

**Aufgabe:** Beim Rhesusfaktor sind folgende Allele bekannt:  $RH^*cde$  (rhesus-negativ),  $RH^*CDe$ ,  $RH^*cDe$ ,  $RH^*cDE$  (alle rhesus-positiv) und einige andere, die allerdings sehr selten sind.

Zeigen Sie anhand der folgenden Tabelle, daß die Basken aufgrund der Rhesus-Unverträglichkeit das am stärksten vom Aussterben bedrohte Volk Europas sind.

	CDe	cDE	cDe	cde	andere
<b>Basken</b>	0,396	0,071	0,028	0,467	0,038
<b>Westeuropa</b>	0,423	0,130	0,023	0,405	0,019
<b>Mitteleuropa</b>	0,422	0,138	0,021	0,397	0,022
<b>Osteuropa</b>	0,428	0,135	0,028	0,384	0,025
<b>Südeuropa</b>	0,452	0,114	0,037	0,364	0,033
<b>Nordeuropa</b>	0,429	0,165	0,020	0,372	0,014
<b>Sarden</b>	0,653	0,081	0,016	0,224	0,026
<b>Saami</b>	0,594	0,163	0,048	0,193	0,002

Welche Schlußfolgerungen leiten Sie daraus ab?

**Lösung:** Da die anderen Rhesusfaktoren nicht bekannt sind, muß man annehmen, daß sie je zur Hälfte aus rhesus-positiven ( $D$ ) und rhesus-negativen Allelen ( $d$ ) bestehen.

Die Wahrscheinlichkeiten für ein Zusammentreffen der beiden Allele ergeben sich aus den Produkten der relativen Häufigkeiten:

$$p^2 = d^2$$

$$2pq = 2dD$$

$$q^2 = D^2$$

Mit den Allelfrequenzen gemäß obiger Tabelle und der angegebenen Korrektur ergeben sich für Europa folgende Wahrscheinlichkeiten für die drei Genotypen:

	d	D	d <sup>2</sup>	D <sup>2</sup>	2dD
<b>Basken</b>	0,4860	0,5140	0,2362	0,2642	<b>0,4996</b>
<b>Westeuropa</b>	0,4145	0,5855	0,1718	0,3428	<b>0,4854</b>
<b>Mitteleuropa</b>	0,4080	0,5920	0,1665	0,3505	<b>0,4831</b>
<b>Osteuropa</b>	0,3965	0,6035	0,1572	0,3642	<b>0,4786</b>
<b>Südeuropa</b>	0,3805	0,6195	0,1448	0,3838	<b>0,4714</b>
<b>Nordeuropa</b>	0,3790	0,6210	0,1436	0,3856	<b>0,4707</b>
<b>Sarden</b>	0,2370	0,7630	0,0562	0,5822	<b>0,3617</b>
<b>Saami</b>	0,1940	0,8060	0,0376	0,6496	<b>0,3127</b>

Der mit Rot gekennzeichnete Genotyp ist für die Rhesus-Unverträglichkeit verantwortlich. Demnach ist die Wahrscheinlichkeit für das Auftreten dieser Erbkrankheit bei den Basken am größten. Diese Wahrscheinlichkeit kann nie größer werden als 0,5, denn selbst wenn man zwei hypothetische Urvölker annimmt, deren eines den Rhesusfaktor rhesus-positiv gehabt

hat und das andere den Rhesusfaktor rhesus-negativ, ergeben sich die Wahrscheinlichkeiten für  $2pq$  gemäß nachfolgender Tabelle.

	0	0,1	0,2	0,3	0,4	0,5	0,6	0,7	0,8	0,9	1	d (%)
0	0	0,095	0,18	0,255	0,32	0,375	0,42	0,455	0,48	0,495	0,5	Volk 1
0,1	0,095	0,18	0,255	0,32	0,375	0,42	0,455	0,48	0,495	0,5	0,495	
0,2	0,18	0,255	0,32	0,375	0,42	0,455	0,48	0,495	0,5	0,495	0,48	
0,3	0,255	0,32	0,375	0,42	0,455	0,48	0,495	0,5	0,495	0,48	0,455	
0,4	0,32	0,375	0,42	0,455	0,48	0,495	0,5	0,495	0,48	0,455	0,42	
0,5	0,375	0,42	0,455	0,48	0,495	0,5	0,495	0,48	0,455	0,42	0,375	
0,6	0,42	0,455	0,48	0,495	0,5	0,495	0,48	0,455	0,42	0,375	0,32	
0,7	0,455	0,48	0,495	0,5	0,495	0,48	0,455	0,42	0,375	0,32	0,255	
0,8	0,48	0,495	0,5	0,495	0,48	0,455	0,42	0,375	0,32	0,255	0,18	
0,9	0,495	0,5	0,495	0,48	0,455	0,42	0,375	0,32	0,255	0,18	0,095	
1	0,5	0,495	0,48	0,455	0,42	0,375	0,32	0,255	0,18	0,095	0	

d (%) Volk 2

Die rot markierten Matrixelemente sind die Kombinationen für das größte vorhandene Risiko, das sich ergibt, wenn die zwei Allelfrequenzen zueinander komplementär sind. Sind beide Allelfrequenzen besonders groß oder besonders klein, ist das Risiko einer Rhesus-Unverträglichkeit minimal.

Bei den Basken sind die Allelfrequenzen in etwa gleich häufig, daher besitzen sie auch die höchste Aussterbensrate, da mit jeder Begegnung von einem rhesus-positiven Mann mit einer rhesus-negativen Frau ein heterozygoten Allelpaar verlorengelht. Zugleich sind die Basken auch das älteste Volk Europas und überhaupt der ganzen Welt, weil allein bei ihnen das Maximum der Rhesus-Unverträglichkeit erreicht ist, denn rhesus-positive Männer zeugen statistisch mit einer rhesus-negativen Frau weniger Kinder als mit einer rhesus-positiven, geben demnach weniger rhesus-positive Allele an die nächste Generation weiter.