkmalen und Qualitätsparametern

Phänotypische Ähnlichkeit

entry	name	Principal Component:			Principal Components ohne Samenmerkmale		
		pc1	pc2	pc3	pc1	pc2	pc3
1	Nanking	2,78	-1,01	0,23	2,5482	0,8582	1,7404
2	Hei-He Nr. 3	-0,5	0,5	0,99	-0,493	0,9867	0,0904
3	Wilenska Brunatna 2	1,22	0,6	-1,1	-0,336	-1,261	0,0289
4	Dornburger Stamm 106	0,97	1,45	-1,2	-0,893	-1,161	1,2823
5	Chmelarovska brenská SVA	1,07	0,88	1,1	-1,116	0,6688	-0,957
6	Roudnicka Cierná	2,54	1,45	0,05	-0,782	0,1011	0,6277
7	Gatersleben 13	2,39	-1,52	0,57	2,388	0,9342	0,5407
8	v. Japonica	2,66	0,23	-0,7	0,8874	-0,352	1,2442
9	v. Kiszelnicka	2,22	-1,67	0,06	2,4018	0,381	0,4217
10	Szklista	2,63	0,98	0,41	0,0689	0,7115	1,2989
11	15761-Norddeutsch-Schwarz matt	2,38	-0,59	0,46	1,0392	0,5117	-0,194
12	Altonagaarden	2,47	-1,37	-0,1	2,4916	0,372	1,0773
13	Dieckmannova Cierna	1,87	-1,26	0,04	1,1755	-0,044	-0,911
14	Baburka Przebedowska	2,65	1,15	1,17	-0,296	1,3708	0,8616
15	Alurzynka	2,83	-0,33	-2,1	2,0598	-1,451	2,3296
16	Amurskaja 262	2,43	-0,14	0,75	0,5321	0,7321	-0,295
17	Altongaard	2,87	1,16	1,03	0,0837	1,391	1,4868
18	Dr. Esycok	2,86	0,79	0,66	0,3887	0,9809	1,2429
19	Fruhwrts Schwarze Pedoja	2,74	0,55	0,32	0,5134	0,608	1,0751
20	Amurskaja	2,38	0,97	****	-0,583	-0,047	0,0739

Beispiel:

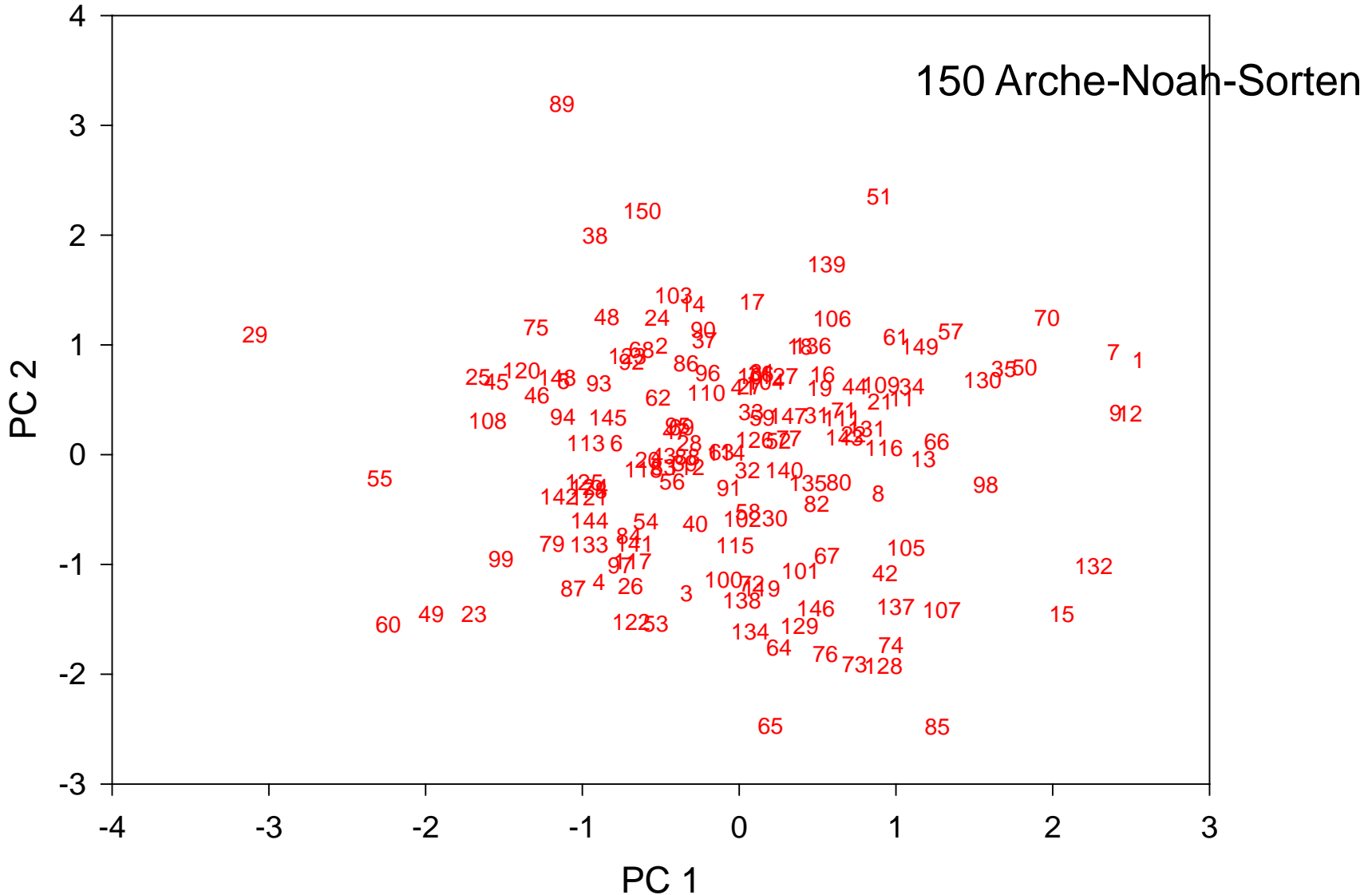
Sojabohnen-Sammlung d. Arche Noah

Evaluierung von agronomischen Merkmalen und Qualitätsparametern

Berechnung von Principal Components

Genetische Diversität

Phänotypische Ähnlichkeit



Phänotypische Ähnlichkeit

Proximity Matrix		Squared Euclidean Distance															
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	Nanking		43,192	30,841	45,679	37,253	29,192	2,298	9,422	5,093	13,54	9,486	3,047	12,108	18,527	11,952	15,32
2	Hei-He Nr. 3	43,192		23,453	32,955	14,298	27,21	41,799	30,433	44,179	26,105	28,589	41,76	35,458	27,642	44,942	27,294
3	Wilenska Brunatna 2	30,841	23,453		16,769	12,33	15,259	32,051	11,585	32,562	14,262	18,909	31,928	20,71	17,584	22,901	19,85
4	Domburger Stamm 106	45,679	32,955	16,769		28,94	28,772	45,943	25,971	39,138	26,571	38,919	38,149	31,151	38,729	26,046	42,418
5	Chmelarowska brenská SVA	37,253	14,298	12,33	28,94		9,233	34,27	17,988	37,634	12,922	13,87	35,691	22,942	11,852	37,828	10,393
6	Roudnicka Cierná	29,192	27,21	15,259	28,772	9,233		31,731	7,482	35,132	3,77	10,853	29,803	24,026	5,068	21,845	7,266
7	Gatersleben 13	2,298	41,799	32,051	45,943	34,27	31,731		12,709	1,475	16,725	7,699	1,777	5,917	21,587	16,856	13,981
8	v. Japonica	9,422	30,433	11,585	25,971	17,988	7,482	12,709		14,766	2,407	5,216	11,121	11,601	6,883	6,407	6,732
9	v. Kiszelnicka	5,093	44,179	32,562	39,138	37,634	35,132	1,475	14,766		20,278	10,942	1,165	4,415	28,142	14,873	18,763
10	Szklista	13,54	26,105	14,262	26,571	12,922	3,77	16,725	2,407	20,278		6,006	16,159	15,44	2,118	13,929	5,392
11	15761-Norddeutsch-Schwarzrn	9,486	28,589	18,909	38,919	13,87	10,853	7,699	5,216	10,942	6,006		9,163	6,516	7,503	16,532	1,242
12	Altonagaarden	3,047	41,76	31,928	38,149	35,691	29,803	1,777	11,121	1,165	16,159	9,163		6,881	24,302	9,965	15,831
13	Dieckmannova Cierna	12,108	35,458	20,71	31,151	22,942	24,026	5,917	11,601	4,415	15,44	6,516	6,881		20,938	18,312	11,688
14	Baburka Przebedowska	18,527	27,642	17,584	38,729	11,852	5,068	21,587	6,883	28,142	2,118	7,503	24,302	20,938		25,281	5,065
15	Alurzynka	11,952	44,942	22,901	26,046	37,828	21,845	16,856	6,407	14,873	13,929	16,532	9,965	18,312	25,281		21,623
16	Amurskaja 262	15,32	27,294	19,85	42,418	10,393	7,266	13,981	6,732	18,763	5,392	1,242	15,831	11,688	5,065	21,623	
17	Altongaard	16,528	30,121	20,284	41,903	15,808	6,417	21,568	6,514	28,799	2,329	8,72	23,617	24,216	0,676	22,964	6,373
18	Dr. Esycok	14,642	30,195	18,652	42,409	15,359	6,088	19,25	4,915	26,094	2,416	6,344	21,065	21,57	1,178	20,107	4,576
19	Fruhwirts Schwarze Pedoja	11,456	29,161	14,512	36,189	14,898	6,195	15,179	2,463	20,498	1,56	4,55	16,631	16,069	1,72	15,665	4,182
20	Amurskaja	24,047	26,791	9,809	28,362	8,342	1,807	25,217	5,128	28,635	3,193	7,422	25,676	16,94	3,589	20,88	5,31
21	Char'kovskaja 149	14,025	35,428	28,418	18,54	29,713	18,48	15,845	10,3	13,442	10,218	15,784	9,501	16,134	20,454	8,673	19,69
22	Light Green	29,401	6,065	18,969	29,668	23,886	33,853	28,992	24,531	29,607	26,104	25,897	29,135	26,132	30,492	32,369	29,269
23	Rekord Sevemyj	71,21	19,438	18,678	14,73	29,216	36,757	73,722	41,536	70,495	40,526	55,776	67,804	56,255	48,183	49,157	55,092
24	Nagy Szemü Fehér	33,932	4,641	18,788	31,227	11,093	24,022	30,228	24,613	32,52	20,514	20,049	32,933	22,895	20,69	41,827	20,156
25	Gelbe Riesen	52,861	7	18,808	17,662	17,543	27,475	53,603	32,968	53,707	26,951	39,423	51,877	42,386	30,352	47,072	38,228
26	D-747	49,795	18,731	17,17	6,355	27,475	29,52	52,358	28,455	47,793	28,969	41,938	44,479	40,234	39,78	29,381	43,643
27	Rouest 68	29,449	4,258	14,376	26,354	9,07	22,817	26,183	20,754	27,611	19,317	17,233	27,11	19,762	21,578	33,586	18
28	Kouban 0.375	30,8	6,345	10,395	19,767	10,226	19,245	28,712	17,706	29,119	16,767	18,503	28,617	19,616	20,101	29,672	19,181
29	Zolta Przebedowska	85,4	16,44	36,087	33,667	28,802	38,672	87,791	55,098	89,432	44,031	63,746	85,705	72,654	44,999	75,242	58,411
30	Kou-shou	43,821	7,583	20,089	26,497	23,186	39,626	39,062	33,567	36,683	35,973	32,815	37,957	28,027	42,019	41,076	36,054

Beispiel:

Sojabohnen-Sammlung d. Arche Noah

Evaluierung von agronomischen Merkmalen und Qualitätsparametern

Berechnung einer Distanzmatrix

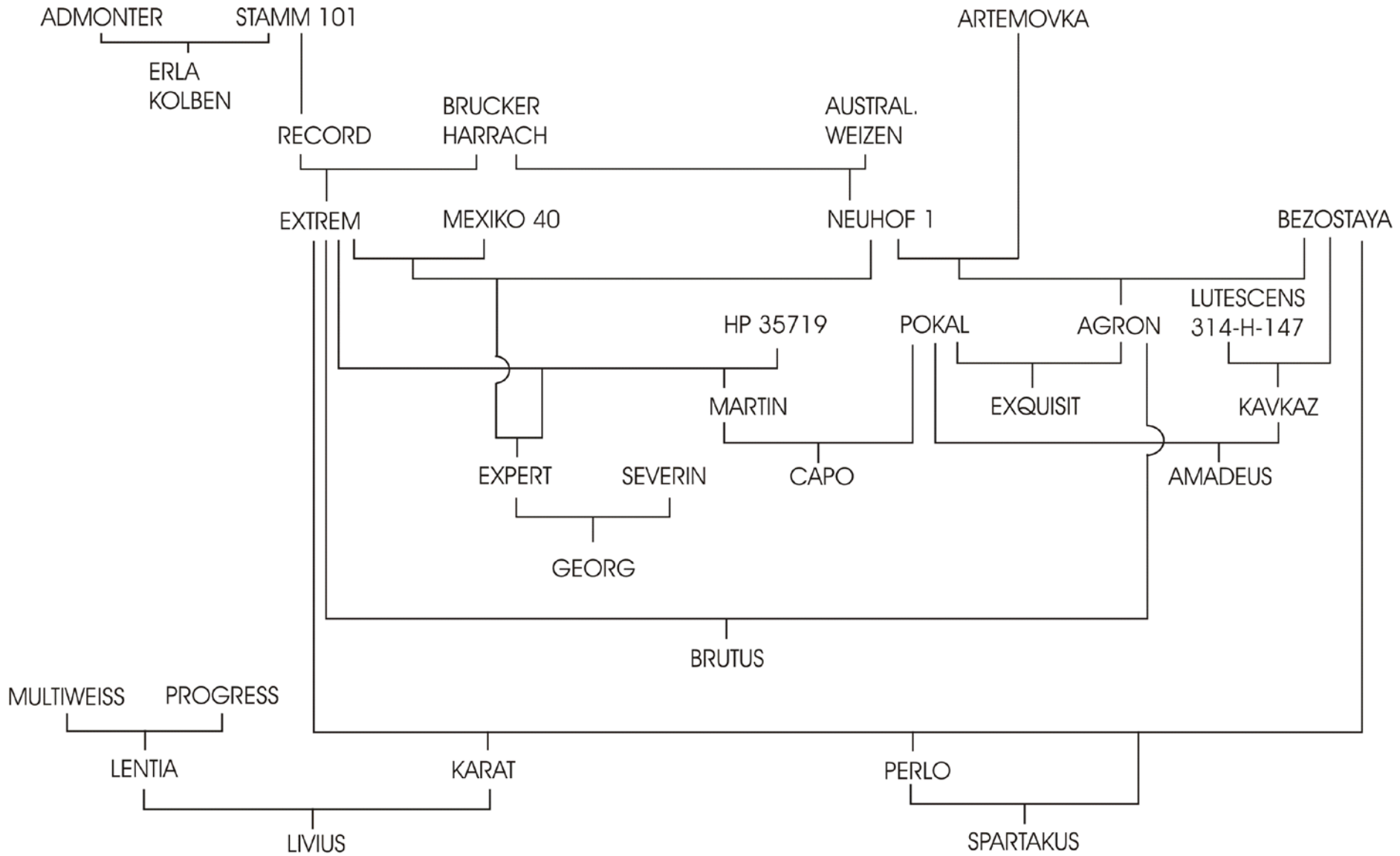
Verwandtschaft

- Verwandtschaftsinformationen (Pedigree)
- Berechnung des Coefficient of parentage (cop)

cop – Annahmen:

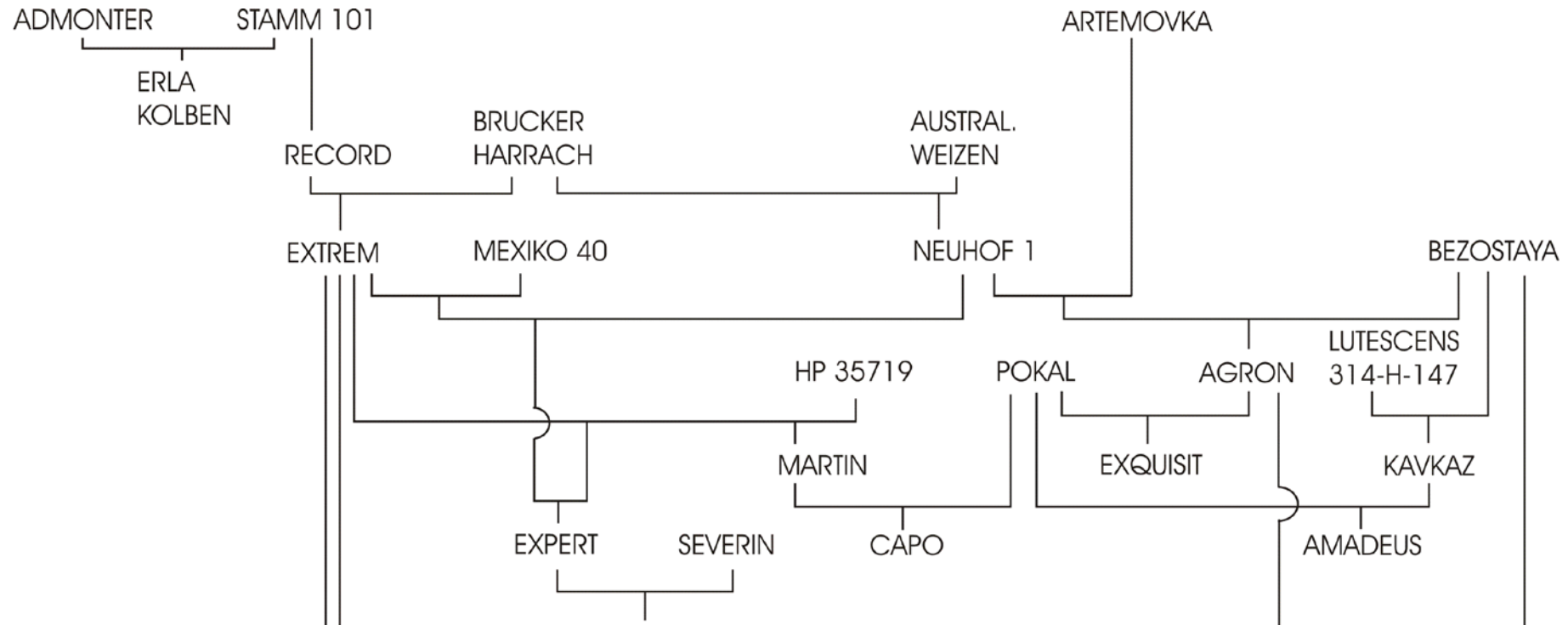
1. Eine Sorte aus einer best. Kreuzung erhält jeweils die Hälfte der Gene von den beiden Eltern.
2. Zwei Sorten, die einen gemeinsamen Elter aufweisen, haben also rein statistisch an 50 % der Genorte die gleichen Allele, also $\text{cop}=0.5$. Zwei Sorten mit einem gemeinsamen Großelter haben 25 % der Genloci gemeinsam, also $\text{cop}=0.25$. Dagegen haben zwei Sorten ohne gemeinsame Vorfahren einen cop von 0.
3. Direkte Selektion aus einer Sorte: cop von 0.75 angenommen.
4. Weitere Voraussetzungen: Vorfahren nicht miteinander verwandt, alle Sorten, Vorfahren bzw. Elternlinien sind homozygot und homogen

Genetische Diversität Verwandtschaft



Pedigrees österr. Qualitätsweizensorten

Genetische Diversität Verwandtschaft



Coefficient of parentage									
	1	2	3	4	5	6	7	8	
1 Agron	1.00								
2 Amadeus	0.25	1.00							
3 Brutus	0.50	0.25	1.00						
4 Capo	0.00	0.50	0.25	1.00					
5 Exquisit	0.25	0.75	0.50	0.50	1.00				
6 Livius	0.50	0.25	0.50	0.25	0.25	1.00			
7 Perlo	0.50	0.25	0.75	0.25	0.25	0.50	1.00		
8 Spartakus	0.50	0.25	0.75	0.25	0.25	0.50	1.00	1.00	

Pedigrees österr. Qualitätsweizensorten

Coefficient of parentage

a. cop-Werte geschätzt aufgrund einfacher Verwandtschaftsinformationen (bis zu Großeltern)

	1	2	3	4	5	6	7	8
1 Agron	1,000							
2 Amadeus	0,250	1,000						
3 Brutus	0,500	0,250	1,000					
4 Capo	0,000	0,500	0,250	1,000				
5 Exquisit	0,500	0,750	0,500	0,500	1,000			
6 Livius	0,250	0,250	0,500	0,250	0,250	1,000		
7 Perlo	0,500	0,250	0,750	0,250	0,250	0,500	1,000	
8 Spartakus	0,500	0,250	0,750	0,250	0,250	0,500	1,000	1,000

b. cop-Werte errechnet aufgrund der gesamten vorhandenen Verwandtschaftsinformation (Programm KIN)

	1	2	3	4	5	6	7	8
1 Agron	1,000							
2 Amadeus	0,189	1,000						
3 Brutus	0,547	0,097	1,000					
4 Capo	0,025	0,263	0,140	1,000				
5 Exquisit	0,501	0,344	0,277	0,276	1,000			
6 Livius	0,149	0,119	0,202	0,089	0,100	1,000		
7 Perlo	0,297	0,190	0,398	0,128	0,151	0,252	1,000	
8 Spartakus	0,297	0,190	0,398	0,128	0,151	0,252	0,750	1,000

Probleme von phänotypischer Ähnlichkeit und Verwandtschaft

Phänotyp ist umweltabhängig, brauchbare Ergebnisse nur mit Merkmalen hoher Heritabilität oder Screenings über mehrere Umwelten

Verwandtschaft (cop-Berechnung): Pedigrees oft nicht bekannt oder falsch, Annahmen über Allelverteilung beschreiben Wahrscheinlichkeiten, die zB durch Selektion verschoben werden.

Daher: Molekulare Marker

Molekulare Marker

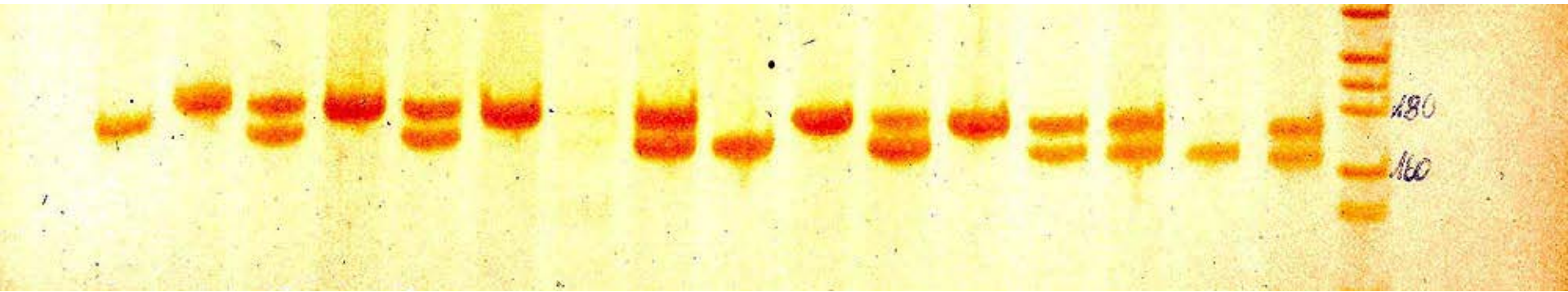
Molekulare Marker wie Proteinmarker oder DNA-Marker sind im Vergleich zu phänotypischen Merkmalen unabhängig von Umwelteinflüssen.

Sie beschreiben tatsächliche Verhältnisse auf best. Genloci (nicht bloß Wahrscheinlichkeiten wie cop-values).

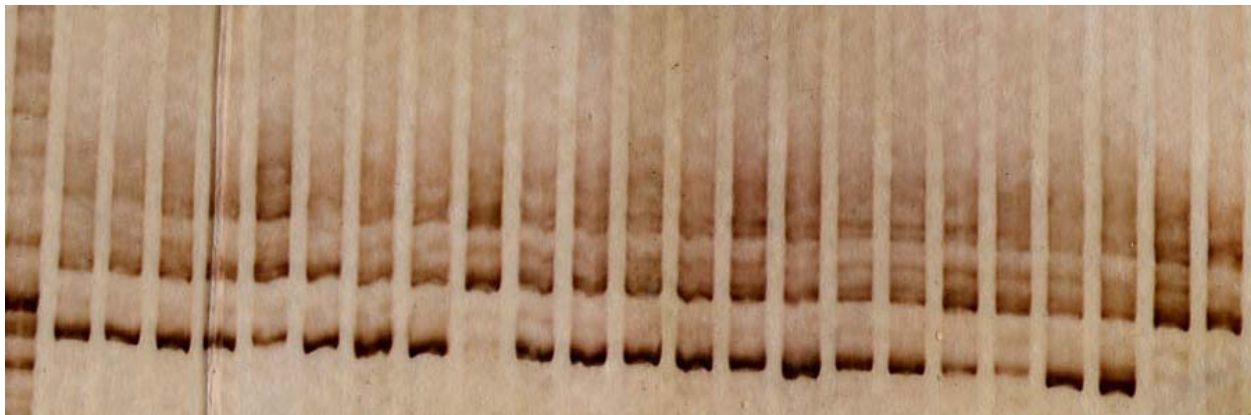
Pedigree-Informationen sind nicht nötig, vollkommen unbekannte Genotypen können eingeordnet werden.

Je mehr Marker verwendet werden (Markerdichte), umso größer ist die Präzision der Schätzung der genetischen Distanz bzw. Diversität.

PCR-Marker



Mikrosatelliten-Marker (SSRs) in einer Sojabohnen-F₂-Population (homozygote (1 Bande) und heterozygote (2 Banden) Genotypen sind unterscheidbar)



RAPD-Marker bei Leindotter: Dominanter Marker, eine Bande ist anwesend oder nicht.

Molekulare Marker

Vorgangsweise

DNA – Extraktion

Marker-Analyse (Primer, Marker-Banden, binäre Kodierung)

Berechnung genetischer Distanzen

Darstellung der Diversität

Molekulare Marker

Beispiel

Diversität zw. 60 Weizensorten (Ö, D, H, jeweils Futter- u. Qualitätsweizen),
42 SSR-Marker (je ein Marker pro Chromosomen-Schenkel)

Beispiel

Diversität zw. 60 Weizensorten

SSR-Tabelle

	Primer		
	1	2	3
Sorte			
AQ1	1	0	5
AQ2	1	0	5
AQ3	1	0	5
AQ4	2	1	5
AQ5	1	6	3
AQ6	1	0	5
AQ7	2	4	3
AQ8	1	4	6
AQ9	1	0	5
AQ10	2	3	5

Binäre Kodierung (present/absent)

	Primer	1							2							3									
	Allel	1	2	0	1	2	3	4	5	6	7	1	2	3	4	5	6	7	1	2	3	4	5	6	7
1	AQ	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
2	AQ	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
3	AQ	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
4	AQ	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
5	AQ	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
6	AQ	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
7	AQ	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
8	AQ	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
9	AQ	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
10	AQ	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0

Distanzberechnung

Molekulare Marker

Darstellung genetischer Diversität

Genetische Distanzmatrix

Dendrogramm, Principal Components/Coordinates usw.

Genetische Diversität

Molekulare Marker

Genetische Distanzmatrix

60 Sorten: (60 x 59) / 2 = 1770 Distanzpaare

	AQ 1	AQ 2	AQ 3	AQ 4	AQ 5	AQ 6	AQ 7	AQ 8	AQ 9
1 AQ Agron									
2 AQ Amadeus	0,309524								
3 AQ Brutus	0,238095	0,428571							
4 AQ Capo	0,333333	0,285714	0,380952						
5 AQ Erla Kolben	0,523810	0,547619	0,452381	0,523810					
6 AQ Exquisit	0,357143	0,404762	0,333333	0,428571	0,452381				
7 AQ Georg	0,547619	0,523810	0,476190	0,500000	0,476190	0,428571			
8 AQ Livius	0,547619	0,571429	0,523810	0,523810	0,428571	0,452381	0,500000		
9 AQ Perlo	0,285714	0,404762	0,285714	0,428571	0,571429	0,261905	0,476190	0,404762	
10 AQ Spartakus	0,380952	0,452381	0,333333	0,428571	0,571429	0,285714	0,428571	0,452381	0,119048
11 AF Artus	0,428571	0,428571	0,500000	0,476190	0,404762	0,380952	0,500000	0,452381	0,428571
12 AF Campus	0,571429	0,500000	0,571429	0,500000	0,476190	0,547619	0,571429	0,357143	0,547619
13 AF Claudius	0,476190	0,500000	0,500000	0,571429	0,547619	0,523810	0,428571	0,547619	0,547619
14 AF Dominus	0,404762	0,357143	0,500000	0,380952	0,595238	0,428571	0,547619	0,547619	0,547619
15 AF Gambrinus	0,500000	0,547619	0,571429	0,571429	0,476190	0,523810	0,428571	0,523810	0,642857

Molekulare Marker

Dendrogramm, Principal Components/Coordinates usw.:

Visualisierung genetischer Diversität



Genet. Diversität bei Kürbissen (*Cucurbita pepo*) (Gong et al., 2012)

Clusteranalyse

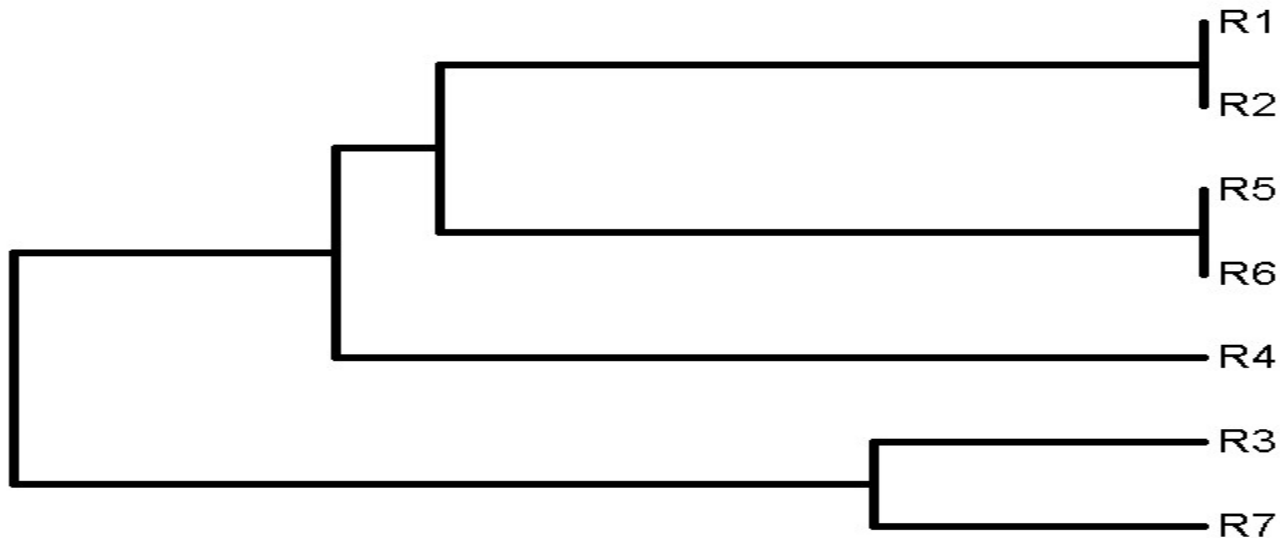
Methode

Eine Vielzahl von Genotypen wird aufgrund von Beobachtungen in vielen Merkmalen oder Markerdaten in Gruppen ähnlicher Genotypen gegliedert. Ähnliche Genotypen liegen nahe beieinander oder auf benachbarten Ästen.

Dendrogramm (Baumdiagramm)

Ergebnisdarstellung

Genotypen



← Genetische Distanz

Molekulare Marker / Darstellung der Diversität

Dendrogramm

Baumdiagramm

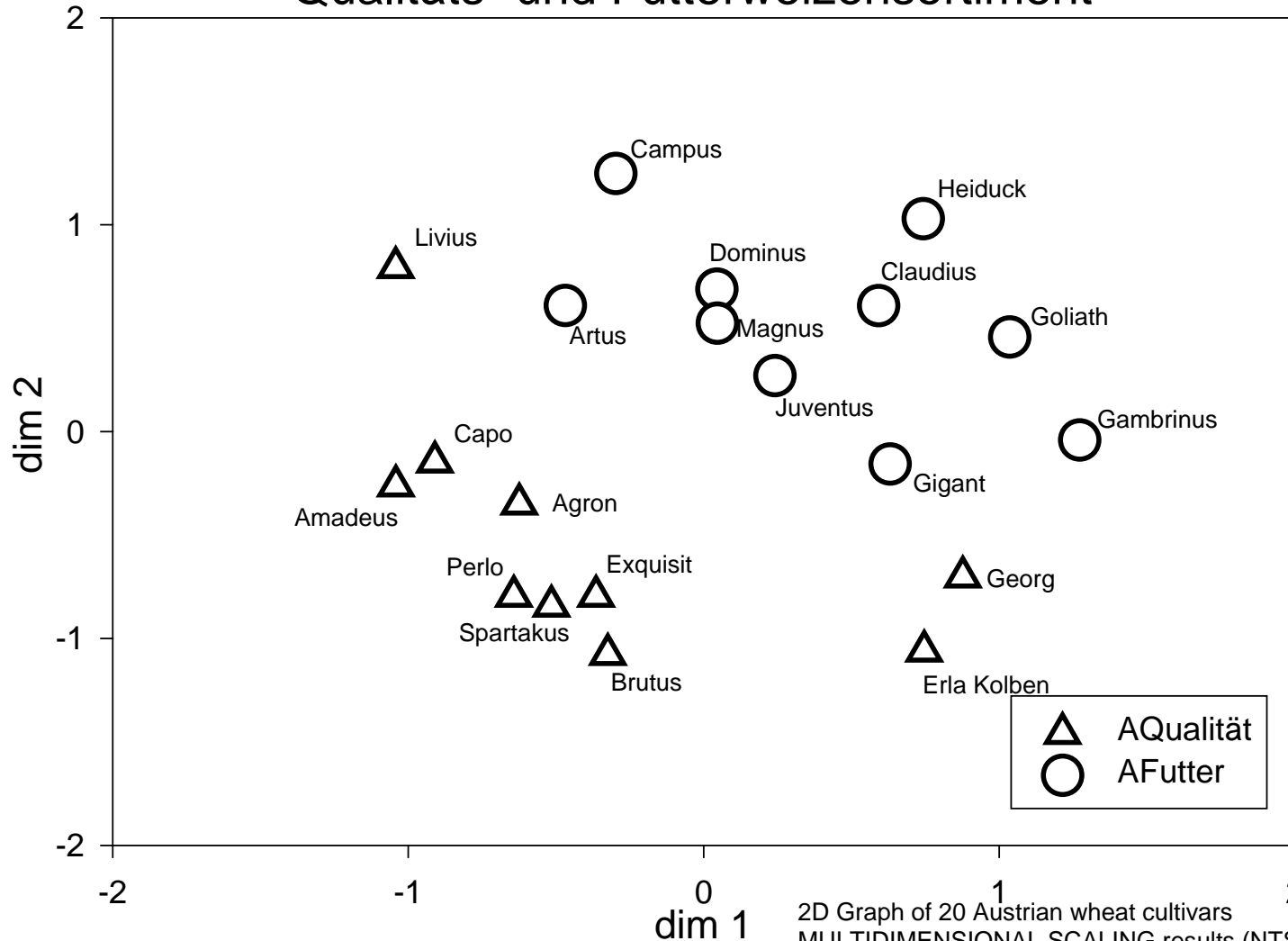
Principal Components/Coordinates

Multidimensional scaling

Streudiagramme

Streudiagramm (Beispiel)

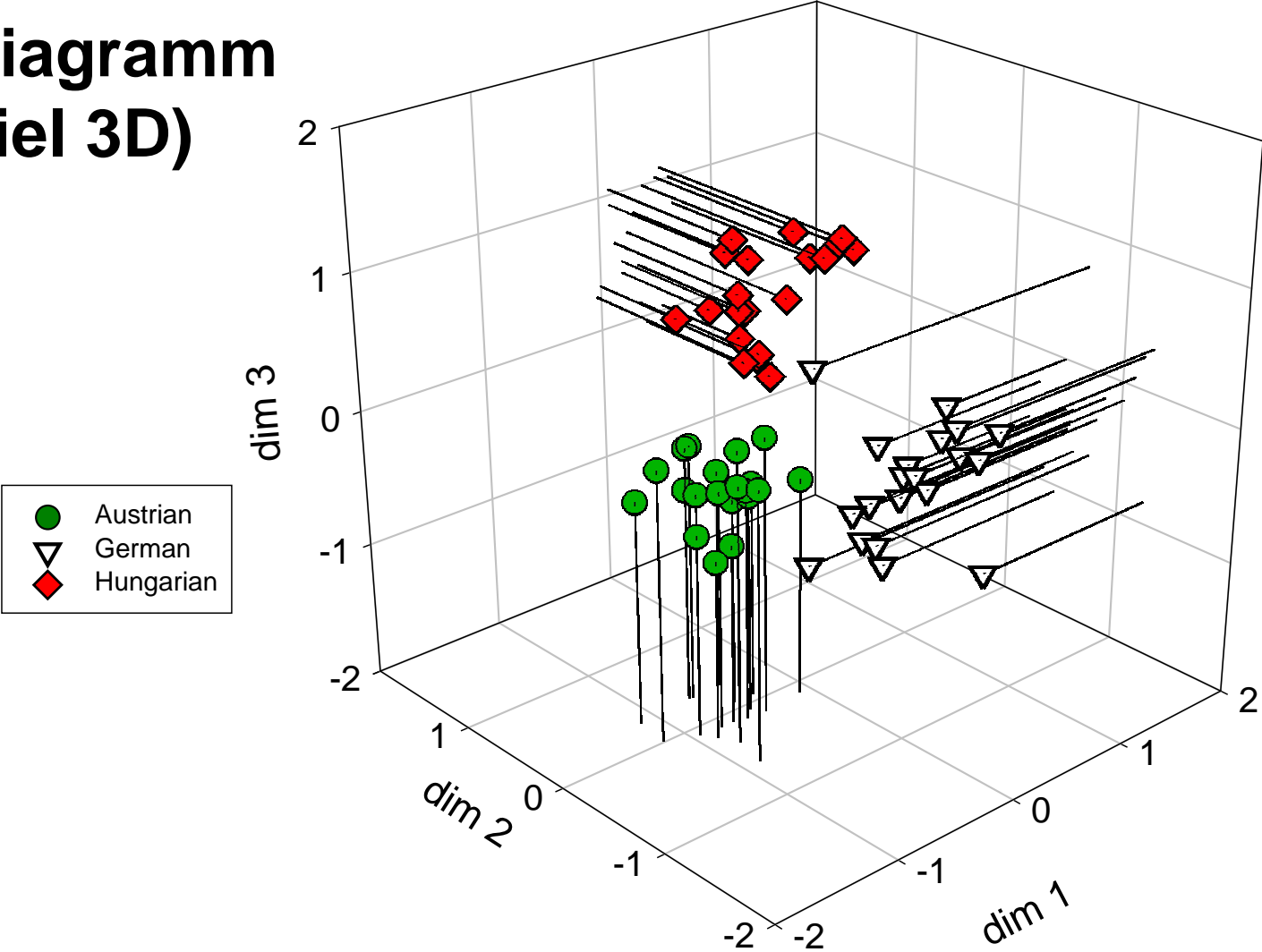
Genetische Diversität im österreichischen Qualitäts- und Futterweizensortiment



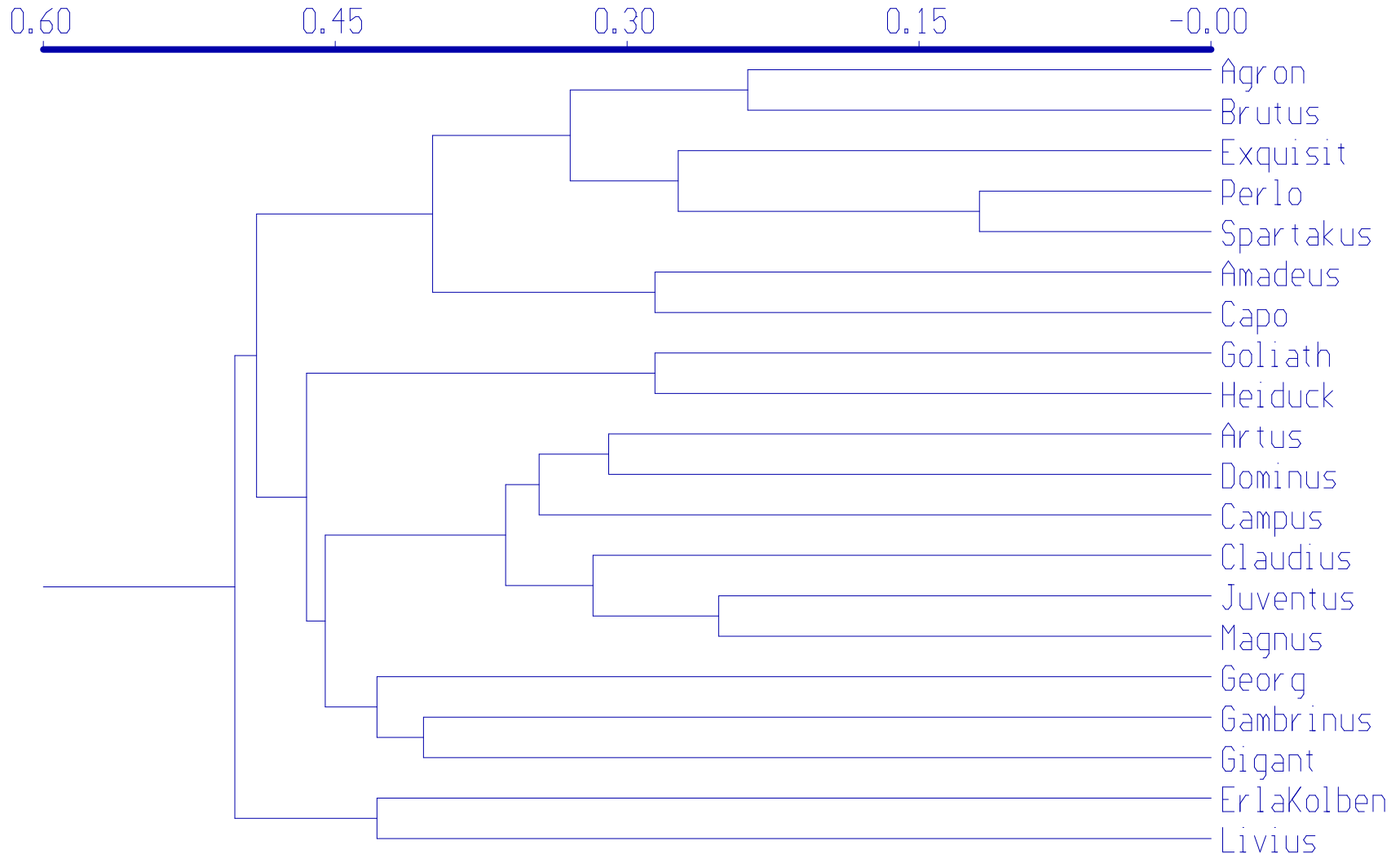
2D Graph of 20 Austrian wheat cultivars
MULTIDIMENSIONAL SCALING results (NTSYS-pc)
from Nei&Li genetic distance matrix based on 42 SSR markers

Genetische Diversität in mitteleuropäischen Weizensorten aus Österreich, Deutschland und Ungarn

Streudiagramm (Beispiel 3D)

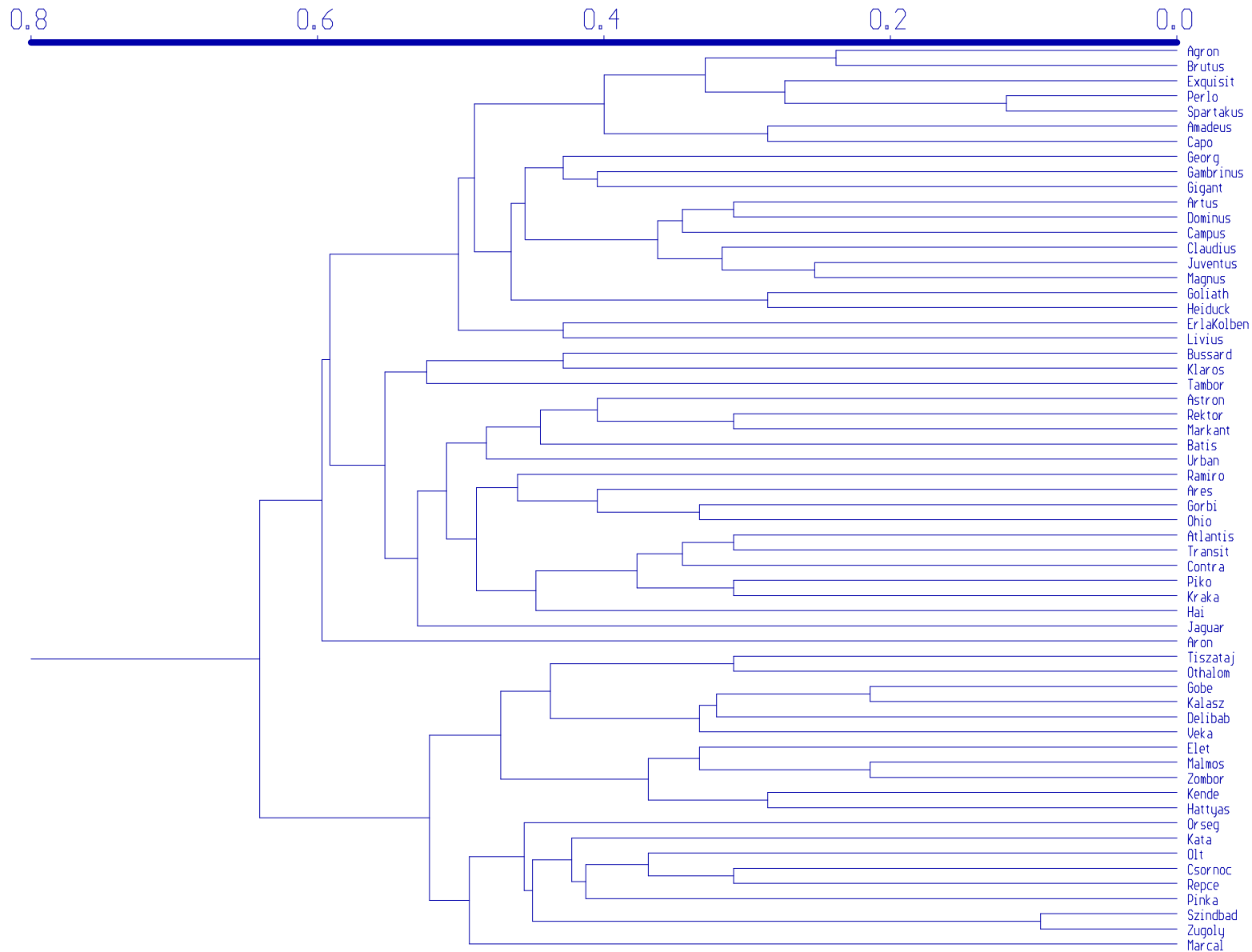


genetic distance



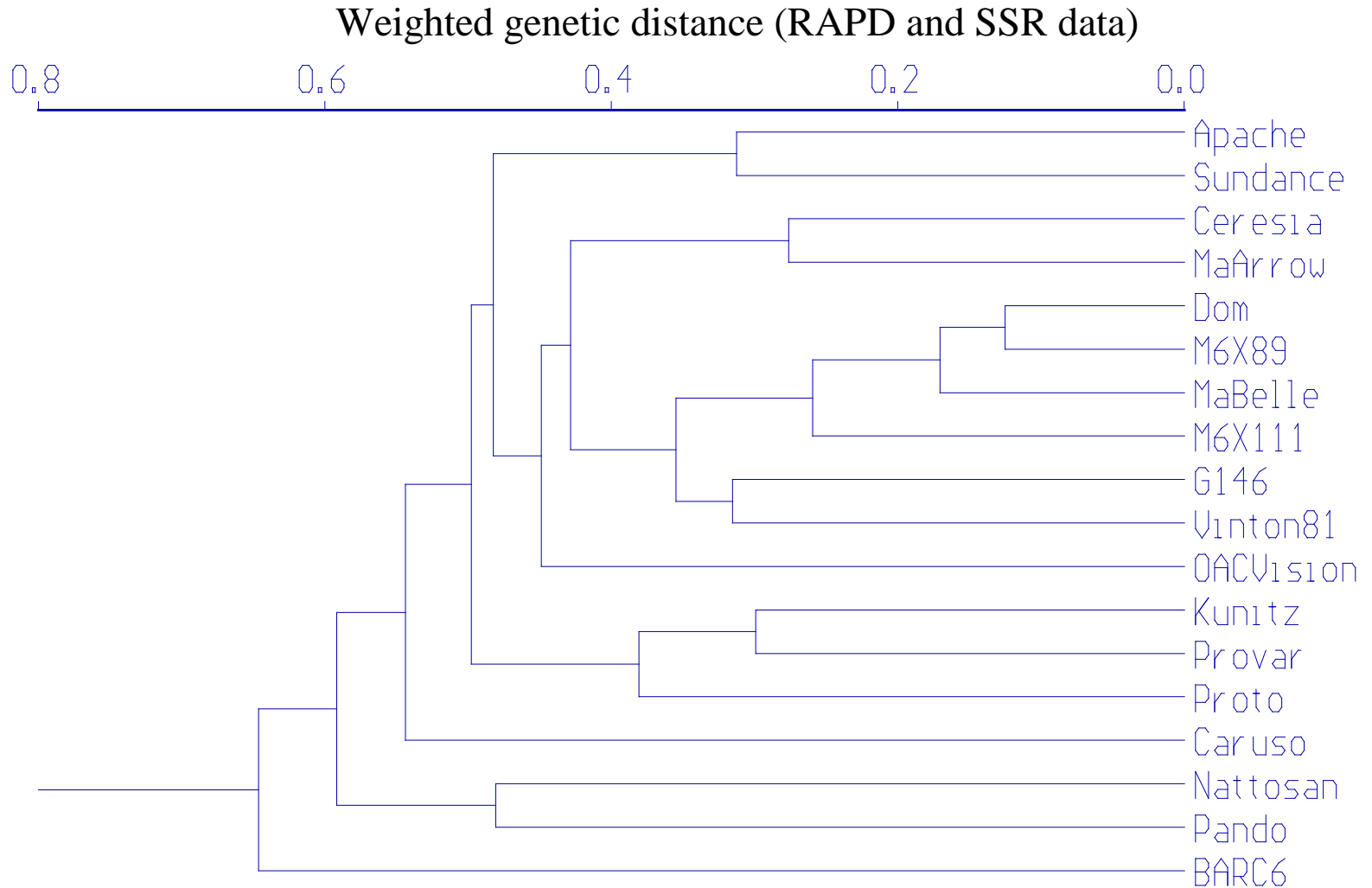
Diversität zw. 20 Weizensorten (Ö) aufgrund von SSR-Markern

genetic distance



Diversität zw. 60 Weizensorten (D, Ö, H) aufgrund von SSR-Markern

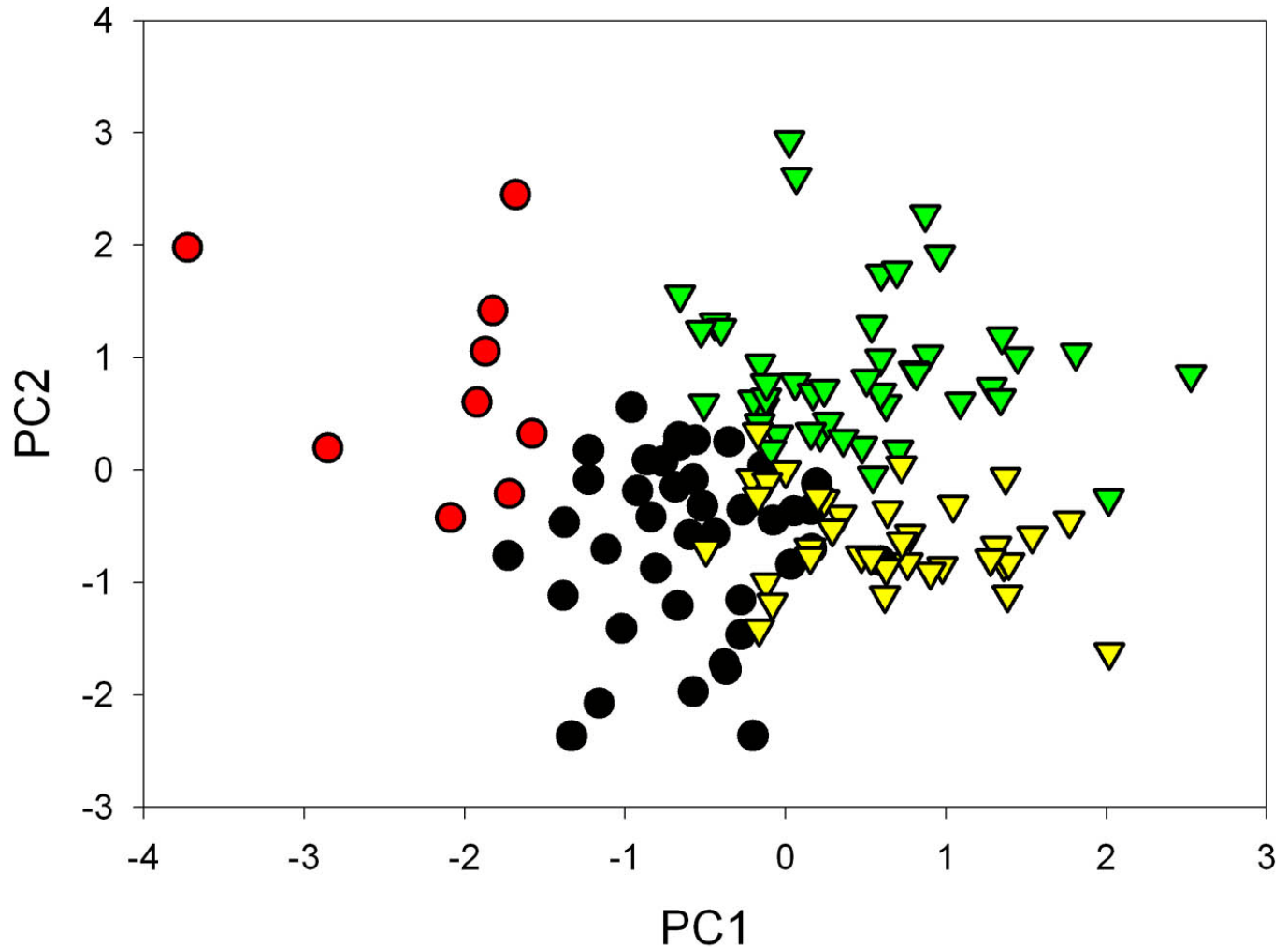
Dendrogramm (Beispiel)



Sojabohnen-Sorten, gegliedert mit genet. Markern (Doldi et al, 1997)

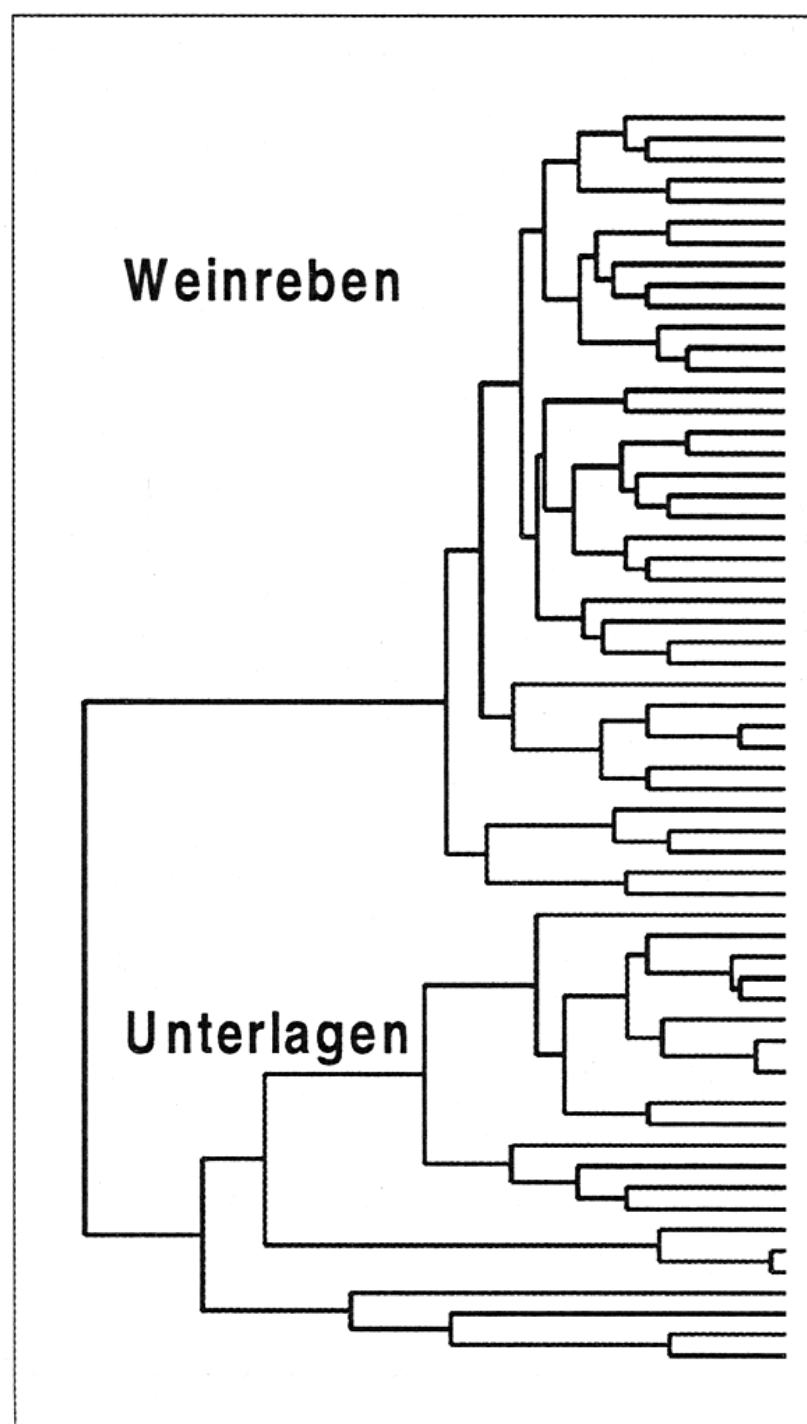
Streudiagramm (Beispiel)

- Group 1: low seed weight
- Group 2: low oil, high protein content
- ▼ Group 3: high oil content, medium seed weight
- ▼ Group 4: highest oil content, low seed weight



130 Leindotter-Genotypen, gegliedert nach Samenmerkmalen (Vollmann et al., 2005)

Dendrogramm (Beispiel)



Genet.
Differenzierung
zw. Rebsorten
und Unterlagen
(Sefc et al., 1999)

Molekulare Marker



Genet. Diversität bei Kürbissen (*Cucurbita pepo*) (Gong et al., 2012)

Fig. 5 Scatter plot based on principal coordinate analysis (PCoord1 × PCoord2) for 65 accessions of *Cucurbita pepo* subsp. *pepo*. CO Cocozelle, GP Pepo Gourd, PU Pumpkin, VM Vegetable marrow, ZU Zucchini. The 65 accession abbreviations are as in Table 1. The circle indicates the central core of subsp. *pepo* accessions

