

Aufgabe: Zeigen Sie anhand der Hämoglobin-Allelfrequenzen (siehe nachfolgende Tabelle), wie sich eine genetische Vermischung von Mitteleuropäern mit südlich der Sahara lebenden Afrikanern bzw. mit Menschen aus Südostasien im Hinblick auf die Verbreitung der Sichelzellenanämie (Hämoglobin S) und verwandter Hämoglobinopathien (Hämoglobin C und E) auswirkt. Es handelt sich hierbei um in Mitteleuropa nicht vorkommende Erbkrankheiten von Mutationen des Hämoglobins A, die sich in homozygoter Form lebensbedrohlich auswirken. Untersuchen Sie auch, was passiert, wenn Afrikaner und Südasiaten sich untereinander vermischen. Nehmen Sie der Einfachheit halber ein Mischungsverhältnis von 50/50 an. Welche Schlußfolgerungen lassen sich daraus ziehen?

Allelfrequenz	Mitteleuropa	Südostasien	Subsahara
HB^*A	1,000	0,929	0,909
HB^*S	0,000	0,000	0,077
HB^*C	0,000	0,000	0,014
HB^*E	0,000	0,071	0,000

Lösung: Die relativen Häufigkeiten seien gegeben durch

p : Allel HB^*A

q : Allel HB^*S

r : Allel HB^*C

s : Allel HB^*E

Daraus ergeben sich die folgenden Wahrscheinlichkeiten für das Aufeinandertreffen der einzelnen Allele, die in der Summe als Gesamtwahrscheinlichkeit 1 ergeben:

	Mitteleuropa	Südostasien	Subsahara
p^2	1,0000	0,8630	0,8262
q^2	0	0	0,0059
r^2	0	0	0,0002
s^2	0	0,0050	0
$2pq$	0	0	0,1400
$2pr$	0	0	0,0255
$2ps$	0	0,1319	0
$2qr$	0	0	0,0022
$2qs$	0	0	0
$2rs$	0	0	0

Die Sichelzellenanämie und die anderen Hämoglobinopathien sind gekennzeichnet durch das Aufeinandertreffen der Allele HB^*S , HB^*C und HB^*E in homozygoter Form oder untereinander, die entsprechenden Wahrscheinlichkeiten sind q^2 , r^2 , s^2 , $2qr$, $2qs$ und $2rs$ (die mit Rot gekennzeichneten Beiträge). Diese Beiträge müssen einzeln addiert werden. In den drei Regionen ergeben sich damit folgende Wahrscheinlichkeiten:

Mitteleuropa: 0

Südostasien: 0,0050

Subsahara: 0,0083

In Mitteleuropa ist das Auftreten einer Hämoglobinopathie null, in Afrika südlich der Sahara mit einer Wahrscheinlichkeit von 0,83 % und in Südostasien mit 0,5 % behaftet.

Vermischen sich nun wahlweise Mitteleuropäer mit Afrikanern bzw. Südasiaten oder Südostasiaten und Afrikaner sich untereinander jeweils im Verhältnis 50/50, so erhalten wir die Wahrscheinlichkeiten gemäß folgender Tabelle:

50/50	Mitteleuropa/Subsahara	Mitteleuropa/Südostasien	Südostasien/Subsahara
p^2	0,9111	0,9303	0,8446
q^2	0,0015	0	0,0015
r^2	0,0001	0	0
s^2	0	0,0013	0,0013
$2pq$	0,0725	0	0,0708
$2pr$	0,0134	0	0,0129
$2ps$	0	0,0685	0,0652
$2qr$	0,0005	0	0,0005
$2qs$	0	0	0,0027
$2rs$	0	0	0,0005

Für die vermischten Völker ergeben sich folgende Veränderungen:

Mitteleuropa/Subsahara: 0,0021
 Mitteleuropa/Südostasien: 0,0013
 Südostasien/Subsahara: 0,0066

Wir ersehen daraus, daß eine Vermischung mit Afrikanern für Mitteleuropäer eine genetische Zusatzbelastung von 0,21 % ergibt – das sind bei einem Volk von 80 Millionen 168000 Neuerkrankungen –, während die Vermischung mit Südasiaten eine 0,13-%ige Erhöhung bedeutet. Mischen sich hingegen Afrikaner und Südasiaten, so bedeutet das für das ohnehin schon hoch belastete Südostasien einen Anstieg der Hämoglobinopathien um 0,16 % auf 0,5 %. Lediglich Afrika würde von der Vermischung mit Südasiaten profitieren, weil durch das genetisch mit der Sichelzellenkrankheit nicht belastete Südostasien sich die Hämoglobinopathien um 0,17 % verringern.

Der genetische Austausch erfolgt also stets zu Lasten des weniger belasteten Volkes und umgekehrt zum Vorteil des stärker belasteten. Daß die Vermischung für jeden Beteiligten nur Vorteile brächte, ist nicht richtig. Für ein Volk, bei dem eine genetische Krankheit überhaupt nicht auftritt, bedeutet die Vermischung mit einem belasteten Volk stets eine Verschlechterung seines Genpools. Diese Überlegungen sind natürlich für jedes Gen separat anzustellen.