https://gen-ethisches-netzwerk.de/node/1570

Gen-ethischer Informationsdienst

Wandernde Biomarker

AutorIn
GID-Redaktion

Frappiert waren Berliner Studierende, als ihnen ein Biologieprofessor erklärte, es sei wohl klar, dass es Menschenrassen gebe. Nicht so erstaunlich, denken die nicht mehr ganz so Jungen und erinnern sich, wie der Erdkundelehrer damals mit dem Zeigestock auf der Weltkarte die „europiden“, „mongoliden“ und „negriden“ Menschenarten ortete. Noch frappierter waren die Studierenden jedoch, als sie zu recherchieren anfingen. Sie mussten feststellen, dass die wissenschaftliche Idee, es gebe weltweit klar nach biologischen Unterschieden klassifizierbare Menschengruppen, gar nicht so ewiggestrig ist, sondern vielmehr im Rahmen einer hightech-bewaffneten Genomik boomt. Trotz aller Beteuerungen, ein biologisch begründeter Rassismus sei mit der wissenschaftlichen Kunde eines von der ganzen Menschheit geteilten Genoms diskreditiert - es liegt in der kapitalistischen Verwertungs- ebenso wie in der biopolitischen Verwaltungslogik, dass nach Kriterien der Differenz gesucht wird. Die Genomik mit ihren unendlichen Datenmengen, Kategorisierungsmöglichkeiten, Korrelationen und Differenzierungsmustern bietet sich dafür geradezu an. Gerade die Gesundheitsforschung mit ihren genomweiten Assoziationsstudien, die nach Krankheitshäufigkeiten im Verhältnis zu genetischen Markern suchen, um der „genetischen Basis“ von Krankheiten nachzuforschen, ist prädestiniert für alte und neue Differenzen, etwa wenn sie die unterschiedliche Verteilung von Krankheitshäufigkeiten in „unterschiedlichen Bevölkerungen“ einbezieht. Hier tritt die Frage des Rassismus auf den Plan. Es geht um Zirkelschlüsse: Welche Unterschiede zwischen „Bevölkerungsgruppen“ werden vorausgesetzt, um diese dann mit genetischer Differenz zu behaften? Wird nicht denen, die aufgrund rassistischer Diskriminierung und sozialer Ungleichheit anders und auch öfter krank werden, die soziale Ungleichheit via genomischer Statistik einfach nur auf den Leib geschrieben? Angesichts dieses neuen Hypes „menschlicher Biodiversität“ gründeten die Studierenden die **AG gegen Rassismus in den Lebenswissenschaften**. Wir haben mit ihnen ein einführendes Gespräch geführt. Die US-amerikanischen Wissenschaftsforscherinnen **Joan H. Fujimura** und **Ramya Rajagopalan** weisen im Anschluss auf die Debatte zu Rassismus in der medizinischen Genomik hin. Und sie verweisen auf Ansätze, die versuchen, „genetische Variabilität“ innerhalb von Bevölkerungen anders als auf der Grundlage von „race“ zu konzipieren. Allerdings, so **Osagie Obasogie** aus der US-NGO Center for Genetics and Society: Auch die oftmals als Alternative vorgeschlagenen „biogeographischen“ Marker sind keine unschuldigen Kategorien. Aus regional unterschiedlich häufig vorkommenden Haplotypen, also Mustern genetischer Varianz, die Existenz von „Bevölkerungsgruppen“ und erst recht „rassische“ Abstammungen abzuleiten, wie es kommerzielle Anbieter von Genealogietests tun, ist ein gefährlicher Trugschluss - zumal solche problematisch herbeikonstruierten „ethnischen Marker“ in verschiedene Bereiche staatlicher Kontrolle wie **Kriminologie** oder **Migrationsüberwachung** diffundieren und dort Begehrlichkeiten wecken (siehe Kästen S.15). Ähnlich weit ist das Feld für wissenschaftliche Versuche, „Biomarker“ für phänotypische Merkmale wie Augen-, Haar- oder Hautfarbe zu ermitteln: Eine US-Reproklinik bot dieses Jahr erstmals an, solche statistischen Wahrscheinlichkeitsaussagen zur Selektion via **Prämplantations-Diagnostik** anzuwenden (siehe Kasten S.10). Was aber machen Aussagen über

„ethnische“ Krankheitshäufigkeiten mit denen, die so in doppeltem Sinne „behandelt“ werden? Wir dokumentieren den Auszug einer umfangreicheren Analyse von **Christiane Hutson**, die - ausgehend von ihren eigenen Erfahrungen - untersucht, was es heißt, im deutschen Gesundheitsweisen als „schwarzkrank“ markiert zu werden und wie dabei Krankheits- und rassistische Zuschreibungen zusammenwirken. **Thomas Brückmann** untersucht dann den Begriff „Migrationshintergrund“, der in der deutschen Gesundheitsforschung die gängige Variable ist, mit der Gesundheitsdaten differenziert erhoben werden. Er fragt, ob diese Unterscheidung dazu dient, strukturelle Benachteiligung zu erforschen oder rassistische Differenzforschung perpetuiert. Last but not least zeigen **Francisco Vergara-Silva** und **Carlos López-Beltrán**, wie im Zuge der genomischen Datensammlung in Mexiko der Mythos der „mestizischen“ Identität aller Mexikaner aus der Mottenkiste geholt wird, um ein einzigartiges „mexikanisches Genom“ zu propagieren. Ein bezeichnendes, geradezu sinnbildliches Paradox: Die „mestizische“ Identität bezieht die These ihrer Einzigartigkeit gerade aus Mythen der Vermischung und Hybridität.

Informationen zur Veröffentlichung

Erschienen in:
GID Ausgabe 197 vom Dezember 2009
Seite 4