https://gen-ethisches-netzwerk.de/node/265

Gen-ethischer Informationsdienst

Die Wiedergeburt des Rassebegriffs

AutorIn
Troy Duster

In der strategischen Ausrichtung des Human Genome Projects wurde eine deutliche Kehrtwende vollzogen: Die Molekulargenetik betont nicht mehr die „Gleichheit“ aller Menschen, sondern macht sich auf die Suche nach den Unterschieden. Dies bedeutet oft die Zuordnung zu einer „Rasse“ oder vergleichbaren Kategorien. Der Soziologe Troy Duster gibt einen Überblick über Entwicklungen in Forensik, Pharmaforschung und Medizin.

Es gibt zwei sich völlig widersprechende Ansichten darüber, welche Rolle die DNA bei der Zuordnung von Individuen zu bestimmten „Rassen“ spielt: Bei der Pressekonferenz des Weißen Hauses am 26. Juni 2000 anlässlich der Vervollständigung des ersten Entwurfs des gesamten menschlichen Genoms waren sich Francis Collins, Leiter des Human Genome Projects, und Craig Venter, Chef des konkurrierenden privaten Kartierungs- und Sequenzierungsprojekts der Firma Celera, darüber einig, dass die Übereinstimmungen der Menschen auf DNA-Ebene so frappierend seien, dass „Rasse“ auf der Ebene der DNA „nicht von Bedeutung“ sei (Human Genome News, 2000:1-2). Mit dieser Aussage wiederholten und bekräftigten Collins und Venter die Aussagen der physischen Anthropologie, der aktualisierten UNESCO-Erklärung über „Rasse“ und über Rassenvorurteile sowie eine ganze Reihe anderer „offizieller Meinungen“ verschiedenster wissenschaftlicher Gruppierungen der letzten zwanzig Jahre. In starkem Gegensatz hierzu steht ein ganzes Kader von Wissenschaftlern, die versuchen, die DNA-Analyse für praktische Aufgaben zu nutzen, nämlich um Medikamente zu vermarkten oder um festzustellen, ob es möglich ist, anhand von Gewebespuren, die an einem Tatort zurückgelassen wurden, die wahrscheinliche Zugehörigkeit des mutmaßlichen Täters zu einer bestimmten ethnischen Bevölkerungsgruppe einzuschätzen. Dies bedeutet oft die Zuordnung zu einer „Rasse“ oder einer vergleichbaren Kategorie. Manche Forscher sind bei der Ansicht geblieben, dass „Rasse“ eine wichtige Kategorie sowohl für die Entwicklung von Medikamenten wie auch für die Abschätzung des Risikos genetisch bedingter Defekte oder für genetische Prädispositionen für komplexe Krankheiten darstelle (Risch et al, 2002; Lin and Kelsey, 2000; Evans and Relling, 1999). Andere verfolgen diesen Ansatz innerhalb der forensischen Wissenschaften mit der Hoffnung, bestimmte Allelhäufigkeiten zu finden, die innerhalb einer „Rasse“ oder ethnischen Gruppe stärker verbreitet sind als in einer anderen (Lowe et al, 2001).(1)

Gene für ... Verhaltensweisen?

Bis Mitte der neunziger Jahre hatten die Verhaltensgenetik und die Molekulargenetik sehr wenig gemein. Verhaltensgenetiker arbeiteten selten auf der molekularen Ebene und ihre Methodologie bestand hauptsächlich darin, Korrelationen zwischen folgenden zwei Faktoren herzustellen und anzuwenden:

- a) Die Erscheinungsweise eines komplexen Verhaltens-„Phänotyps“ - wie zum Beispiel Intelligenz, Kriminalität, Gewaltbereitschaft, Risikobereitschaft, Alkoholismus, manische Depression, Schizophrenie oder Homosexualität - und
- b) die Häufigkeit des Auftretens dieser Verhaltensweisen oder Eigenschaften (2) in verschiedenen Bevölkerungsschichten (3), oft ethnischen Gruppen oder „Rassen“.

Im Gegensatz hierzu beschäftigten sich Molekulargenetiker selten mit komplexen Verhaltensweisen. Während der ersten dreißig Jahre war diese Forschungsrichtung untrennbar verknüpft mit der Suche nach kodierenden Abschnitten oder DNA-Markern für monogenetische Erkrankungen wie die Tay-Sachs-Krankheit, Hämochromatose, zystische Fibrose, Huntington, Sichelzellenanämie und Alpha-Antitrypsin-Mangel, um nur einige zu nennen. Molekulargenetiker beschäftigten sich nicht mit solch komplexen Dingen wie Intelligenz, Schizophrenie oder Homosexualität. Aber das beginnt sich zu ändern. Erstens wurde in der strategischen Ausrichtung des Human Genome Projects eine deutliche Kehrtwende vollzogen. Anstelle unsere „Gleichheit“ zu betonen, beginnt man nun innerhalb der Molekulargenetik, die Bedeutung der Suche nach „Unterschieden“ auf der DNA-Ebene hervorzuheben.(4) Zweitens beeilen sich die Verhaltensgenetiker, genetische Marker (und manchmal sogar kodierende Abschnitte) zu finden, die sie mit komplexen Verhaltenseigenschaften in Verbindung bringen können. In den letzten fünf Jahren konnten wir Zeuge von Behauptungen werden, die einen Zusammenhang zwischen DNA-Regionen und kognitiven Fähigkeiten von Kindern (Chorney et al, 1998:159-166), Kriminalität (Jensen et al, 1998), Gewaltbereitschaft (Caspi et al, 2002) und Aufmerksamkeitsdefizit-Hyperaktivität-Syndrom (Smalley et al, 2002) herstellten.

Der Blick auf die „Unterschiede“

Das Hauptaugenmerk des Human Genome Projects war während der ersten zehn Jahre (circa 1988-98) darauf gerichtet, wie der Kartierungs- und Sequenzierungsprozess auf jeden Menschen angewandt werden könnte, gerade weil wir uns auf der Ebene unserer DNA so ähnlich sind. Zwei beliebige Personen, zufällig aus der Erdbevölkerung herausgegriffen, stimmen in 99,9 Prozent der Nukleotidsequenzen des Genoms (den vier berühmten Nukleotiden Cytosin, Guanin, Adenin und Thymin - den Bausteinen der DNA) überein. Diese Übereinstimmung war so überwältigend, dass sie zum Grundprinzip der Begründung wurde, dass das Genom jedes x-beliebigen Menschen zur Kartierung des menschlichen Genoms herangezogen werden könne. Während es ungefähr drei Billionen Basenpaare gibt, die völlig übereinstimmen (C,T,G,A-Paare), bedeuten die ständig wiederkehrenden 99,9 Prozent gleichzeitig, dass es bei nur 0,1 Prozent Abweichung zwischen zwei Menschen immerhin noch ungefähr drei Millionen Punkte gibt, an denen Unterschiede vorhanden sind. Mit der Hilfe neuer Supercomputer ist es nun möglich, einen genaueren Blick auf diese vielen unterschiedlichen Punkte zu werfen. Aus dieser Perspektive heraus nimmt man plötzlich eine beträchtliche Anzahl von Unterschieden zwischen Individuen wahr - und in den Korridoren computergenerierter Korrelationen und Muster schlummert bereits die unaufhaltsame Verschiebung hin zu der Beschäftigung mit den Unterschieden zwischen Bevölkerungsgruppen.

Das Interesse der Pharmakogenomik

Ausgerüstet mit dieser neuen, vielversprechenden technologischen Entwicklung begannen Pharmaunternehmen in den späten neunziger Jahren, ihr Hauptinteresse „Gruppen von Abweichungen“ zuzuwenden, die sie in die Lage versetzen könnten, Medikamente für ausgewählte Gruppen zu vermarkten, deren DNA auf eine positive Reaktion hindeutet. Im März 2001 erhielt ein Unternehmen, welches damit warb, das „erste ethnische Medikament“ entwickelt zu haben, grünes Licht von der US-amerikanischen Arzneimittelzulassungsbehörde FDA (Food and Drug Administration) und zielte entschlossen auf die mutmaßlichen Unterschiede zwischen verschiedenen Bevölkerungsgruppen (Winslow, 2001). Mit dem Medikament BiDil, das vom Pharmaunternehmen Nitromed entwickelt wurde, werden gerade klinische Studien durchgeführt. Der Geschäftsführer des Unternehmens, Michael Loberg erklärt ausdrücklich, dass die afro-amerikanische Bevölkerung die Zielgruppe des Medikamentes darstelle, da BiDil, ein bei Herzinsuffizienz eingesetztes Medikament, die „Sterblichkeit bei Afro-Amerikanern um 66 Prozent

verringert“ habe, bei Weißen jedoch „kaum von Nutzen“ gewesen sei (Financial Times, 9. März, 2001:16). Hier handelt es sich um ein hart umkämpftes Terrain und Pharmakogenomik und Pharmatoxikologie liefern sich heftige interne Gefechte bei dem Versuch, die adäquate Rolle von „Rasse“ in Diagnose und Therapie zu bestimmen (Xie et al 2001; Braun, 2002; Frank, 2001, Lee et al, 2001, Risch et al, 2002). Hier ist nicht der Ort, um diesen Disput weiter auszuführen. Nichtsdestotrotz ist es wichtig, auf die beträchtlichen Auswirkungen hinzuweisen, die das Wiederauftauchen von „Rasse“ in der wissenschaftlichen und medizinischen Literatur auf die Verhaltensgenetik hat. Die forensischen Anwendungen der Molekulargenetik, die sich auf Abweichungen konzentrieren, sind inzwischen allseits bekannt und werden salonfähig: Sensationelle Mordfälle vor Gericht, die Freisprechung von zum Tode Verurteilter aufgrund von DNA-Beweismaterial, welches darauf hinwies, dass es sich bei der am Tatort zurückgelassenen DNA nicht um ihre DNA gehandelt habe (Dwyer et al, 2000). Diese wiederaufgefrischte Legitimität der Betonung sowohl der individuellen Unterschiede in der DNA wie der gekoppelten Unterschiede (Haplotype Maps) ist an den Verhaltensgenetikern nicht vorübergegangen.

Typisierung in der Forensik

Wenn es führenden Köpfen im Gebiet der Pharmakogenomik möglich war, in „Science“ folgende Behauptung zu veröffentlichen „Alle bis heute untersuchten pharmakogenetischen Polymorphismen unterscheiden sich bei ethnischen Gruppen und Rassen in der Häufigkeit ihres Auftretens (...). Die aufgezeigte Verschiedenheit der Rassen und Ethnien (...) verlangt, dass das Thema Rasse in Studien, welche untersuchen sollen, ob spezifische Geno- oder Phänotypen mit einem Krankheitsrisiko oder mit Medikamentenunverträglichkeit in Zusammenhang stehen, berücksichtigt wird“ (Evans and Relling 1999:487-91), ist es nur eine Frage der Zeit, bis die Verhaltensgenetiker Daten generieren, welche hieraus Bezüge zu Gewaltbereitschaft, Impulsivität, Kriminalität - und im Hintergrund lauernd: „Rasse“ - herstellen. 1993 gab ein britischer Forensiker den vielleicht ersten DNA-Test bekannt, dem ausdrücklich zugeschrieben wurde, „Fahndern bei unaufgeklärten Verbrechen“ Informationen entlang ethnischer Parameter zur Verfügung zu stellen. Ian Evett vom Forensic Science Laboratory des Innenministeriums in Birmingham und seine Kollegen der Londoner Polizei stellten die Behauptung auf, dass ihr DNA-Test in 85 Prozent der Fälle zwischen „Kaukasiern“ und „Afro-Kariben“ unterscheiden könne. Evetts ursprüngliches Werk (1993) wurde im Journal of Forensic Science Society veröffentlicht und stützte sich auf offensichtliche genetische Unterschiede in drei Abschnitten der menschlichen DNA. Wie die meisten, für forensisches Typisieren verwendeten Abschnitte der menschlichen DNA, weisen diese drei Regionen von Mensch zu Mensch starke Unterschiede auf, ungeachtet der „Rasse“. Aber die Forscher behaupten, dass es bei der Untersuchung dieser drei Abschnitte unter ausgewählten Bedingungen möglich sei, die Wahrscheinlichkeit, mit der jemand einer bestimmten „Rasse“ zugehörig ist, abzuschätzen. Dies hat auch tiefgreifende Auswirkungen darauf, wie für praktische Zwecke ermittelt wird, wer „offiziell“ als Mitglied einer ethnischen Kategorie oder „Rasse“ anzusehen ist, und wer nicht. Die nächste wichtige Arbeit zu diesem Thema erschien, folgendermaßen zusammengefasst, im American Journal of Human Genetics: „Vor der Einführung eines Vier-Loci Multiplex-STR-Systems (5) in das Verfahren wurden umfangreiche Testreihen durchgeführt, um verlässliche Verfahren für die Einschätzung der Beweiskraft einer Übereinstimmung zwischen Proben vom Ort des Verbrechens und des Verdächtigen bestimmen zu können. Es wurden zwölf Datenbanken mit Daten der drei größten ethnischen Gruppen, die bei der forensischen Arbeit in Großbritannien auftauchen, analysiert: Kaukasier, Afro-Kariben und Asiaten aus dem indischen Subkontinent. Unabhängige Tests erzielten eine Anzahl aussagekräftiger Ergebnisse und die Auswirkungen, die diese auf das forensische Verfahren haben könnten, wurden untersucht. Es wird aufgezeigt, dass früher veröffentlichte Methoden ähnliche Arbeitsschritte zur Verfügung stellen um die Aussagekraft der gefundenen Allelhäufigkeiten zu verbessern – und dies führt zu zurückhaltenden Einschätzungen über die letztendliche Aussagekraft“ (Evett, et al., 1996:398).

Neutrale Wissenschaft?

In der jüngsten Vergangenheit hat eine Weiterentwicklung der Technologie stattgefunden: Die forensischen Wissenschaftler benutzen nun sogenannte VNTR-Loci (variable number of tandem repeats) (6) und

untersuchen 12 bis 15 Abschnitte der DNA, nicht mehr nur die früheren 3 bis 7. Die oben beschriebene forensische Forschung fand vor der gegenwärtigen Computerchip-Revolution statt, welche es erlauben wird, eine spezifische Population auf SNPs (single nucleotide polymorphism) hin zu untersuchen, um das SNP-Profil einer solchen Gruppe zu erstellen (Hamadeh and Afshari, 2000). Es ist eine gefährliche Verlockung, die Technologie in dieser Weise anzuwenden. Der Computer wird zwangsläufig übereinstimmende Muster bei, sagen wir, 3000 Einbrechern finden können. Weil einige dieser Marker zwangsläufig mit ethnischen phänotypischen Merkmalen übereinstimmen, besteht die Gefahr einer subtilen Wiedergeburt einer Phrenologie für das 21. Jahrhundert. Der Grund ist einfach genug: Es wird sich dabei um bloße Korrelationen zwischen Markern handeln, die einen scheinbaren Zusammenhang herstellen, welcher gar nichts erklärt – während er sich den verlockenden Anschein molekulargenetischer Präzision gibt.

Fußnoten

Anmerkung: Im Origininaltext wurde der englische Begriff Race ohne Anführungszeichen verwendet. Wir haben uns bei der Übersetzung dennoch für diese Version („Rasse“) entschieden, da die englische und insbesondere US-amerikanische Verwendung des Begriffs „Rasse“ eine andere Geschichte und andere Konnotationen als die deutsche hat.

Fußnoten:

1. Lesern, die interessiert sind, die Argumentationen im Sinne dieser Ansatzes weiterzuverfolgen, sei folgende Literatur empfohlen: Braun, 2002; Risch et al, 2002; Rosenberg et al, 2002; Frank, 2001; Lee et al, 2001; Evans and Relling, 1999, siehe Quellen.
2. In einigen empirischen Untersuchungen wurden weiterhin Familiendaten herangezogen und die Suche nach Mendelschen Vererbungsmustern fortgesetzt, aber eine Auswertung der empirischen Untersuchungen, die in diesem Text angegeben sind, macht deutlich, dass diese Untersuchungsmethode nur von einer kleinen Anzahl von Forschern der Verhaltensgenetik angewandt wird. Zwillingsstudien stellen tatsächlich eine Variante der vergleichenden Studien zwischen zwei Bevölkerungsgruppen dar, da die entscheidende Methode darin besteht, die Anzahl der Übereinstimmungen bei eineiigen und zweieiigen Zwillingen zu vergleichen. Eine verwandte Methode vergleicht Zwillinge, die in unterschiedlichen Umgebungen aufwuchsen, aber auch hier gilt, dass sich – historisch gesehen - keine dieser Methodologien der Molekulargenetik bediente.
3. Wie bei jeder auf Korrelationen beruhenden Analyse der „outcome data“ bestand die „Achillesferse“ bei solchen Untersuchungen immer schon in der Tatsache, dass mit Hilfe einer Menge anderer Faktoren (welche nicht zu steuern sind) mit Leichtigkeit mehr über die den Varianzen zugrundeliegenden Ursachen erklärt werden konnte, als durch einfache, äußere Korrelationen.
4. In der nächste Etappe des Projekts, der „Haplotype Map“, sollen Abschnitte der DNA auf Marker hin untersucht werden, die Differenzierungen bewirken.
5. Ein Verfahren, bei dem simultan vier autosomale STR-Systeme untersucht werden können. STR-Systeme gehören zu den 98,5% der nicht-kodierenden menschlichen DNA, die dadurch charakterisiert sind, dass tandemartig wiederholte Sequenzmotive vielfach hintereinander geschaltet sind. Sie weisen eine hohe Variabilität innerhalb der Bevölkerung auf. (www.dhgp.de)
6. Unterschiedliche Zahl der Tandemwiederholungen, durch die ein Polymorphismus erzeugt wird. Ein VNTR-Polymorphismus ist stets durch Allele gekennzeichnet, deren Größe ein ganzzahliges Vielfaches der einfachen Wiederholungseinheit darstellt.

Quellen:

- Braun, Lundy, “Race, Ethnicity, and Health: Can Genetics Explain Disparities?” Perspectives in Biology and Medicine, 45, No. 2 (2002): 159-174. Cameron, Mary Owen, The Booster and the Snitch, New York: Free Press, 1964
- Caspi, Avshalom, Joseph McClay, Terrie E. Moffitt, Jonathan Mill, Judy Martin, Ian W. Craig, Alan Taylor und Richie Poulton, (2002) “Role of Genotype in the Cycle of Violence in Maltreated

Children," Science, Aug. 2002; 297, 851-4.
- Chorney, M.J., K. Chorney, N. Seese, M.J. Owen, J. Daniels, P. McGuffin, L.A. Thompson, D.K. Detterman, C. Benbow, D. Lubinski, T. Eley, und R. Plomin, (1998) "A Quantitative Trait Locus Associated with Cognitive Ability in Children," Psychological Science, 9, 3 (Mai) 159-66.
- Dwyer, Jim, Peter Neufeld und Barry Scheck, Actual innocence: Five Days to Execution and Other Dispatches from the Wrongly Convicted, New York : Doubleday, 2000.
- Evans, William und Mary Relling, "Pharmacogenomics: Translating Functional Genomics into Rational Therapeutics," Science, Okt. 1999; 286, 487-91. Evett, I.W., I.S. Buckleton, A. Raymond und H. Roberts, "The Evidential Value of DNA Profiles," Journal of the Forensic Science Society, 33 (4): 243-244, 1993.
- P.D. Gill, J.K. Scranage und B.S. Wier, "Establishing the Robustness of Short-Tandem-Repeat Statistics for Forensic Application," American Journal of Human Genetics, 58: 398-407, 1996.
- Frank, Reanne, "A Reconceptualization of the Role of Biology in Contributing to Race/Ethnic Disparities in Health Outcomes, Population Research and Policy Review, 20: 441-455, 2001.
- Hamadeh, Hisham und Cynthia A. Afshari, "Gene Chips and Functional Genomics," American Scientist, 88, 508-515, Nov.-Dez. 2000.
- Human Genome News, Human Genome Program, U.S. Department of Energy, (v11n1-2).
- Jensen, Per, Kirsten Fenger, Tom G. Bolwig und Sven Asger Sorensen "Crime in Huntington's Disease: A Study of Registered Offences Among Patients, Relatives, and Controls", Journal of Neurology, Neurosurgery, and Psychiatry, (1998) 65:467-471.
- Lee, Sandra Soo-Jin, Joanna Mountain und Barbara A. Koenig , "The Meanings of 'Race' in the New Genomics: Implications for Health Disparities Research, Yale Journal of Health Policy, Law, and Ethics, Mai 3, 2001, 12:15, 33-75.
- Lowe, Alex L., Andrew Urquhart, Lindsey A. Foreman, Ian Evett, "Inferring Ethnic Origin by Means of an STR Profile," Forensic Science International, 2001, 119:17-22.
- Risch, Neil, Esteban Burchard, Elad Ziv und Hua Tang, "Categorizations of humans in biomedical research: genes, race and disease," Genome Biology, 2002, 3 (7) 2007.1-2007.12 (http://genomebiology.com/2002/3/7/comment/2007.1).
- Rosenberg, N.A., Pritchard, J.K., Weber, J.L., Cann, H.M., Kidd, K.K., Zhivotovsky, L.A., Feldman, M.W., "Genetic Structure of Human Populations," Science, Dez. 2002; 298:2381-2385.
- Smalley S.L., Kustanovich V., Minassian S.L., Stone J.L., Ogdie MN, McGough J.J., McCracken J.T., MacPhie I.L., Francks C., Fisher S.E., Cantor R.M., Monaco A.P., Nelson S.F., "Genetic linkage of attention-deficit/hyperactivity disorder on chromosome 16p13, in a region implicated in autism," American Journal of Human Genetics, Okt. 2002; 71 (4):959-63
- Winslow, Ron, "FDA is Prepared to Approve Heart Drug Intended for Treating African Americans," Wall Street Journal, 21. März 2001.
- Xie, Hong-Guang, Richard B. Kim, Alastair J.J. Wood und C. Michael Stein, "Molecular Basis of Ethnic Differences in Drug Disposition and Response," American Review of Pharmacology and Toxicology, 2001: 41:815-50.

Informationen zur Veröffentlichung

Erschienen in:
GID Ausgabe 163 vom April 2004
Seite 3 - 7