https://mail.gen-ethisches-netzwerk.de/node/262

Gen-ethischer Informationsdienst

Konstruktion menschlicher „Biodiversität“

AutorIn
Torben Klußmann

Mit dem Human Genome Diversity Project (HGDP) wird die Frage nach Kategorien für Menschen neu thematisiert. In diesem Projekt sollen Unterschiede und Übereinstimmungen des Erbmaterials möglichst aller menschlicher Populationen und ethnischer Gruppen inventarisiert und analysiert werden.

Formell handelt es sich bei dem HGDP um ein wissenschaftliches Großprojekt aus dem Bereich der Humangenetik. Initiiert wurde es von einigen Genetikern und Vertretern der internationalen Human Genome Organisation sowie des US-amerikanischen Department of Energy, die 1991 in der Fachpresse zu diesem internationalen Humangenomprojekt aufriefen. Anvisiert wurde eine globale, von Privatinteressen unabhängige sowie öffentlich geförderte, transnationale Forschungsinstitution. Ziel der koordinierten Forschung war und ist es, valide Informationen über die Variationen im Genom des Menschen zu sammeln, um so die „genetische Vielfalt“ der Menschheit zu verstehen. Und dies nicht nur in Teilen, wie es beim Humangenomprojekt (HGP) der Fall war. Die Sammlung soll dazu dienen, die biologische „Geschichte“ verschiedener Menschengruppen zu verstehen und einen biologischen Bezug zwischen diesen zu begreifen. Des Weiteren sollen die Ergebnisse des Genomprojekts beim Verstehen der Ursachen und dem Bestimmen besonderer menschlicher Krankheiten behilflich sein.

Populationen als abstrakte Kategorie

In Ansatz und Umsetzung traf das HGDP gleich zu Beginn auf wissenschaftliche und moralische Kritik, sowie auch auf politische Widerstände. Dadurch verzögerte sich die Umsetzung des Vorhabens und verlor an politischem wie auch personellem Rückhalt. Konflikthaltig war vor allen Dingen die Frage, wie eine genetische Vielfalt des Menschen überhaupt zu erfassen sei. Da das „Genom“ eines jeden Menschen verschieden zu dem eines anderen ist, sollten Individuen nicht einzeln verglichen werden. Um eine systematische Vergleichbarkeit von „Mensch im Plural“ zu ermöglichen, zog man „Populationen“ als abstrakte und flexible Kategorie heran. Eine verbindliche Definition menschlicher Populationen gab und gibt es bis heute nicht. Für das HGDP einigte man sich nach langen Auseinandersetzungen auf einen Kriterien-Katalog, der sowohl soziale, kulturelle, linguistische, demographische, als auch ätiologische, geographische, und archäologische Aspekte berücksichtigt, um einer „genetischen Identität“ fokussierter Menschengruppen Rechnung zu tragen. Anhand dieser Kriterien wurden 400 Populationen bestimmt, aus denen jeweils 25 Individuen DNS-Proben (Gewebe, Haarwurzeln oder Blut) spenden sollten. Im geplanten Umfang kam dieses Konzept nie zur Umsetzung. Das HGDP wird aber seit 2002 in Kooperation mit dem Pariser Forschungsinstitut Centre pour l’Etude du Polymorphisme Humaine (CEPH), welches von einem der HGDP-Organisatoren gegründet wurde, mit einer kleineren Gen-Datensammlung als ursprünglich geplant, gering

finanziert und marginalisiert fortgeführt.

Konstruktion der (Bio-)Diversität

Grundgedanke der humangenetischen Diversitätsforschung ist, dass „genetische Einheiten" durch die nach obigen Kriterien bestimmten Populationen statistisch vergleichbar werden. Den definierten Populationen, die ihrerseits Variablen der Geographie und Demographie sind, werden aggregierte DNS-Proben einzelner Individuen zugerechnet. Diese Proben werden gentechnologisch aufbereitet und computergestützt ausgewertet. Anhand der so gewonnenen Daten werden die einzelnen Populationen in Verhältnis zueinander gestellt. Aus einem solchen Vergleich resultiert das Rechenergebnis, dass sich „die Menschen" genetisch innerhalb einer Gruppe mehr unterscheiden, als zwischen Gruppen. Verschiedenheiten zwischen Menschen ergeben sich hiernach auf der Abstraktionsebene des Molekularen. Ein Ergebnis der Forschung ist, dass phänotypischen Unterschieden nur geringe genetische Variationen zugrundeliegen. Somit wird die Bedeutung von Ungleichheiten in der äußeren Erscheinung argumentativ nivelliert, gleichzeitig wird der Fokus auf nicht sichtbare molekulargenetische Merkmale gerichtet. Dieses genetische „Wissen" wird deshalb als antirassistisches und aufklärendes präsentiert und von der populärwissenschaftlichen Öffentlichkeit als solches rezipiert. Aufgrund des Berechnens und des Definierens der kleinsten molekularen Einheiten und der Aussagen über populations-spezifische Vielfalt wird der menschliche Körper ins Kleinste ausdifferenziert. Hierbei handelt es sich um nichts Körperliches, Greifbares bzw. Wahrnehmbares, sondern um statistische Korrelate. Diese Forschungspraxis findet ähnlich bei der Erforschung der Biodiversität der Natur, welche als Ressource und Garant für menschliche Entwicklung gilt, statt. Beide Forschungen arbeiten mit der gleichen statistischen Abstraktion in der Betrachtung der Welt. Aus der Verknüpfung der Populationsgenetik mit anthropologischem Erkenntnisinteresse ergibt sich die humangenetische Diversitätsforschung. Diese konstruiert eine „Biodiversität", das heißt eine biochemisch-genetische Verschiedenheit in der Betrachtung des Menschen. Es erfolgt eine Gleichstellung aller biologischen Vielfalt des Planeten – aller Lebewesen. Bisher ist diese Vielfalt als etwas Schützenswertes, aber auch als Ressource betrachtet worden. Unter humangenetischer Prämisse wird diese Betrachtung auch in Bezug auf den Menschen real. Stark anzuzweifeln ist, dass Verschiedenheiten von Menschen durch die Erforschung einer Diversität „genetischer Populationen" Erklärung finden. Es handelt sich vielmehr um die akademische Verwaltung einer Ressource, als um eine Erklärung der „biologischen Menschheitsgeschichte". Die Idee von einer „Biodiversität" des Menschen wird in Forschungszusammenschlüssen wie dem International HapMap Project und vor allem im The SNP Consortium LTD aufgegriffen. Somit wird die „genetische Vielfalt" der Ressource Mensch auch unter privatwirtschaftlichen Interessen zum Forschungsgegenstand.

Fußnoten

Literatur:

- Cavalli-Sforza, Luigi Luca; Wilson, A.C.; Cantor, C.R.; Cook-Deegan, R.M.; King, M.-C.: „Call for a Worldwide Survey of Human Genetic Diversity: A Vanishing Opportunity for the Human Genome Project" in Genomics, 1991, Band 11, S. 490-491
- Cavalli-Sforza, Luigi Luca; Feldman, Markus: "The application of molecular genetic approaches to the study of human evolution" in Nature genetics supplement, März 2003, Band 33, S.266-275
- Cavalli-Sforza, L.L.: Gene, Völker und Sprachen. Die biologischen Grundlagen unserer Zivilisation. München (Deutscher Taschenbuch Verlag) 2001;dt. Ersauflage: München (Carl-Hanser Verlag) 1999; französischer Orig.-Titel: Gènes, peuples et langues. Paris (Odile Jacob) 1996
- Duden, Barbara: Die Gene im Kopf - der Fötus im Bauch - Historisches zum Frauenkörper. Hannover (Offizin) 2002
- Greely, Henry T.: „Human genome diversity: What about the other human genome project?" in Nature
- Review Genetics, März 2001, Heft 2, S.222-227
- Katz Rothman, Barbara: Genetic maps and human imaginations: the limits of science in understanding who we are. New York (W.W. Norton & Company, Inc.) 1989

- National Research Council: Evaluating Human Genetic Diversity. Washington, DC (National Academy Press) 1997
- Pääbo, Svante: “The Human Genome and Our View of Ourselves” in Science, 16.02.2001, Band 291, S.1219-1220
- RAFI: „Phase II for Human Genome Research – Human Genetic Diversity Enters the Commercial
- Mainstream“ in RAFI Communiqué, Januar/ Februar 2000, http://www.etcgroup.org/search2.asp?srch=phase+II|- (PDF: com_phase2.pdf)

Informationen zur Veröffentlichung

Erschienen in:
GID Ausgabe 163 vom April 2004
Seite 13 - 14