

Aus dem Institut für Rechtsmedizin
der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf
Direktor: Prof. Dr. W. Bonte

und

dem Institut für Humangenetik und Anthropologie
der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf
Direktorin: Prof. Dr. B. Royer-Pokora

**Migration aus Osteuropa nach Nordrhein-Westfalen –
Untersuchungen anhand der DNA-STR-Systeme TH01 und VWA**

Dissertation

zur Erlangung des Grades eines Doktors der Medizin

Der Medizinischen Fakultät der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf

vorgelegt von

Sonja Schulz

2000

Als Inauguraldissertation gedruckt mit Genehmigung der Medizinischen Fakultät der
Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf

gez.: Univ.-Prof. Dr. med. Dieter Häussinger
Dekan

Referent: Univ.-Prof. Dr. med. Bonte

Korreferent: Univ.-Prof. Dr. med. Majewski

Mein Dank gilt

Herrn Prof. Dr. W. Bonte für die großzügige Unterstützung meiner Arbeit durch das Institut für Rechtsmedizin, Herrn Prof. Dr. F. Majewski für seine Tätigkeit als Korreferent und Prüfer, sowie Herrn Prof. Dr. J. Barz und Frau Prof. Dr. H. Idel als Prüfer. Ganz besonders danken möchte ich meinen Betreuern, Herrn Dr. W. Huckenbeck für die Hilfe und Anregungen bei der Durchführung der Untersuchungen und Herrn Dr. H.-G. Scheil für die Überlassung des Themas sowie seine geduldige Begleitung und hervorragende Betreuung.

Bei den Mitarbeiterinnen der serologischen Abteilung des Instituts für Rechtsmedizin, Dipl.-Biol. Kathy Kuntze, Dorothee Scholten, Helga Waha und Anne Wehr, bedanke ich mich ebenfalls recht herzlich. Ohne Ihre geduldige Hilfestellung und Anleitung wäre mir die Durchführung der Untersuchungen nicht möglich gewesen.

Herzlich danken möchte ich auch Dr. Johannes Uerscheln, der mir bei der technischen Verwirklichung der elektronischen Veröffentlichung geholfen hat.

Meinen Freunden, die stets ein offenes Ohr für mich hatten und mich durch das Studium begleitet haben, danke ich von Herzen, insbesondere Martina Fißan und Stefan Deckers für die Unterstützung bei der Vorbereitung auf die Prüfung.

Mein besonderer Dank gilt meinen Eltern, Erika und Kurt Wolfgang Schulz, die mich auf meinem Weg begleitet haben und mir während des Studiums der Medizin und der Promotion mit Rat und Tat zur Seite standen und immer für mich da waren. Ich hoffe, wir werden noch viele Gipfel gemeinsam erleben.

Inhaltsverzeichnis

1.	Einleitung	S. 1
2.	Material und Methode	S. 3
2.1.	Materialien	S. 3
2.1.1.	Probenmaterial und Lagerung	S. 3
2.1.2.	Pufferlösungen und Reagenzien	S. 3
2.2.	Methoden	S. 3
2.2.1.	Isolierung der DNA	S. 3
2.2.2.	Typisierung der STR-Systeme TH01 und VWA	S. 4
2.2.2.1.	Allgemeine Grundlagen	S. 4
2.2.2.2.	Polymerasekettenreaktion	S. 4
2.2.2.3.	Gelelektrophorese	S. 6
2.2.2.4.	Visualisierung der Banden durch Silberfärbung	S. 6
2.2.3.	Biostatistische Berechnungen	S. 9
3.	Ergebnisse	S. 10
3.1.	Allelfrequenzen und Genotypenverteilung	S. 10
3.2.	Populationsvergleich	S. 18
4.	Diskussion	S. 31
5.	Zusammenfassung	S. 34
6.	Literaturverzeichnis	S. 35
7.	Anhang	S. 40
7.1.	Abkürzungen	S. 40

7.2.	Chemikalien, Enzyme und Reagenzien	S. 41
7.3.	Lösungen	S. 42
7.3.1.	Elektrophorese	S. 42
7.3.2.	Silberfärbung	S. 43
7.4.	Geräte	S. 45
7.5.	Hilfsmittel	S. 45

1. Einleitung

Es ist allgemein bekannt, dass Menschen unterschiedlicher Populationen sich hinsichtlich vieler Merkmale unterscheiden. Diese Unterschiede reichen von morphologischen, polygen bedingten Merkmalen bis hin zu den leichter analysierbaren monogenen Merkmalen der Blutgruppen im weiteren Sinne. Besondere Bedeutung, insbesondere in der Forensik, aber auch in der Populationsgenetik, haben heute die DNA-PCR-Systeme erlangt.

Für das AB0-System der Blutgruppenmerkmale gibt es dabei nicht nur weltweite Kenntnisse der Genotypenverteilung (Mourant et al., 1976; Tills et al., 1983; Roychoudhury und Nei, 1988; Cavalli-Sforza et al., 1994), sondern auch sehr genaue Untersuchungen kleinerer Bevölkerungsgruppen, beispielsweise Nordrhein-Westfalens. Dabei zeigt das Allel B eine auffällige Verteilung. In den Regierungsbezirken Düsseldorf und Köln liegen die Allelfrequenzen in den durch Industrie und Handel charakterisierten Gebieten, vor allem im Ruhrgebiet, entlang des Rheins und in den sich östlich anschließenden Kommunen sowie im Großraum Aachen, über 8 %, in den agrarisch geprägten Bereichen entlang der niederländischen Grenze und zwischen dem Kölner und Aachener Raum darunter (Scheil und Strunz 1994, 1995). Die niedrigen B-Frequenzen setzen sich über die Grenze nach Westen fort (Venlo 0,00634, Eindhoven 0,0640; Nijenhuis 1957), und die hohen Aachener Werte können als relativ lokal begrenzt angesehen werden, da für Liège wieder niedrigere Frequenzen angegeben werden (0,0589; Moureau 1935, bzw. 0,0557; Petit- Maire 1956). Walter (1967) konnte die höheren B-Frequenzen im Industrierevier an der Ruhr auf die gegen Ende des 19. Jahrhunderts durch die Industrialisierung des Westens ausgelöste Zuwanderung osteuropäischer Bevölkerungsgruppen und die Wiedereingliederung von Flüchtlingen und Vertriebenen nach 1945 zurückführen. Scheil und Strunz (1994) konnten zeigen, dass die hohen B-Frequenzen im mittleren und östlichen Teil des Regierungsbezirks Düsseldorf eine Folge der Zuwanderung in das rheinisch-westfälische Industriegebiet und der sekundären Nahwanderungen nach Westen sind. Da die B-Allelfrequenzen im Regierungsbezirk Köln sich denen im Regie-

rungsbezirk Düsseldorf direkt anschließen, ist anzunehmen, dass sie zum Teil ein Ausdruck der Nahwanderung aus dem westfälischen Industrievier, zum Teil auch Folge einer direkten Einwanderung sind (Scheil und Strunz, 1995).

Diese Untersuchungsergebnisse werfen die Frage auf, inwieweit die Wanderungsbewegungen auch Einfluss auf die Allelfrequenzen anderer hämogenetischer Systeme hatten und inwiefern dieser Einfluss nachweisbar ist. Dazu untersuchten Scheil und Huckenbeck (1996) die Allelfrequenzen verschiedener hämogenetischer Systeme (MNSs, P1, FY, JK, Kk, GC, HP, TF, C3) dreier benachbarter Ortschaften des Regierungsbezirkes Köln, von denen zwei höhere B-Frequenzen aufweisen (Eschweiler und Stolberg) und eine niedrigere B-Frequenzen zeigt (Langerwehe), und verglichen sie mit entsprechenden Daten aus Polen. Dabei konnte gezeigt werden, dass die Allelfrequenzen der Systeme, die ein deutliches Ost-West-Gefälle in Europa erkennen lassen (Cavalli-Sforza et al., 1994) in Eschweiler und Stolberg verglichen mit denen in Langerwehe in Richtung der polnischen Frequenzen abweichen. Die Ergebnisse dieser Untersuchung konnten zwar den Einfluss der Immigration auch auf die entsprechenden Allelfrequenzen nicht beweisen, legten aber die Vermutung nahe, dass es so sein könnte.

Ziel dieser Arbeit ist es nun, die vorhandenen Daten mit Daten zweier weiterer DNA-PCR-Systeme, TH01 und VWA, zu ergänzen.

Untersucht wurden dazu zwei Bevölkerungsstichproben fünf benachbarter Ortschaften des Regierungsbezirkes Köln: Eschweiler und Stolberg einerseits und Inden, Langerwehe und Hürtgenwald andererseits, und die erhobenen Daten mit den entsprechenden polnischen Literaturangaben verglichen.

2. Material und Methode

2.1. Materialien

2.1.1. Probenmaterial und Lagerung

Bei den Blutproben handelt es sich um 1 ml EDTA-Vollblut von anonymen Blutspendern. Diese wurden bis zu ihrer Untersuchung bei –20 °C eingefroren.

2.1.2. Pufferlösungen und Reagenzien

Eine genaue Beschreibung über Zusammensetzung und Herstellung der Pufferlösungen und der Reagenzien sowie deren Bezugsquellen finden sich im Anhang.

2.2. Methoden

2.2.1. Isolierung der DNA

Die DNA-Extraktion erfolgte mit dem QIAamp Blood Kit (Qiagen) (Scherczinger et al., 1997) nach Vorschrift des Herstellers.

Für die Isolierung der DNA wurden 200 µl Blut zusammen mit 200 µl AI-Puffer des Kits und 25 µl Protease (20 mg/ml) für zehn Minuten bei 70 °C inkubiert. Anschließend wurden 210 µl Isopropanol zugefügt, und diese Mischung wurde in die im Kit enthaltenen Zentrifugenröhrchen mit Mikrofiltereinsatz gegeben. Nach einminütigem Zentrifugieren bei 6000 rpm wurde der verbleibende Rückstand auf dem Mikrofilter zweimal mit jeweils 500 µl AW-Puffer des Kits gewaschen. Dadurch werden die denaturierten Proteine und andere Kontaminationen, welche die sich anschließende PCR hemmen könnten, vollständig entfernt. Die auf der QIAamp-Silikonmembran gebundene DNA wurde mit heißem (70 °C) 100 mM Tris-HCl-Puffer, pH 8,7, durch einminütige Zentrifugation bei 6000 rpm von dieser gelöst. Sie kann sofort weiterverarbeitet oder bei –20 °C gelagert werden.

2.2.2. Typisierung der STR-Systeme TH01 und VWA

2.2.2.1. Allgemeine Grundlagen

Short Tandem Repeats (STR) sind kurze DNA-Abschnitte (150-350 Basenpaare), die durch die Repetition von ein bis sechs Basenpaaren gekennzeichnet sind.

Das STR-System TH01 (Locus: 11p15.5-p15), Synonyme: HumTH01, TC11, liegt im humanen Tyrosinhydroxylase-Gen (Intron 1) und hat die repetitive Sequenz AATG (Polymeropoulos et al., 1991). Es weist acht Allele auf, die entsprechend ihrer Repeatanzahl (5-11) benannt worden sind (Wiegand et al., 1993; van Oorschot et al., 1994). Das Allel 10 wird im europäischen Bereich selten beobachtet (0,0024 %). Da es nur ein Basenpaar vom Allel 9.3 auseinanderliegt, kann es Schwierigkeiten bereiten, diese beiden Allele visuell zu differenzieren; deshalb wurden sie in dieser Arbeit unter dem Allel 9.3/10 zusammengefasst.

Das STR-System VWA (Locus: 12p12-12pter), Synonyme: HumVWA31A, vWA (früher vWF), liegt im humanen Von-Willebrand-Faktor-Gen (Intron 40) und hat die repetitive Sequenz TCTR, R = Adenin oder Guanin (Kimpton et al., 1992). Es zeigt neun Allele, die entsprechend ihrer Repeatanzahl (13-21) benannt worden sind (Möller et al., 1994).

Nach Amplifikation (Größe der Amplifikate: TH01: 154-178 Basenpaare, VWA: 134-166 Basenpaare), gelelektrophoretischer Auftrennung und Silberfärbung können die Allele durch den Vergleich mit einer Allel-Leiter eindeutig typisiert werden.

2.2.2.2. Polymerasekettenreaktion

Das der PCR zugrundeliegende Prinzip beruht auf der zyklischen Wiederholung einer Abfolge verschiedener Temperaturen, denen das gepufferte Reaktionsgemisch, bestehend aus DNA, Oligonukleotid-Startermolekülen (Primern), Desoxynukleotidphosphaten (dNTPs) und hitzestabiler DNA-Polymerase (Taq-Polymerase) ausgesetzt wird. Ein Standardzyklus, in dessen Verlauf der DNA-Doppelstrang zunächst gespalten, an

die Einzelstränge Primer angelagert werden und von diesen aus dann die Synthese eines Gegenstranges stattfindet, setzt sich aus Denaturierungstemperatur (90 °C bis 94 °C, ca. eine Minute), Hybridisierungstemperatur (50 °C bis 60 °C, 0,5 bis 1 Minute) und Elongationstemperatur (65 °C bis 72 °C, 0,5 bis 1 Minute) zusammen (Mullis und Faloona 1987).

Zur Amplifikation und Visualisierung der DNA wurden, den oben genannten Systemen entsprechend, Testkits zur DNA-Typisierung der Firma Serac verwendet. Ferner wurden für die Amplifikation AmpliTaq-Polymerase (Perkin Elmer), 10X PCR-Puffer (100 mM Tris-HCl pH 8.3, 500 mM KCl, 15 mM MgCl₂, Perkin Elmer) und Mineralöl eingesetzt.

Pro Reaktionsansatz wurden 2 µl des die isolierte DNA enthaltenden Tris-HCl-Puffers mit 0,5 µl 10X PCR-Puffer, 2 µl Nukleotid-Mix, 0,5 µl Primer, 0,2 µl AmpliTaq-Polymerase und 19,8 µl sterilem Aqua bidest. angesetzt und darauf ein Tropfen Mineralöl gegeben. Dieses ist chemisch inert und verhindert die Kondensation des Reaktionsansatzes. Mit Hilfe eines Thermocyclers Trio-Thermoblock der Firma Biometra erfolgte direkt im Anschluss die DNA-Amplifikation. Die Amplifikationszyklen wurden wie folgt gewählt:

System TH01:

10 Zyklen	94 °C, 60 sec
	64 °C, 60 sec
	70 °C, 120 sec
17 Zyklen	90 °C, 60 sec
	64 °C, 60 sec
	70 °C, 120 sec

System VWA:

30 Zyklen	94 °C, 60 sec
	50 °C, 60 sec
	72 °C, 90 sec

Nach Abschluss der Amplifikation wurden die Proben kurz zentrifugiert. So konnten sie mehrere Tage bei 4°C und über Monate bei –20°C gelagert oder sofort weiterverarbeitet werden.

2.2.2.3. Gelelektrophorese

Für die Elektrophorese wurden mit Hilfe zweier Glasplatten dünne 6,4 %ige Polyacrylamidgele (26 x 20 cm, Dicke ca. 0,4 mm) auf Gelbondfolie (Biozym) gegossen. Vor der Verwendung des Gels sollte die Lösung mindestens zwei Stunden auspolymerisieren.

Zur Durchführung der Gelelektrophorese wurden die Kühlplatten des Elektrophoresegerätes auf 10 °C vorgekühlt und das Gel mit der Folie nach unten möglichst luftblasenfrei aufgelegt. Anodal und kathodal wurden auf den Gelrand drei in mit Chromphenolblau 0,01 % versetzten Trisborat-Puffer getränkte Elektrodenstreifen übereinander und im Abstand von mindestens 1 cm zum kathodalen Elektrodenstreifen die Applikationsplättchen aufgelegt. Es wurden auf jedes dritte Plättchen 6 µl Allelleiter und auf die übrigen je 7 µl Probenamplifikat pipettiert. Zuletzt wurde die Glasplatte mit den Elektroden auf den Elektrodenstreifen positioniert, fixiert und nach Aufsetzen des Deckels der Lauf unter folgenden Laufbedingungen gestartet:

1 h 5 W, 40 mA, 1000 V

1 h 10 W, 40 mA, 1000 V

15 W, 40 mA, 1000 V, bis die Bromphenolblaubande die Anode erreicht hat.

2.2.2.4. Visualisierung der Banden durch Silberfärbung

Die Visualisierung der Banden erfolgte nach der Elektrophorese durch eine Silberfärbung nach Allen und Budowle (1989).

Hierzu wurde das Gel in 1 %iger Salpetersäure zehn Minuten fixiert. Die Anfärbung erfolgte für 20 Minuten mit 0,2 %iger Silbernitratlösung. Die Farbentwicklung in 0,28 M Natriumcarbonatlösung, die mit 0,05 % Formaldehyd versetzt worden war, wurde mit 10 %iger Essigsäure gestoppt, sobald die Banden deutlich sichtbar waren.

Die Imprägnation des Gels mit 5 %iger Glycerinlösung über fünf Minuten erfolgte, nachdem die Platte mit Aqua bidest. gespült worden war.

Bei den Allelleitern müssen bei TH01 sieben, bei VWA neun Banden, welche den jeweiligen Allelen entsprechen, deutlich sichtbar sein.

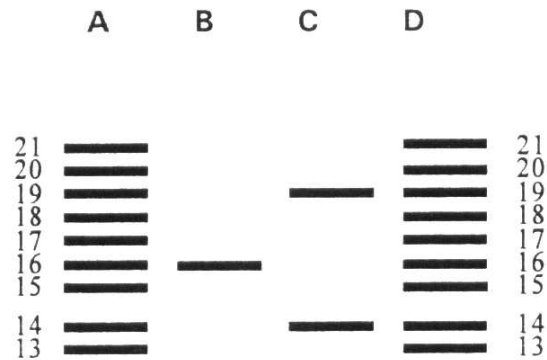


Abb. 1: Schematische Darstellung einer VWA-Auftrennung im Polyacrylamidgel

- A Allelleiter
- B Probe 1 (homozygot für das Allel 16)
- C Probe 2 (heterozygot für die Allele 14 und 19)
- D Allelleiter

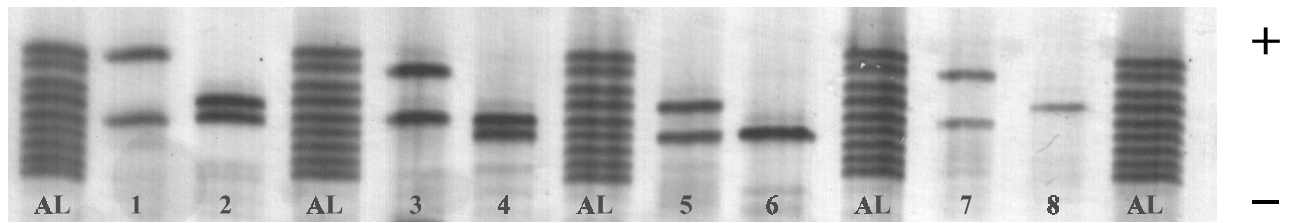


Abb. 2: Ausschnitt aus einem Originalgel einer VWA-Auftrennung

(AL = Allel-Leiter, Genotypen: Bahn 1: 17-21, 2: 17-18, 3: 17-20, 4: 16-17, 5: 16-18, 6: 16-16, 7: 17-20, 8: 18-18)

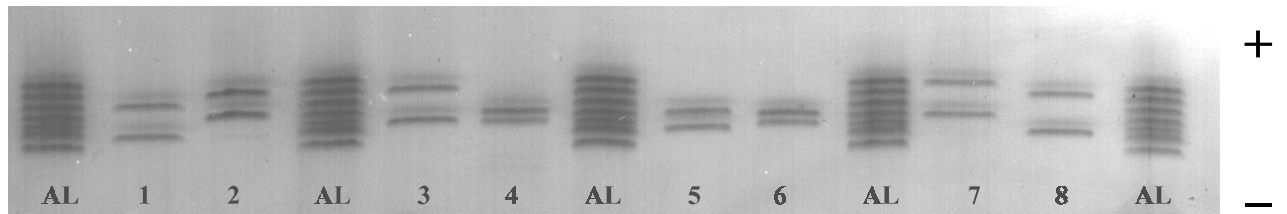


Abb. 3: Ausschnitt aus einem Originalgel einer TH01-Auftrennung

(AL = Allel-Leiter, Genotypen: Bahn 1: 6-8, 2: 7-9, 3: 7-9, 4: 7-8, 5: 6-8, 6: 7-8, 7: 8-11, 8: 6-9.3)

2.2.2. Biostatistische Berechnungen

Die Allelfrequenzen wurden durch einfaches Gene counting ermittelt, ihr relativer Wert errechnet sich nach der Formel (dargestellt für nur zwei Allele)

$$p = \frac{2 \times (\text{Zahl der Homozygoten für } p) + (\text{Zahl der Heterozygoten})}{2 \times \text{Gesamtzahl der untersuchten Individuen}}$$

Entsprechend gilt für q:

$$q = \frac{2 \times (\text{Zahl der Homozygoten für } q) + (\text{Zahl der Heterozygoten})}{2 \times \text{Gesamtzahl der untersuchten Individuen}}$$

Die erwarteten Werte errechnen sich wie folgt:

Homozygote $(\text{Allelfrequenz})^2 \times \text{Stichprobenumfang}$

Heterozygote $\text{Allelfrequenz } p \times \text{Allelfrequenz } q \times 2 \times \text{Stichprobenumfang.}$

Um zu prüfen, ob die untersuchten Populationen dem Hardy-Weinberg-Gleichgewicht entsprechen, wurde der χ^2 -Test angewandt.

Auch der Populationsvergleich erfolgte mittels χ^2 -Test. Zellen, die einen Erwartungswert < 5 aufwiesen, wurden dabei zusammengefasst.

Die Cluster-Analyse wurde nach der UPGMA-Methode am PC durchgeführt (Rogers, 1972) und die modifizierten Rogers-Distanzen wurden nach der Methode nach Wright (1978) berechnet.

3. Ergebnisse

3.1. Allelfrequenzen und Genotypenverteilung

Grundlage für weitere Berechnungen und Aussagen ist eine ausreichend große Bevölkerungsstichprobe mit empirisch ermittelten Genotyp- und Allelfrequenzen. Die hier untersuchten Stichproben haben einen vergleichbaren Umfang von $n = 272$ (Eschweiler und Stolberg) und $n = 277$ (Inden, Langerwehe, Hürtgenwald).

Beide Stichproben unterliegen in beiden Systemen Hardy-Weinberg-Bedingungen:

Eschweiler und Stolberg:

System VWA $\chi^2 = 15,2318$ ($df = 11, 0,1 < p < 0,2$)

System TH01 $\chi^2 = 11,5586$ ($df = 9, 0,2 < p < 0,3$)

Inden, Langerwehe und Hürtgenwald:

System VWA $\chi^2 = 9,5299$ ($df = 12, 0,5 < p < 0,7$)

System TH01 $\chi^2 = 5,3468$ ($df = 8, 0,7 < p < 0,8$)

Die Genotypenverteilung beider Stichproben ist in den Tab.1 bis 4 dargestellt.

Tab. 1: VWA-Genotypenverteilung in Eschweiler und Stolberg

Genotypen	Beobachtet		Erwartet	
	n	%	n	%
13-13	0	0,0000	0,0009	0,0003
13-14	0	0,0000	0,1140	0,0419
13-15	0	0,0000	0,1268	0,0466
13-16	1	0,3676	0,2022	0,0743
13-17	0	0,0000	0,2647	0,0973
13-18	0	0,0000	0,2206	0,0811
13-19	0	0,0000	0,0607	0,0223
13-20	0	0,0000	0,0092	0,0034
13-21	0	0,0000	0,0000	0,0000
14-14	1	0,3676	3,5331	1,2989

Tab. 1: Fortsetzung

Geno- typen	Beobachtet		Erwartet	
	n	%	n	%
14-15	13	4,7794	7,8640	2,8912
14-16	10	3,6765	12,5368	4,6091
14-17	22	8,0882	16,4118	6,0337
14-18	10	3,6765	13,6765	5,0281
14-19	4	1,4706	3,7610	1,3827
14-20	1	0,3676	0,5699	0,2095
14-21	0	0,0000	0,0000	0,0000
15-15	3	1,1029	4,3759	1,6088
15-16	12	4,4118	13,9522	5,1295
15-17	15	5,5147	18,2647	6,7150
15-18	19	6,9853	15,2206	5,5958
15-19	4	1,4706	4,1857	1,5388
15-20	0	0,0000	0,6342	0,2332
15-21	0	0,0000	0,0000	0,0000
16-16	14	5,1471	11,1213	4,0887
16-17	32	11,7647	29,1176	10,7050
16-18	21	7,7206	24,2647	8,9208
16-19	6	2,2059	6,6728	2,4532
16-20	0	0,0000	1,0110	0,3717
16-21	0	0,0000	0,0000	0,0000
17-17	15	5,5147	19,0588	7,0069
17-18	36	13,2353	31,7647	11,6782
17-19	8	2,9412	8,7353	3,2115
17-20	1	0,3676	1,3235	0,4866
17-21	0	0,0000	0,0000	0,0000
18-18	12	4,4118	13,2353	4,8659
18-19	9	3,3088	7,2794	2,6763
18-20	1	0,3676	1,1029	0,4055
18-21	0	0,0000	0,0000	0,0000

Tab. 1: Fortsetzung

19-19	0	0,0000	1,0009	0,3680
19-20	2	0,7353	0,3033	0,1115
19-21	0	0,0000	0,0000	0,0000
20-20	0	0,0000	0,0230	0,0084
20-21	0	0,0000	0,0000	0,0000
21-21	0	0,0000	0,0000	0,0000
SUMME	272	100,0000	272,0000	100,0000

Tab. 2: VWA-Genotypenverteilung in Inden, Langerwehe und Hürtgenwald

Geno- typen	Beobachtet		Erwartet	
	n	%	n	%
13-13	0	0,0000	0,0144	0,0052
13-14	0	0,0000	0,4982	0,1799
13-15	0	0,0000	0,2744	0,0990
13-16	0	0,0000	0,7798	0,2815
13-17	1	0,3610	1,2635	0,4562
13-18	2	0,7220	0,8159	0,2945
13-19	0	0,0000	0,2599	0,0938
13-20	0	0,0000	0,0722	0,0261
13-21	1	0,3610	0,0072	0,0026
14-14	6	2,1661	4,2969	1,5512
14-15	8	2,8881	4,7329	1,7086
14-16	16	5,7762	13,4513	4,8561
14-17	18	6,4982	21,7960	7,8686
14-18	11	3,9711	14,0740	5,0809
14-19	3	1,0830	4,4838	1,6187
14-20	1	0,3610	1,2455	0,4496
14-21	0	0,0000	0,1245	0,0450

Tab. 2: Fortsetzung

Geno- typen	Beobachtet		Erwartet	
	n	%	n	%
15-15	0	0,0000	1,3032	0,4705
15-16	6	2,1661	7,4079	2,6743
15-17	11	3,9711	12,0036	4,3334
15-18	8	2,8881	7,7509	2,7982
15-19	4	1,4440	2,4693	0,8914
15-20	1	0,3610	0,6859	0,2476
15-21	0	0,0000	0,0686	0,0248
16-16	10	3,6101	10,5271	3,8004
16-17	34	12,2744	34,1155	12,3161
16-18	27	9,7473	22,0289	7,9527
16-19	5	1,8051	7,0181	2,5336
16-20	0	0,0000	1,9495	0,7038
16-21	0	0,0000	0,1949	0,0704
17-17	33	11,9134	27,6399	9,9783
17-18	31	11,1913	35,6949	12,8863
17-19	12	4,3321	11,3718	4,1054
17-20	2	0,7220	3,1588	1,1404
17-21	0	0,0000	0,3159	0,1140
18-18	10	3,6101	11,5244	4,1604
18-19	10	3,6101	7,3430	2,6509
18-20	4	1,4440	2,0397	0,7364
18-21	0	0,0000	0,2040	0,0736
19-19	1	0,3610	1,1697	0,4223
19-20	0	0,0000	0,6498	0,2346
19-21	0	0,0000	0,0650	0,0235
20-20	1	0,3610	0,0903	0,0326
20-21	0	0,0000	0,0181	0,0065
21-21	0	0,0000	0,0009	0,0003
SUMME	277	100,0000	277,0000	100,0000

Tab. 3: TH01-Genotypenverteilung in Eschweiler und Stolberg

Geno- typen	Beobachtet		Erwartet	
	n	%	n	%
5-5	0	0,0000	0,0450	0,0166
5-6	5	1,8382	1,4798	0,5440
5-7	1	0,3676	1,1324	0,4163
5-8	1	0,3676	0,9136	0,3359
5-9	0	0,0000	1,0423	0,3832
5-9.3/10	0	0,0000	2,3290	0,8563
5-11	0	0,0000	0,0129	0,0047
6-6	10	3,6765	12,1553	4,4689
6-7	22	8,0882	18,6029	6,8393
6-8	13	4,7794	15,0092	5,5181
6-9	21	7,7206	17,1232	6,2953
6-9.3/10	34	12,5000	38,2629	14,0672
6-11	0	0,0000	0,2114	0,0777
7-7	7	2,5735	7,1176	2,6168
7-8	9	3,3088	11,4853	4,2225
7-9	17	6,2500	13,1029	4,8173
7-9.3/10	25	9,1912	29,2794	10,7645
7-11	0	0,0000	0,1618	0,0595
8-8	2	0,7353	4,6333	1,7034
8-9	12	4,4118	10,5717	3,8867
8-9.3/10	31	11,3971	23,6232	8,6850
8-11	1	0,3676	0,1305	0,0480
9-9	5	1,8382	6,0303	2,2170
9-9.3/10	21	7,7206	26,9504	9,9082
9-11	0	0,0000	0,1489	0,0547
9.3/10-9.3/10	35	12,8676	30,1112	11,0703
9.3/10-11	0	0,0000	0,3327	0,1223
11-11	0	0,0000	0,0009	0,0003
SUMME	272	100,0000	272,0000	100,0000

Tab. 4: TH01-Genotypenverteilung in Inden, Langerwehe und Hürtgenwald

Geno- typen	Beobachtet		Erwartet	
	n	%	n	%
5-5	0	0,0000	0,0036	0,0013
5-6	0	0,0000	0,5018	0,1812
5-7	1	0,3610	0,2960	0,1069
5-8	0	0,0000	0,2996	0,1082
5-9	0	0,0000	0,2816	0,1017
5-9.3/10	1	0,3610	0,6101	0,2203
5-11	0	0,0000	0,0036	0,0013
6-6	17	6,1372	17,4377	6,2952
6-7	18	6,4982	20,5740	7,4274
6-8	24	8,6643	20,8249	7,5180
6-9	15	5,4152	19,5704	7,0651
6-9.3/10	47	16,9675	42,4025	15,3078
6-11	1	0,3610	0,2509	0,0906
7-7	5	1,8051	6,0686	2,1908
7-8	13	4,6931	12,2852	4,4351
7-9	13	4,6931	11,5451	4,1679
7-9.3/10	27	9,7473	25,0144	9,0305
7-11	0	0,0000	0,1480	0,0534
8-8	5	1,8051	6,2175	2,2446
8-9	10	3,6101	11,6859	4,2187
8-9.3/10	26	9,3863	25,3195	9,1406
8-11	0	0,0000	0,1498	0,0541
9-9	9	3,2491	5,4910	1,9823
9-9.3/10	22	7,9422	23,7942	8,5900
9-11	0	0,0000	0,1408	0,0508
9.3/10-9.3/10	23	8,3032	25,7771	9,3058
9.3/10-11	0	0,0000	0,3051	0,1101
11-11	0	0,0000	0,0009	0,0003
SUMME	277	100,0000	277,0000	100,0000

Die Abb. 4 und 5 sowie die Tab. 5 und 6 zeigen die ermittelten Allelfrequenzen beider Stichproben für beide Systeme.

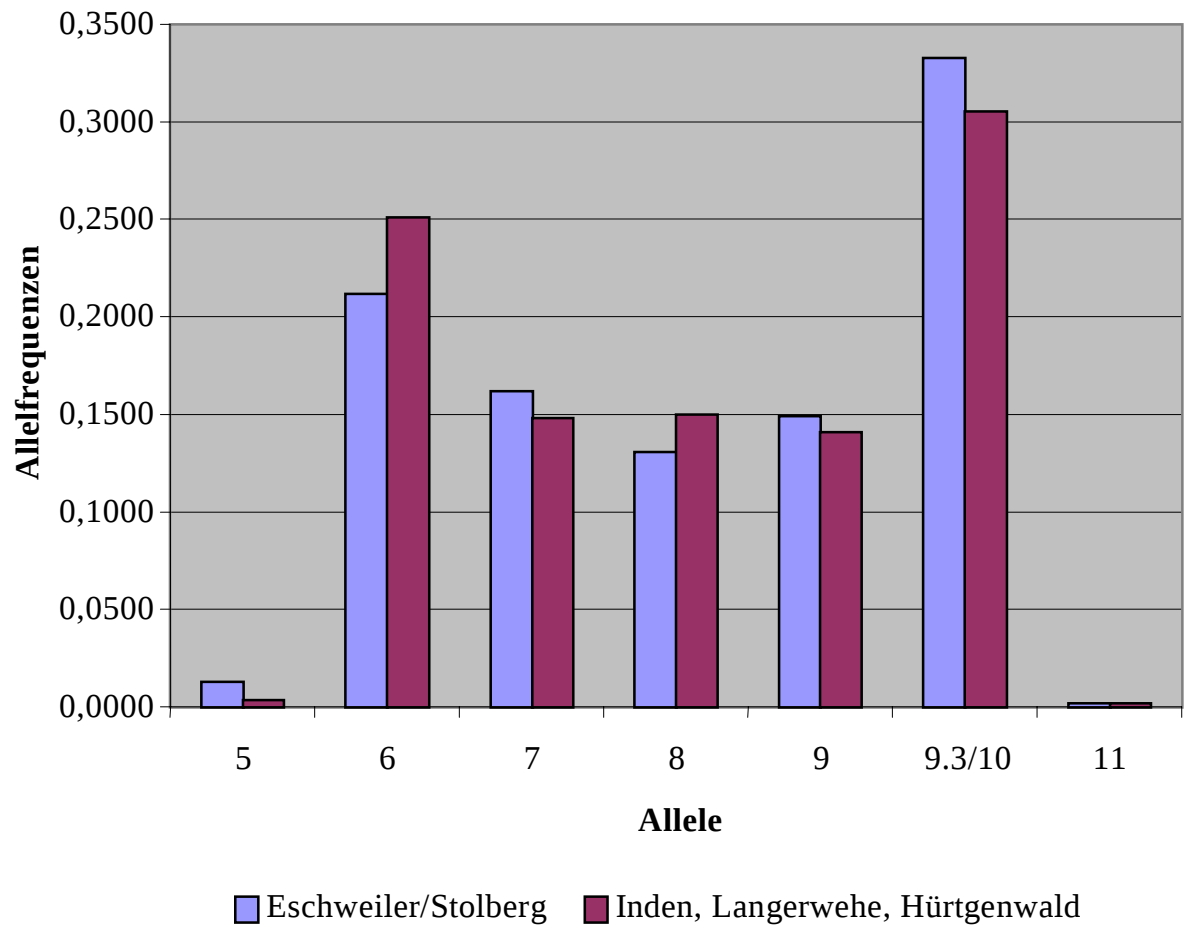


Abb. 4: TH01-Allelfrequenzen

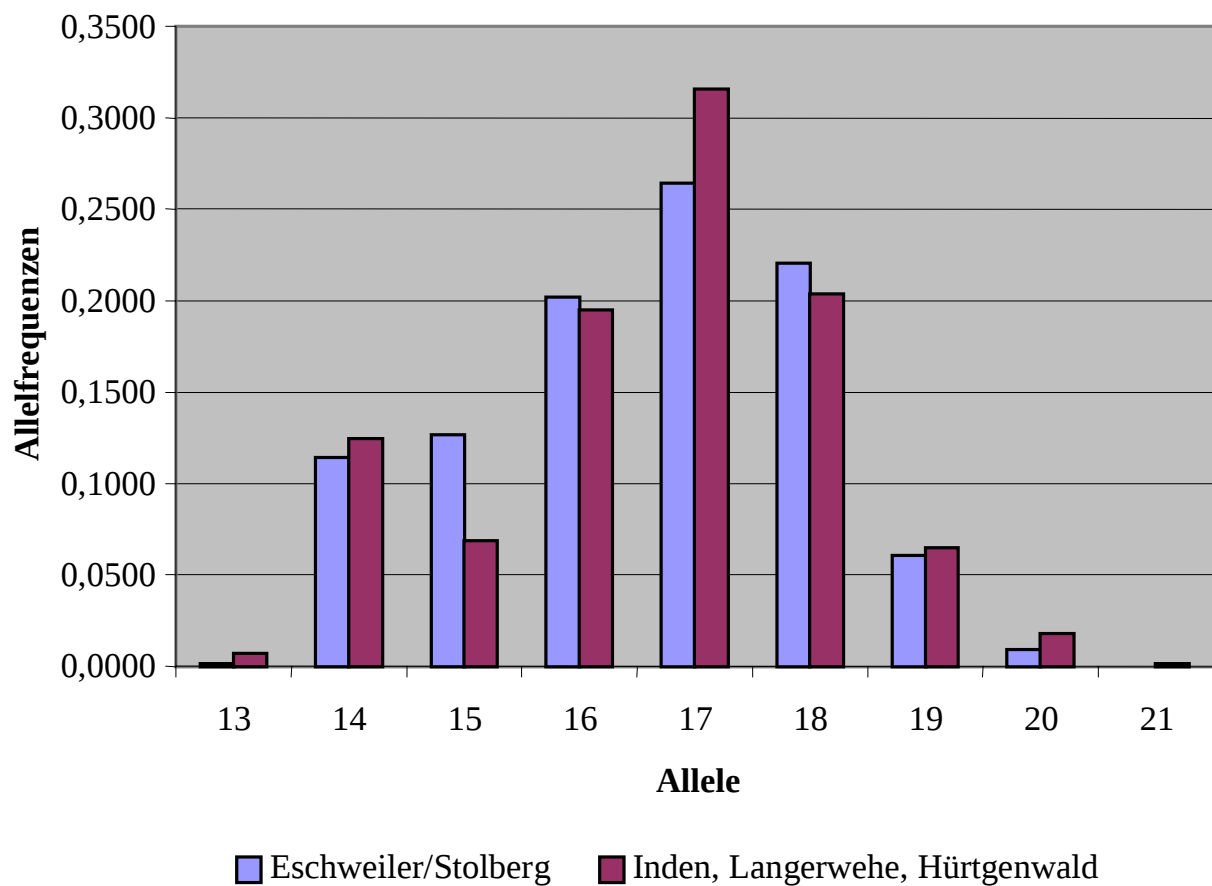


Abb. 5: VWA-Allelfrequenzen

Tab. 5: TH01-Allelfrequenzen

Allele	Eschweiler / Stolberg n = 272		Inden, Langerwehe, Hürtgenwald n = 277	
	relativ	absolut	relativ	absolut
5	0,0129	7	0,0036	2
6	0,2114	115	0,2509	139
7	0,1618	88	0,1480	82
8	0,1305	71	0,1498	83
9	0,1489	81	0,1408	78
9.3	0,3327	181	0,3051	169
11	0,0018	1	0,0018	1

Tab. 6: VWA-Allelfrequenzen

Allele	Eschweiler / Stolberg n = 272		Inden, Langerwehe, Hürtgenwald n = 277	
	relativ	absolut	relativ	absolut
13	0,0018	1	0,0072	4
14	0,1140	62	0,1246	69
15	0,1268	69	0,0686	38
16	0,2022	110	0,1950	108
17	0,2647	144	0,3159	175
18	0,2206	120	0,2040	113
19	0,0607	33	0,0650	36
20	0,0092	5	0,0181	10
21	0,0000	0	0,0018	1

3.2. Populationsvergleich

Der Populationsvergleich erfolgte ebenfalls mit Hilfe des χ^2 -Testes. Dazu wurden die polnischen Allelfrequenzen (Pawlowski et al., 1996) in absolute Werte umgerechnet. Insgesamt lässt sich sagen, dass sich im System TH01 für keine Populationskombinationen ein signifikanter Unterschied ergibt, sich im System VWA jedoch alle Grundgesamtheiten signifikant voneinander unterscheiden (Tab. 7).

Die in dieser Untersuchung ermittelten Allelfrequenzen wurden mit den bereits vorhandenen deutschen Daten über das gewogene arithmetische Mittel für Gesamtdeutschland gepoolt, die Tab. 8 und 9 zeigen die deutschen Allelfrequenzen sowie die Allelfrequenzen für Polen im Vergleich.

Tab. 7: Statistischer Vergleich der untersuchten Stichproben untereinander und mit polnischen Daten

STR-System TH01				
Populationen	df	χ^2	p	
Eschweiler – Inden	5	6,0619	$0,2 < p < 0,3$	nicht signifikant
Eschweiler – Polen	4	4,9896	$0,2 < p < 0,3$	nicht signifikant
Inden – Polen	4	5,2311	$0,2 < p < 0,3$	nicht signifikant
Eschweiler – Inden - Polen	8	7,9137	$0,3 < p < 0,5$	nicht signifikant
STR-System VWA				
Populationen	df	χ^2	p	
Eschweiler – Inden	6	16,49314	$0,01 < p < 0,025$	signifikant
Eschweiler – Polen	6	13,6472	$0,025 < p < 0,05$	signifikant
Inden – Polen	6	14,186	$0,025 < p < 0,05$	signifikant
Eschweiler – Inden - Polen	12	29,7917	$0,001 < p < 0,01$	signifikant

Tab. 8: VWA-Allelfrequenzen im Vergleich

Population	Ref.	n	13	14	15	16	17	18	19	20	21
Deutschland (gepoolt)		12873	0.0023	0.0992	0.1022	0.2056	0.2752	0.2159	0.0863	0.0122	0.0012
Deutschland	(1)	276	0.0000	0.0960	0.1014	0.2174	0.2609	0.2337	0.0779	0.0109	0.0018
Deutschland	(2)	1510	0.0013	0.0974	0.0987	0.2040	0.2795	0.2212	0.0854	0.0126	0.0020
Deutschland (Norden)	(3)	307	0.0000	0.0940	0.1010	0.1860	0.2870	0.2250	0.0930	0.0150	0.0000
Deutschland (Nord-Westen)	(4, 5)	649	0.0010	0.0970	0.1010	0.2070	0.2780	0.2130	0.0860	0.0150	0.0010
Deutschland (Süden)	(6)	1569	0.0010	0.0851	0.1141	0.2208	0.2776	0.2071	0.0854	0.0080	0.0003
Deutschland (Süd-Westen)	(7)	206	0.0049	0.1117	0.0922	0.2330	0.2427	0.2233	0.0801	0.0121	0.0000
Deutschland (Süd-Westen)	(8)	594	0.0020	0.0990	0.1100	0.1820	0.2910	0.2080	0.0940	0.0150	0.0000
Deutschland (Süd-Westen)	(9)	361	0.0028	0.1122	0.0873	0.2230	0.2618	0.2285	0.0762	0.0083	0.0000
Deutschland (Berlin-Brandenburg)	(10)	597	0.0060	0.1000	0.1070	0.2080	0.2740	0.2160	0.0750	0.0130	0.0010
Deutschland (Bremen)	(11)	100	0.0000	0.0850	0.0850	0.1800	0.2900	0.2300	0.1200	0.0100	0.0000
Deutschland (Hamburg)	(12)	108	0.0093	0.1250	0.0556	0.1944	0.2593	0.2269	0.1204	0.0046	0.0046
Deutschland (Hessen)	(13)	211	0.0024	0.1185	0.0924	0.2275	0.2299	0.2299	0.0924	0.0047	0.0024
Deutschland (Niederfranken)	(14)	197	0.0000	0.0940	0.1270	0.1800	0.3020	0.1930	0.0760	0.0250	0.0030
Deutschland (Nordrhein-Westfalen)	(15)	427	0.0012	0.0995	0.0902	0.1967	0.2822	0.2213	0.0948	0.0094	0.0035
Deutschland (Sachsen)	(16)	300	0.0050	0.1100	0.1180	0.1800	0.2780	0.2100	0.0820	0.0150	0.0000
Deutschland (Thüringen)	(17)	421	0.0059	0.1021	0.0998	0.2055	0.2874	0.1924	0.0938	0.0107	0.0024

Tab. 8: Fortsetzung

Population	Ref.	n	13	14	15	16	17	18	19	20	21
Deutschland (Bonn)	(19)	273	0.0020	0.1060	0.1170	0.1960	0.2660	0.2110	0.0900	0.0110	0.0020
Deutschland (Köln)	(20)	200	0.0000	0.0780	0.1000	0.2330	0.2780	0.2080	0.0950	0.0100	0.0000
Deutschland (Köln)	(11)	122	0.0041	0.0656	0.0984	0.2131	0.2869	0.2049	0.1107	0.0164	0.0000
Deutschland (Düsseldorf)	(21)	466	0.0032	0.0644	0.1009	0.2296	0.2811	0.2060	0.0987	0.0129	0.0011
Deutschland (Eschweiler, Stolberg)	(22)	272	0.0018	0.1140	0.1268	0.2022	0.2647	0.2206	0.0607	0.0092	0.0000
Deutschland (Frankfurt/Main)	(23)	175	0.0120	0.0840	0.1390	0.1990	0.2630	0.2140	0.0078	0.0060	0.0060
Deutschland (Giessen)	(24)	50	0.0000	0.1100	0.0900	0.1300	0.2600	0.3100	0.0900	0.0100	0.0000
Deutschland (Göttingen)	(25)	526	0.0029	0.1131	0.1245	0.2006	0.2367	0.2158	0.0875	0.0181	0.0010
Deutschland (Hannover)	(11)	100	0.0050	0.1150	0.0900	0.1400	0.3100	0.2250	0.0950	0.0150	0.0050
Deutschland (Inden/Lan- gerwehe/Hürtgenwald)	(22)	277	0.0072	0.1246	0.0686	0.1950	0.3159	0.2040	0.0650	0.0181	0.0018
Deutschland (Münster)	(26)	321	0.0047	0.1100	0.0980	0.2100	0.2700	0.2100	0.0770	0.0170	0.0016
Deutschland (Rostock)	(27)	489	0.0000	0.0798	0.0961	0.1820	0.3292	0.1881	0.1125	0.0102	0.0020
Deutschland (Würzburg)	(28)	1953	0.0018	0.1009	0.0911	0.2020	0.2765	0.2248	0.0899	0.0118	0.0008
Polen (Norden)	(29)	185	0.0054	0.0648	0.0972	0.1945	0.2864	0.2324	0.0945	0.0243	0.0000

Referenzen:

(1) Weisser und Lutz (1998), (2) Piccinini et al. (1997), (3) Augustin et al. (1996), (4) Brinkmann et al. (1996), (5) Brinkmann et al. (1998), (6) Luckenbach (1998), (7) Leim et al. (1996), (8) Förster et al. (1998), (9) Degenhardt et al. (1998), (10) Bläß et al. (1996), (11) Hou et al. (1998), (12) Kluß et al. (1998), (13) Seidl et al. (1998), (14) Günther und Patzelt (1996), (15) Huckenbeck et al. (1995), (16) Edelmann (1997), (17) Meyer et al. (1998), (18) Stein (1998), (19) Madea und Junge (1998), (20) Benecke et al. (1998), (21) Huckenbeck et al. (1996 a), (22) diese Studie, (23) Zehner (1998), (24) Haas und Weiler (1996), (25) Basler und Rink (1997), (26) Möller et al. (1994), (27) Bulnheim et al. (1998), (28) Arnold (1996), (29) Pawlowski et al. (1996), vergleiche auch Huckenbeck et al. (1997) und Huckenbeck und Scheil (2000)

Tab. 9: TH01-Allelfrequenzen im Vergleich

STR-System TH01: Allelfrequenzen									
Population	Ref.	n	5	6	7	8	9	9.3/10	11
Deutschland (gepoolt)		9389	0.0035	0.2223	0.1575	0.1167	0.1656	0.3338	0.0007
Deutschland	(1)	290	0.0010	0.2207	0.1845	0.1259	0.1500	0.3189	0.0000
Deutschland (Süd-Westen)	(2)	628	0.0010	0.2350	0.1410	0.1210	0.1620	0.3400	0.0000
Deutschland (Süd-Westen)	(3)	484	0.0052	0.2107	0.1653	0.1157	0.1715	0.3316	0.0000
Deutschland (Süd-Westen)	(4)	305	0.0049	0.2131	0.1656	0.1033	0.1869	0.3262	0.0000
Deutschland (Norden)	(5)	268	0.0000	0.2180	0.1600	0.1030	0.1720	0.3470	0.0000
Deutschland (Nord-Westen)	(6)	696	0.0030	0.2260	0.1670	0.1170	0.1490	0.3380	0.0010
Deutschland (Süden)	(7)	2007	0.0015	0.2190	0.1505	0.1148	0.1726	0.3413	0.0002
Deutschland (Thüringen)	(8)	391	0.0038	0.2455	0.1381	0.1381	0.1701	0.3044	0.0000
Deutschland (Aachen)	(9)	302	0.0017	0.2070	0.1573	0.1507	0.1440	0.3394	0.0000
Deutschland (Bochum, Essen, Recklinghausen)	(10)	150	0.0070	0.2130	0.1930	0.0830	0.1900	0.3130	0.0000
Deutschland (Berlin-Brandenburg)	(11)	589	0.0010	0.2240	0.1620	0.1120	0.1750	0.3260	0.0000
Deutschland (Bonn)	(12)	257	0.0080	0.2310	0.1690	0.1050	0.1670	0.3220	0.0000
Deutschland (Hamburg)	(13)	108	0.0046	0.2176	0.1667	0.1111	0.1574	0.3426	0.0000
Deutschland (Niederfranken)	(14)	183	0.0030	0.2320	0.1610	0.1230	0.1900	0.2920	0.0000
Deutschland (Nordrhein-Westfalen)	(15)	556	0.0072	0.2275	0.1439	0.1187	0.1628	0.3399	0.0000

Tab. 9: Fortsetzung

Population	Ref.	n	5	6	7	8	9	9.3/10	11
Deutschland (Sachsen)	(16)	300	0.0030	0.2320	0.1580	0.0930	0.1700	0.3430	0.0000
Deutschland (Düsseldorf)	(15)	498	0.0110	0.1857	0.1747	0.1225	0.1687	0.3313	0.0060
Deutschland (Eschweiler, Stolberg)	(17)	272	0.0129	0.2114	0.1618	0.1305	0.1489	0.3327	0.0018
Deutschland (Giessen)	(18)	50	0.0100	0.2300	0.1700	0.0900	0.1800	0.3200	0.0000
Deutschland (Göttingen)	(19)	460	0.0011	0.2380	0.1370	0.0978	0.1576	0.3674	0.0011
Deutschland (Inden/Langerwehe/Hürtgenwald)	(17)	277	0.0036	0.2509	0.1480	0.1498	0.1408	0.3051	0.0018
Deutschland (Münster)	(20)	110	0.0020	0.2310	0.1630	0.1120	0.1920	0.2890	0.0100
Deutschland (Rostock)	(21)	208	0.0024	0.2091	0.1899	0.1106	0.1394	0.3486	0.0000
Polen (Norden)	(22)	203	0.0024	0.2487	0.1256	0.1206	0.1847	0.3177	0.0000

Referenzen:

(1) Weisser und Lutz (1998), (2) Förster et al. (1998), (3) Degenhardt et al. (1998), (4) Leim et al. (1996), (5) Berschick et al. (1994), (6) Brinkmann et al. (1996), (7) Arnold (1996), (8) Meyer et al. (1998), (9) Cremer et al. (1998), (10) Stein (1998), (11) Bläß et al. (1996), (12) Madea und Junge (1998), (13) Kluß et al. (1998), (14) Günther und Patzelt (1996), (15) Huckenbeck et al. (1996 b), (16) Edelmann (1997), (17) diese Studie, (18) Haas und Weiler (1996), (19) Basler und Rink (1997), (20) Wiegand et al. (1993), (21) Bulnheim et al. (1998), (22) Pawlowski et al. (1996), vergleiche auch Huckenbeck et al. (1997) und Huckenbeck und Scheil (2000)

Die modifizierten Rogers-Distanzen können den Tab. 10 bis 12 entnommen werden, die Ergebnisse der Clusteranalyse sind in den Abb. 6 bis 9 dargestellt.

Tab. 10: Rogers-Distanzen im System TH01

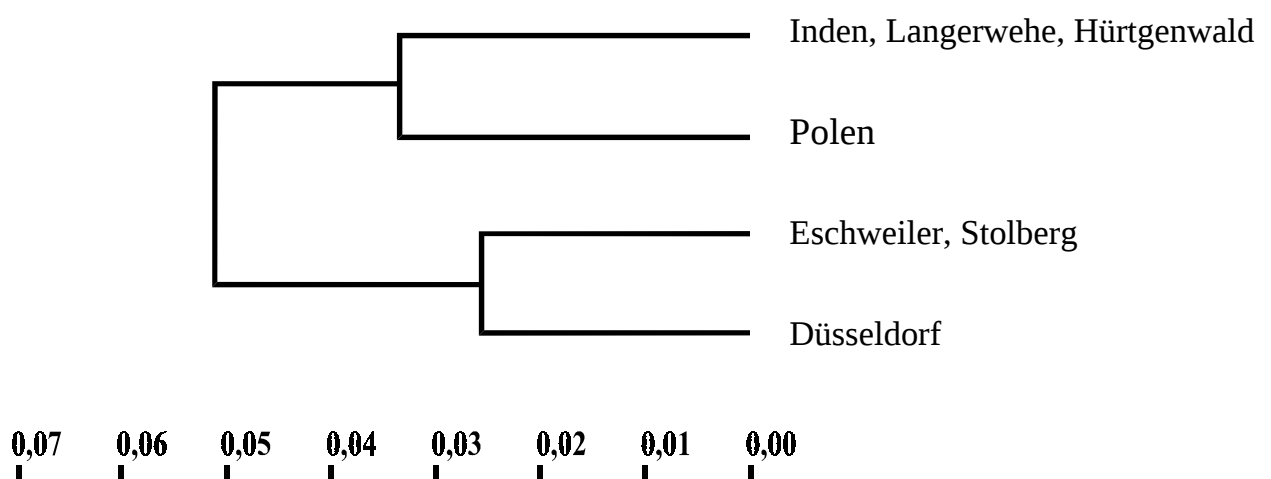
Population	1	2	3
1 Inden / Langerwehe / Hürtgenwald	*****		
2 Eschweile / Stolberg	.039	*****	
3 Düsseldorf	.060	.026	*****
4 Polen	.042	.047	.059

Tab. 11: Rogers-Distanzen im System VWA

Population	1	2	3
1 Inden / Langerwehe / Hürtgenwald	*****		
2 Eschweiler / Stolberg	.057	*****	
3 Düsseldorf	.064	.054	*****
4 Polen	.059	.052	.033

Tab. 12: Rogers-Distanzen in beiden Systemen zusammen

Population	1	2	3
1 Inden / Langerwehe / Hürtgenwald	*****		
2 Eschweiler / Stolberg	.049	*****	
3 Düsseldorf	.062	.042	*****
4 Polen	.051	.049	.048

**Abb. 6:** Clusteranalyse für das System TH01

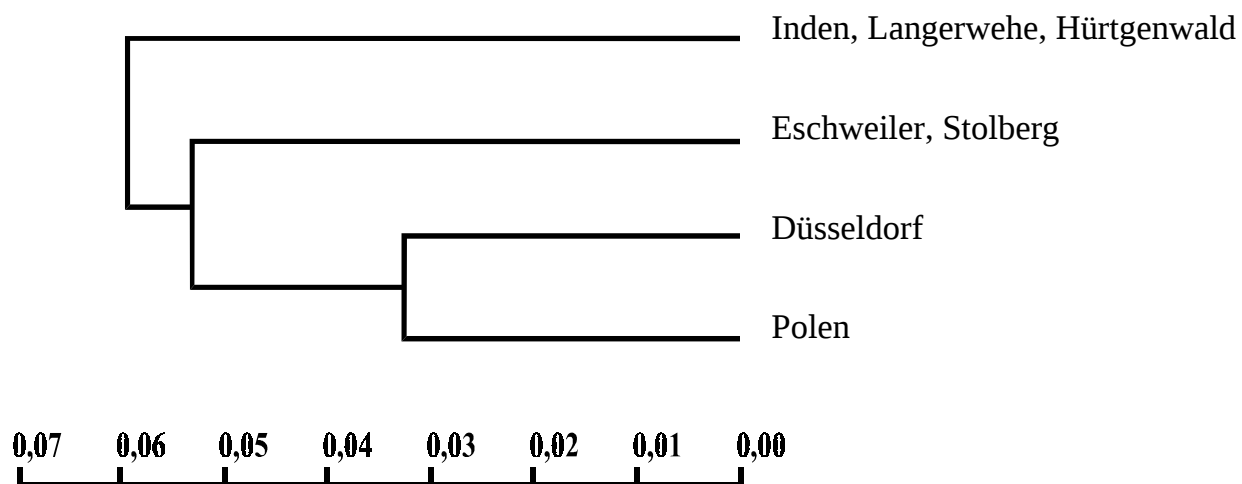


Abb. 7: Clusteranalyse für das System VWA

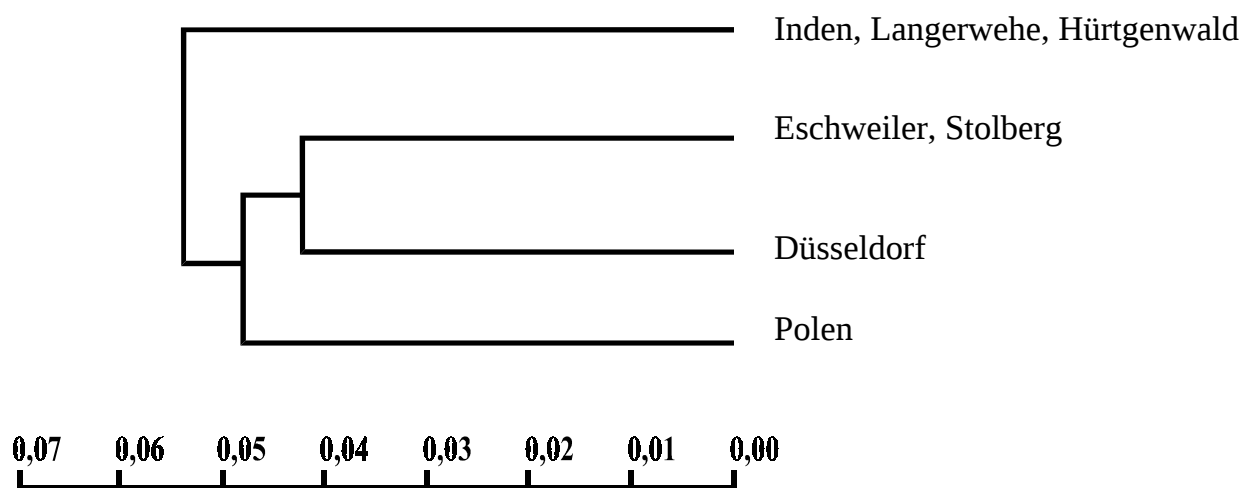


Abb. 8: Clusteranalyse für TH01 und VWA zusammen

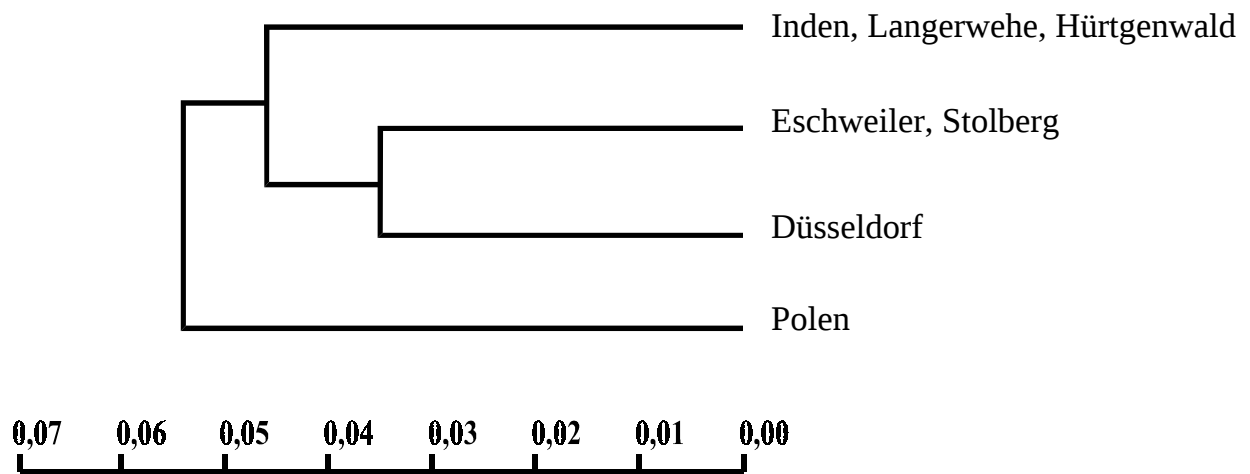


Abb. 9: Clusteranalyse für TH01, VWA und AB0 zusammen

Für die in dieser Studie untersuchten Bevölkerungsstichproben liegen noch Daten zu weiteren hämogenetischen Systemen vor (Scheil et al. 2000). So wurden für 17 weitere Systeme die Daten der Bevölkerungsstichproben Eschweiler/Stolberg, Inden/ Langerwehe/Hürtgenwald sowie Düsseldorf und Niederrhein (Raum Kleve, Goch, Kalkar) mit vorhandenen Literaturdaten (Polen, Nord-, West-, Mittel-, Süd- und Osteuropa) verglichen und die genetischen Distanzen nach Rogers ermittelt. Die Ergebnisse entsprechen grundsätzlich denen dieser Untersuchung (Tab. 13).

Tab. 13: Rogers-Distanzen in den Systemen ABO, MNSS, RH, P1, FY, JK, Kk, GC, HPA, TF, PGM1, ACP, ADA, AK, PGD, ESD, GLO – Vergleich einiger Stichproben mit Standarddaten (Scheil et al. 2000)

	Population	Ref.	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	Eschweiler / Stolberg	(1)	*****								
2	Inden / Langerwehe / Hürtgenwald	(1)	.025	*****							
3	Düsseldorf	(2)	.022	.030	*****						
4	Niederrhein	(3)	.028	.032	.028	*****					
5	Polen	(4, 5)	.038	.044	.037	.049	*****				
6	Nordeuropa	(6)	.030	.030	.030	.041	.032	*****			
7	Westeuropa	(6)	.027	.030	.023	.025	.040	.036	*****		
8	Mitteleuropa	(6)	.018	.022	.018	.023	.033	.027	.017	*****	
9	Südeuropa	(6)	.037	.041	.032	.035	.043	.039	.027	.029	*****
10	Osteuropa	(6)	.034	.044	.027	.044	.027	.031	.037	.030	.032

Referenzen:

(18) Scheil et al. (2000), (19) Scheil und Koppatz (1991), (20) Scheil et al. (1991), (21) nach Scheil und Huckenbeck (1996), (22) z. T. gepoolte Daten nach Dobosz (1983), Dobosz und Wieczorek (1988), Koziol und Dobosz (1978), Wolanski et al. (1983), Schlesinger und Sulich (1970), (23) Walter (1998)

4. Diskussion

In Europa besteht ein Ost-West-Gradient der B-Frequenzen im AB0-System, welcher auch für weitere hämogenetische Systeme beschrieben ist (Cavalli-Sforza et al., 1994). So kann davon ausgegangen werden, dass Inden, Langerwehe und Hürtgenwald mit ihren niedrigen B-Allelfrequenzen (Scheil und Strunz, 1995) die ursprünglichen Allelfrequenzen in dieser Region widerspiegeln, da diese agrarisch geprägten Gebiete kaum dem Einfluss der Immigranten unterlagen und auch die Ansiedlung von Flüchtlingen nach 1945 nicht gleichmäßig erfolgte, sondern sich nach dem Bedarf von Arbeitskräften vor allem in der Industrie richtete.

Wenn es aufgrund der Immigration von Osteuropa nach Nordrhein-Westfalen einen genetischen Einfluss auf die Allelfrequenzen der untersuchten Systeme gibt, sollte eine mehr oder weniger starke Abweichung der Allelfrequenzen in Eschweiler und Stolberg verglichen mit denen in Inden, Langerwehe und Hürtgenwald in Richtung auf die polnischen Daten zu beobachten sein.

Im Populationsvergleich für das System TH01 hat sich für keine der miteinander mittels χ^2 -Test verglichenen Grundgesamtheiten ein signifikanter Unterschied ergeben (Tab. 7). Beide deutschen Populationen unterscheiden sich nicht wesentlich voneinander und auch ein Abweichen der Allelfrequenzen von Eschweiler und Stolberg in Richtung auf die polnischen Daten wird nicht beobachtet. Ebenso wenig entsprechen die Ergebnisse der Rogers-Distanzen (Tab. 10) und der Clusteranalyse (Abb. 6) den Erwartungen. Hier gehen zusätzlich Düsseldorfer Daten in die Berechnungen mit ein, als weitere von dieser Immigration betroffene Population Nordrhein-Westfalens. Zwar clustern hier Eschweiler/Stolberg und Düsseldorf zusammen, was den Einfluss der Einwanderung, dem beide Populationen ausgesetzt waren, widerspiegeln könnte, doch gleichzeitig bilden auch Polen und Inden/Langerwehe/Hürtgenwald zusammen ein Cluster.

Für das System VWA stellen die Ergebnisse sich anders dar. Im Populationsvergleich (Tab. 7) unterscheiden sich alle miteinander verglichenen Populationen statistisch signifikant voneinander. Dass Eschweiler und Inden und Inden und Polen sich voneinander unterscheiden, entspräche damit den Erwartungen. Doch auch Eschweiler und Po-

len weisen einen signifikanten Unterschied auf. Diese Tatsache widerlegt aber nicht die Annahme des Einflusses der Immigration auf die Allelfrequenzen; vielmehr kann man sagen, dass durch die Immigration aus Polen zwar eine Durchmischung und damit Veränderung, nicht aber ein Angleichen der Allelfrequenzen zu erwarten ist. Darüber hinaus erlaubt der χ^2 -Test keine Aussage über Richtungstendenzen, eine Aussage über Ähnlichkeiten und Verschiedenheiten macht die Clusteranalyse. Die geringste Distanz im System VWA besteht zwischen Düsseldorf und Polen (0,033; Tab. 11), gefolgt von Polen und Eschweiler/Stolberg (0,052; Tab. 11). Die größte genetische Distanz findet sich hier zwischen Düsseldorf und Inden/Langerwehe/Hürtgenwald (0,064; Tab. 11). Die Clusteranalyse für VWA entspricht diesen Ergebnissen, Düsseldorf und Polen bilden ein Cluster, von dem Eschweiler sich absetzt und Inden eine noch größere Distanz aufweist (Abb. 7).

Fasst man nun beide Systeme zusammen und berechnet dann die Rogers-Distanzen, so ergibt sich für Düsseldorf und Eschweiler/Stolberg die kleinste Distanz mit 0,042 (Tab. 12). Mit annähernd gleichen Werten folgen Polen und Düsseldorf (0,048) und Polen und Eschweiler/Stolberg (0,049; Tab. 12). Die größte Distanz weisen auch hier wieder Düsseldorf und Inden/Langerwehe/Hürtgenwald auf (0,062; Tab. 12). Führt man die Clusteranalyse durch, bilden Eschweiler/Stolberg und Düsseldorf ein Cluster, von dem zuerst Polen und dann Inden/Langerwehe/Hürtgenwald sich absetzen (Abb. 8). Bezieht man in die Clusteranalyse zusätzlich die Allelfrequenzen des AB0-Systems mit ein, so ergibt sich ein ähnliches Bild (Abb. 9). Wieder bilden Eschweiler und Stolberg zusammen mit Düsseldorf ein Cluster, von dem sich in diesem Fall zuerst Inden, Langerwehe und Hürtgenwald und dann Polen absetzen. Eschweiler/Stolberg und Düsseldorf sind sich auch hier ähnlicher als Eschweiler/Stolberg und Inden/Langerwehe/Hürtgenwald, obwohl letztere beiden Populationen geographisch benachbart sind, was einen Hinweis auf den genetischen Einfluss der polnischen Immigration gibt. Das deutliche Absetzen von Polen lässt sich auch hier wieder durch den generell bestehenden größeren Gradienten erklären.

Die Beobachtung der geringeren genetischen Distanzen zwischen Eschweiler/Stolberg und Düsseldorf und deren Abweichen in Richtung auf die polnischen Daten, verglichen mit denen von Inden/Langerwehe/Hürtgenwald, bestätigt sich, wenn man die ge-

netischen Distanzen nach Rogers für 17 weitere hämogenetische Systeme zusammen berechnet betrachtet (Tab.13, grau unterlegt). Die Distanzen zwischen Polen und Eschweiler/Stolberg sowie Polen und Düsseldorf liegen mit 0,038 und 0,037 niedriger als zwischen Polen und Inden/Langerwehe/Hürtgenwald und dem Niederrhein mit Werten von 0,044 und 0,049. Gleiches gilt für die osteuropäischen Daten insgesamt: Es zeigen sich geringere genetische Distanzen zu Eschweiler/Stolberg (0,034) und zu Düsseldorf (0,027), höhere dagegen zu Inden/Langerwehe/Hürtgenwald (0,044) und zum Niederrhein (0,044).

Abschließend lässt sich sagen, dass die Ergebnisse dieser Untersuchung über den genetischen Einfluss der Immigration auf die Allelfrequenzen im System TH01 allein keine Aussage erlauben. Die statistischen Berechnungen für das System VWA dagegen lassen einen Einfluss der hier betrachteten Bevölkerungsbewegungen auf die genetischen Daten vermuten, welcher noch deutlicher wird, wenn man beide Systeme zusammen betrachtet. Dabei darf man aber nicht aus den Augen verlieren, dass es sich bei den Ergebnissen dieser Studie generell um relativ kleine Distanzen und damit geringe Unterschiede handelt.

Bezogen auf beide Systeme zusammen nehmen Eschweiler, Stolberg und Düsseldorf erwartungsgemäß eine Mittelstellung zwischen Polen einerseits und Inden, Langerwehe und Hürtgenwald andererseits ein. Die geringeren genetischen Distanzen zwischen Eschweiler/ Stolberg, Düsseldorf und Polen, verglichen mit denen zu Inden, Langerwehe und Hürtgenwald wie auch die Untersuchung der 17 anderen Systeme geben einen deutlichen Hinweis auf den Einfluss der osteuropäischen Immigration auf die Allelfrequenzen im Untersuchungsgebiet, vermutlich aber auch für den gesamten Bereich der Regierungsbezirke Düsseldorf und Köln.

5. Zusammenfassung

Ziel dieser Arbeit war die Untersuchung des Einflusses der Immigration aus Osteuropa auf die Allelfrequenzen der DNA-STR-Systeme TH01 und VWA.

Untersucht wurden dazu die Blutproben freiwilliger Blutspender zweier Bevölkerungsstichproben des Regierungsbezirkes Köln (Eschweiler und Stolberg, 272 Individuen und Inden, Langerwehe und Hürtgenwald, 277 Individuen) und die gewonnenen Daten mit entsprechenden polnischen Literaturangaben verglichen.

Für alle 549 Blutproben gelang die Isolierung der DNA und die Amplifikation der entsprechenden DNA-Abschnitte mittels Polymerasekettenreaktion sowie die Sichtbarmachung der Amplifikationsprodukte durch Silberfärbung.

Beide Populationen unterliegen Hardy-Weinberg-Bedingungen. Die biostatistischen Berechnungen (genetische Distanzen nach Rogers und Clusteranalyse) konnten keinen Einfluß der Immigration auf die Allelfrequenzen im System TH01 allein zeigen, im System VWA und für beide Systeme zusammen konnte ein solcher Einfluß jedoch nachgewiesen werden.

6. Literaturverzeichnis

Allen, R. C., Budowle, B. (1989) Polymerase chain reaction amplification products separated by rehydratable polyacrylamide gels and stained with silver. *Biotechniques* 7: 736-744

Arnold, J. (1996), zitiert nach Huckenbeck et al. 1997

Augustin, C., Sanchez-Hanke, M., Püschel, K. (1996) Allele frequency distributions of three STR loci in a population of Northern Germany. *Adv. Forens. Haemogenet.* 6: 498-500

Basler, M., Rink, M. (1997) Effizienz einiger PCR-Systeme für die Identitäts- und Abstammungsbegutachtung. In: Geserick, G. (ed.) Referate der 6. Frühjahrestagung - Region Nord- der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin, Berlin: 51

Benecke, M., Staak, M., Schmitt, C. (1998) Forensic validation, German population data, and automated detection of alleles of the co-amplified STR loci D3S1358, VWA and FGA. *Progr. Forensic Genet.* 7: 246-248

Berschick, P., Henke, L., Henke, J. (1994) Analysis of the short tandem repeat polymorphism TC11 (HumTH01): allele frequencies and family studies. *Adv. Forens. Haemogenet.* 5: 469-471

Bläß, G., Jauert, B., Oesterreich, W., Ackermann, E., Pieper, A., Herrmann, S. (1996) Use of PCR in forensic casework in the area Berlin-Brandenburg: allele frequency distribution of six microsatellites. *Adv. Forens. Haemogenet.* 6: 287-289

Brinkmann, B., Junge, A., Meyer, E., Wiegand, P. (1998) Population genetic diversity in relation to microsatellite heterogeneity. *Hum. Mut.* 11: 135-144

Brinkmann, B., Sajantila, A., Goedde, H. W., Matsumoto, H., Nishi, K., Wiegand, P. (1996) Population genetic comparisons among eight populations using allele frequency and sequence data from three microsatellite loci. *Eur. J. Hum. Genet.* 4: 175-182

Bulnheim, U., Hammer, U., Wegener, R., Meissner, D., Karstädt, G. (1998) Institut für Rechtsmedizin, Rostock, persönliche Mitteilung

Cavalli-Sforza, L. L., Menozzi, P., Piazza, A. (1994) The history and geography of human genes. Princeton Univ. Press, Princeton, New Jersey

Cremer U., Scheil, H.-G., Schiwy-Bochat, K.-H., Schürfeld, K., Althoff, H. (1998) Populationsgenetische Studie der PCR-VNTR-Systeme TH01, FES, F13B und CD4. Posterpräsentation auf der 77. Jahrestagung Dtsch. Ges. Rechtsmed. Hannover, 15.-19.09.1998

Degenhartt, S., Leim, K., Clerici, S., Reichert, W., Mattern, R. (1998) Studies on 7 autosomal and 5 Y-chromosomal STR loci in a South-West German population. *Progr. Forensic Genet.* 7: 527-529

Dobosz, T. (1983) Distribution of red cell enzyme polymorphisms in South-West Poland. *Hum. Hered.* 33: 55-57

Dobosz, T., Wieczorek, E. (1988) Polymorphisms of phosphoglucomutase PGM3 (E.C. 5.7.5.1.) in Wroclaw population. *Post. Med. Sad. Krym.* 1, 45-47

Edelmann, J. (1997) STR-Daten aus Westsachsen. In: Geserick, G. (ed.) Referate der 6. Frühjahrestagung - Region Nord - der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin, Berlin: 50

Förster, R., Bäßler, G., Pflug, W., Schnee-Griese, J., Uhl, S. (1998) Allele frequencies (HUMVWA, HUMTH01 and HUMFES/FPS) in a population sample of South-West Germany. *Progr. Forensic Genet.* 7: 278-281

Günther, S., Patzelt, D. (1996) Population data for the STR systems HumTH01, HumVWA, and FES/FPS in a population sample from Lower Franconia. *Int. J. Legal Med.* 109: 102-103

Haas, H., Weiler, G. (1996) Entwicklung eines Quadruplex-PCR-Systems mit den Loci HUMFESFPS, HUMTH01, HUMVWFA31 und HUMAMELX/Y zur Detektion der Amplifikate nach Polyacrylamidgelelektrophorese mittels Silberfärbung. *Rechts-med.* 6: 114-119

Hou, Y., Mielke, A., Mulcahy-Schröder, M., Prinz, M., Siváková, D., Walter, H. (1998) Genetic variation at the short tandem repeat loci HUMTH01 and HUMVWA31 within and between German and Slovak populations. *Anthropologie* 36: 255-259

Huckenbeck, W., Kuntze, K., Scheil, H.-G. (1996 a) Preliminary worldwide data base on the HumVWA31A system. *Med. Leg. Baltica* 7: 39-45

Huckenbeck, W., Kuntze, K., Scheil, H.-G. (1997) The distribution of the human DNA-PCR polymorphisms, Verlag Dr. Köster, Berlin, 301pp.

Huckenbeck, W., Scheil, H.-G.: The distribution of the human DNA-PCR polymorphisms, internet supplement 2000 (updated), <http://www.uni-duesseldorf.de/WWW/MedFak/Serology/dna.html>

Huckenbeck, W., Scheil, H.-G., West, S., Demir, K., Kanja, J., Kaiser, A., Hees, V., Meyer, W., Alt, K. W., Scholten, D., Stancu, V., Bonte, W. (1995) German data on the PCR based loci HUMVWA, HUMFES, HUMTH01, HUMF13B and D1S80. *Adv. forens. Haemogenet.* 6: 549-551. (aktualisiert von Molsberger, G., West, S. (1996) persönliche Mitteilung)

Huckenbeck, W., Scheil, H.-G., West, S., Kanja, J., Bonte, W. (1996 b) Northrhine Westphalian data on the HumTH01 locus. *Anthrop. Anz.* 54: 109-116 (aktualisiert durch unveröffentlichte Daten)

Kimpton, C., Walton, A., Gill, P. (1992) A further tetranucleotide repeat polymorphism in the vWF gene. *Hum. Mol. Genet.* 1: 287

Kluß, E.-M., Röscheisen, C., Rose, M. (1998) LKA Hamburg, zitiert nach Huckenbeck und Scheil 2000

Koziol, P., Dobosz, T. (1978) GLO Polymorphisms in two polish population samples. *Hum. Genet.* 45, 77-79

Leim, K., Degenhartt, S., Reichert, W., Mattern, R. (1996) Studies on the HumTH01 and HumVWA polymorphisms in a South West German population. *Adv. Forens. Haemogenet.* 6: 566-568

Luckenbach, C. (1998) Institut für Humangenetik und Anthropologie, Tübingen, zitiert nach Huckenbeck und Scheil 2000

Madea, B., Junge, A. (1998) Institut für Rechtsmedizin, Bonn, zitiert nach Huckenbeck und Scheil 2000

Meyer, E., Hädrich, C., Hendrich, F.-I. (1998) Institut für Rechtsmedizin, Jena, zitiert nach Huckenbeck und Scheil 2000

Möller, A., Wiegand, P., Grüşchow, C., Seuchter, S., Baur, M. P., Brickmann, B. (1994) Population data and forensic efficiency values for STR systems HumVWA, HumMBP and HumFABP. *Int. J. Leg. Med.* 106: 183-189

Mourant, A. E., Kopec, A. C., Domaniewska-Sobczak, K. (1976) The distribution of the human blood groups and other polymorphisms. 2nd ed. – Oxford Univ. Press, London, New York, Toronto

Moureaux, P. (1935) Contribution à l'étude des facteurs d'individualisation du sang humain et leurs applications en médecine légale. 1er mémoire: les groupes d'isoagglutination de Landsteiner. – *Rev. belge sci. méd.* 7, 177-233

Mullis, K. B., Faloona, F. A. (1987) Specific Synthesis of DNA *in Vitro* via a Polymerase-Catalysed Chain Reaction. *Methods in Enzymol.* 155: 335-350

Nijenhuis, L. E. (1957) zit. nach Mourant et al. (1976)

Oorschot, R. A. H. van, Gutowski, S. J., Robinson, S. L. (1994) HumTH01: Amplification, species specificity, population genetics and forensic applications. *Int. J. Leg. Med.* 107, 121-126

Pawlowski, R., Welz, A., Maciejewska, A., Paszkowska, R. (1996) Population studies of two AMPFLPs and two STRs systems in a North Polish population. *Adv. Forens. Haemogenet.* 6: 592-594

Petit-Maire, N. (1956) Comparaison de la fréquence des gènes p, q, r, dans la population belge des neuf provinces et de Bruxelles. – *Inst. roy. Sci. nat. Belgique* 32, 1-6

Piccinini, A., Waterkamp, K., Meyer, E. (1997) Short tandem repeat HumACTB2 (SE33) and HumVWA: population genetic study on a north Italian population. *Int. J. Legal Med.* 110: 292-294

Polymeropoulos, M. H., Xiao, H., Rath, D. S., Merrill, C. R. (1991) Tetranucleotide repeat polymorphism at the human tyrosine hydrolase gene. *Nucleic Acids Res.* 19: 4018

QIAgen GmbH (1997) Handbook QIAamp blood kit and QIAamp tissue kit, QIAgen GmbH, Hilden

Rogers, J. S. (1972) Measures of genetic similarity and genetic distance. *Stud. Genetics, Univ. Texas Publ.* 7213: 145-153

Roychoudhury, A. K., Nei, M. (1988) Human polymorphic genes world distribution, Oxford Univ. Press, New York, Oxford

Scheil, H.-G., Fiedler, K.-P., Huckenbeck, W. (1991) Untersuchung zur Phänotypenhäufigkeit einiger hämogenetischer Polymorphismen am Niederrhein (Bereich Kleve, Goch, Kalkar). *Anthrop. Anz.* 49, 137-144

Scheil, H.-G., Huckenbeck, W. (1996) Hemogenetic studies in the administrative area of Cologne (North Rhine-Westphalia, Germany). *Med. Leg. Baltica* 7, 12-14

Scheil, H.-G., Huckenbeck, W. (2000) Hämogenetische Studien im Regierungsbezirk Köln (Nordrhein-Westfalen, Deutschland). *Anthrop. Anz.* 58, im Druck

Scheil, H.-G., Koppatz, K. (1991) Tabellen zur Eiigkeitsdiagnose bei Zwillingen anhand hämogenetischer Polymorphismen. *Anthrop. Anz.* 49, 161-175

Scheil, H.-G., Strunz, H. (1994) Zur Verteilung der AB0-Frequenzen im Regierungsbezirk Düsseldorf (Nordrhein-Westfalen). *Anthrop. Anz.* 52, 1-10

Scheil, H.-G., Strunz, H. (1995) Zur Verteilung der AB0-Frequenzen im Regierungsbezirk Köln (Nordrhein-Westfalen). *Anthrop. Anz.* 53, 199-208

Scherczinger, C. A., Bourke, M. T., Ladd, C., Lee, H. C. (1997) DNA extraction from liquid blood using QIAamp. *J. Forensic Sci* 42: 893-896

Schlesinger, D., Sulich, J. (1970) Types of acid phosphatase of erythrocytes in the polish population. Arch. Immunol. Ther. Exp. 18, 54

Seidl, C., Müller, S., Kilp, M., Seifried, E. (1998) Fluorescence based multiplex analysis of the STR polymorphism FIBRA(FGA), VWFA31 and D18S51 in German Caucasoid individuals. Progr. Forensic Genet. 7: 353-355

Serac,1996: FK01 Instruktion Manual. Fa. SERAC, Bad Homburg, Deutschland

Serac,1996: FK02 Instruktion Manual. Fa. SERAC, Bad Homburg, Deutschland

Stein, C. (1998) Institut für Rechtsmedizin, Essen, zitiert nach Huckenbeck und Scheil 2000

Tills, D., Kopec, A. C., Tills, R. E. (1983) Oxford monographs on medical genetics, The distribution of the human blood groups and other polymorphisms, Suppl. 1, Oxford Univ. Press, Oxford, New York, Toronto

Walter, H. (1967) Die regionale und soziale Verteilung der Blutgruppen. In: Schwidetzky, I, Walter, H.: Untersuchungen zur anthropologischen Gliederung Westphalens. Aschendorffsche Verlagsbuchhandlung, Münster

Walter, H. (1998) Populationsgenetik der Blutgruppensysteme des Menschen. E. Schweizerbart'sche Verlagsbuchhandlung (Nägele u. Obermiller), Stuttgart

Weisser, H. J., Lutz, S. (1998) Institut für Rechtsmedizin, Freiburg, zitiert nach Huckenbeck und Scheil 2000

Wiegand, P., Budowle, B., Rand, S., Brinkmann, B. (1993) Forensic validation of the STR systems SE 33 and TC11. Int. J. Leg. Med. 105, 315-320

Wolanski, N., Nahar, R. A., Roberts, D. F. (1983) Genetic studies in Poland. Hum. Hered. 33, 270-276

Wright, S., (1978) Evolution and the genetics of populations, Vol. 4: Variability within and among natural populations. University of Chicago Press, Chicago

Zehner, R. (1998) Population genetic study using the AMPFLSBLUE kit. Progr. Forensic Genet. 7: 392-394

7. Anhang

7.1. Abkürzungen

A	Ampere
Abb.	Abbildung
APS	Amoniumpersulfat
bidest.	zweifach destilliert
CHES	2-(Cyclohexylamino-)ethansulfonsäure
DNA	Desoxyribonukleinsäure
EDTA	Ethylendiamintetraacetat
g	Gramm
h	Stunde
M	Molar
ml	Milliliter
mM	Millimolar
μ	mikro
PCR	Polymerase-Kettenreaktion
pH	negativer dekadischer Logarithmus der Wasserstoffionenkonzentration
STR	Short Tandem Repeat
Taq	<i>Thermus aquaticus</i> DNA-Polymerase
TEMED	N,N,N',N'-Tetramethylethylendiamin
Tris	Tris-(hydroxymethyl)aminoethan
V	Volt
W	Watt

7.2. Chemikalien, Enzyme und Reagenzien

Acrylamid IEF, Pharmacia

Ameisensäure 98-100 % p.A., Merck

Ammoniumpersulfat, Pharmacia

AmpliTaq DNA Polymerase, Perkin Elmer

Aqua ad iniectabilia Ph. Eur., Delta-Pharma

Borsäure p.A., Merck

Bromphenolblau (Natriumsalz), Serva

CHES, Merck

Essigsäure 100 %, Merck

Formaldehyd 37 % z.A., Merck

GeneAmp 10x PCR-Puffer, Perkin Elmer

Glycerin (etwa 87 %) reinst, Merck

Kerosin, Serva

Natriumcarbonat wasserfrei p.A., Merck

Nujol Mineralöl, Perkin Elmer

Piperazin-Diacrylamid p.A., BioRad

QIAamp Blood Kit, Qiagen

Salpetersäure 65 %, Merck

Silbernitrat p.A., Merck

STR System HumTH01 Testkit zur DNA-Typisierung, Serac

STR System HumVWA Testkit zur DNA-Typisierung, Serac

Temed, Pharmacia

Tris (Tris[hydroxymethyl]aminomethan) p.A., Merck

7.3. Lösungen

7.3.1. Elektrophorese

Tris-Borat-Puffer

5 Liter Stammlösung (0,5 M Tris/0,28 M Borsäure pH ~9,0):

Einwaage: 302,75 g Tris

86,60 g Borsäure

In 4 Liter Aqua bidest. lösen und auf 5 Liter auffüllen, bei Raumtemperatur lagern.

Polyacrylamidlösung für die Gele

21,0 ml Aqua bidest.

8,7 ml 30 % Acryl-PDA

4,0 ml 0,28 M CHES

6,6 ml 500 mM Tris-Formiat, pH 9,0

300 µl 10 % APS

15,5 µl TEMED

30 % Acrylamid/Piperazinamid (PDA)

100 ml Stammlösung:

Einwaage: 29,1 g Acrylamid

0,9 g PDA

In 60 ml Aqua bidest. lösen. Lösung auf 37 °C erwärmen, bis das Acrylamid vollständig gelöst ist. Mit Aqua bidest. auf 100 ml auffüllen und durch ein Faltenfilter filtrieren. Bei 4 °C lagern.

0,28 M CHES

100 ml Stammlösung:

Einwaage: 5,8 g CHES

In 60 ml Aqua bidest. lösen, dann Volumen auf 100 ml auffüllen.

500 mM Tris-Formiat-Puffer

2 Liter Stammlösung:

Einwaage: 37,7 ml Ameisensäure

Zu 1 Liter Aqua bidest. zugeben und mischen. Dann 684 g Tris zugeben, lösen und mit Aqua bidest. Volumen auf 2 Liter auffüllen. Der pH-Wert sollte bei ~9,0 liegen.

10 % APS

5 ml Stammlösung:

Einwaage: 0,5 g APS

5 ml Aqua bidest. zugeben und mischen. Die Lösung ist bei 4 °C für mehrere Wochen haltbar.

7.3.2. Silberfärbung

1 % Salpetersäure

5 Liter Lösung:

76,0 ml Salpetersäure zu 4 Liter Aqua bidest. geben und Volumen mit Aqua bidest. auf 5 Liter auffüllen.

0,2 % Silbernitrat (AgNO_3)

Einwaage: 0,4 g Silbernitrat

In 200 ml Aqua bidest. lösen. Die Lösung immer frisch ansetzen.

0,28 M Natriumcarbonat (Na_2CO_3)/0,037 % Formaldehyd

5 Liter Lösung:

Einwaage: 148,39 g Natriumcarbonat

In 5 Liter Aqua bidest. lösen. Erst wenn das Natriumcarbonat gelöst ist, 5 ml Formaldehyd zugeben.

10 % Essigsäure (Eisessig)

5 Liter Lösung:

500 ml Essigsäure zu 4 Liter Aqua bidest. geben und Volumen auf 5 Liter auffüllen.

5 % Glycerin

5 Liter Lösung:

250 ml Glycerin zu 4 Liter Aqua bidest. geben und Volumen auf 5 Liter auffüllen.

7.4. Geräte

Brutschrank, Memmert

DNA Thermal Cycler Trio Thermoblock, Biometra

Elektrophoresis Power Supply EPS 3500, Pharmacia Biotech

Elektrophoresis Power Supply 2303 Multidrive XL 3,5 kV, LKB Bromma

Elektrophorese-Einheit Multiphor II, Pharmacia Biotech

Kühlaggregat Frigomix 1495, Thermomix 1441, Braun

Kühlaggregat Multitemp III, Pharmacia Biotech

Laborschüttler IKA-Vibrax-VXR elektronik

Rotator IKA-Combimag RCT

Vortexer, Beyer-Enders

Zentrifuge Biofuge 13, Heraeus Sepatech

7.5. Hilfsmittel

ART Aerosol Resistant Tips, 20 E-1000 E, Molecular Bio-Produkts

Erlenmeyerkolben verschiedener Größen

Gelbond PAG Film, Pharmacia

Gel-Fix for Covers, 265 mm x 193 mm, Serva

Glasplatten 26 cm x 20 cm x 0,75 cm

Gummiroller

Meßpipetten 5 ml und 10 ml

Meßzylinder

Micro Test Tubes Safe-Lock 0,5 ml und 1,5 ml, Eppendorf

Mikroliterpipetten 1-1000 µl, Eppendorf

Lebenslauf

Am 19.09.1973 wurde ich als Kind der Eheleute Kurt Wolfgang Schulz und Erika Schulz, geborene Roman, in Düsseldorf geboren.

Von 1980 bis 1984 besuchte ich die Gemeinschaftsgrundschule Rommerskirchen-Frixheim und im Anschluss das Leibnizgymnasium Dormagen-Hackenbroich bis zum Erwerb der Allgemeinen Hochschulreife im Juni 1993.

Im Oktober 1993 begann ich mein Studium der Humanmedizin an der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf.

Die ärztliche Vorprüfung legte ich im Sommersemester 1995, den ersten Abschnitt der ärztlichen Prüfung im Sommersemester 1996 und den zweiten Abschnitt der ärztlichen Prüfung im Wintersemester 1999 ab.

Mit Bestehen des dritten Abschnitts der ärztlichen Prüfung im Klinikum Krefeld beendete ich mein Medizinstudium am 08.Mai 2000.

Im Juli diesen Jahres habe ich meine Tätigkeit als Ärztin im Praktikum in der Medizinischen Klinik des Johanna-Etienne-Krankenhauses in Neuss begonnen.

Düsseldorf, im Dezember 2000

Sonja Schulz

Abstract

Migration aus Osteuropa nach Nordrhein-Westfalen – Untersuchungen anhand der DNA-STR-Systeme TH01 und VWA

Sonja Schulz

Ziel der vorliegenden Arbeit war die Untersuchung des Einflusses der Migration aus Osteuropa nach Nordrhein-Westfalen auf die Allelfrequenzen der DNA-STR (Desoxyribonukleinsäure-Short-Tandem-Repeat)-Systeme TH01 und VWA.

Untersucht wurden dazu die Blutproben freiwilliger Blutspender zweier Bevölkerungsstichproben des Regierungsbezirkes Köln (Eschweiler und Stolberg, 272 Individuen, sowie Inden, Langerwehe und Hürtgenwald, 277 Individuen) und die gewonnenen Daten mit entsprechenden polnischen Literaturangaben verglichen.

Für alle 549 Blutproben gelang die Isolierung der DNA und die Amplifikation der entsprechenden DNA-Abschnitte mittels Polymerasekettenreaktion, sowie die Sichtbarmachung der Amplifikationsprodukte durch Silberfärbung.

Beide Stichproben unterliegen in beiden Systemen Hardy-Weinberg-Bedingungen (Eschweiler und Stolberg: System VWA: $\chi^2 = 15,2318$, df (Freiheitsgrade) = 11, $0,1 < p < 0,2$; System TH01: $\chi^2 = 11,5586$, df = 9, $0,2 < p < 0,3$; Inden, Langerwehe und Hürtgenwald: System VWA: $\chi^2 = 9,5299$, df = 12, $0,5 < p < 0,7$; System TH01: $\chi^2 = 5,3468$, df = 8, $0,7 < p < 0,8$).

Die Ergebnisse dieser Untersuchung erlauben über den genetischen Einfluss der Immigration auf die Allelfrequenzen im System TH01 allein keine Aussage. Die statistischen Berechnungen für das System VWA dagegen lassen einen Einfluss der hier betrachteten Bevölkerungsbewegungen auf die genetischen Daten vermuten, welcher noch deutlicher wird, wenn man beide Systeme zusammen betrachtet.

Bezogen auf beide Systeme zusammen nehmen Eschweiler, Stolberg und Düsseldorf erwartungsgemäß eine Mittelstellung zwischen Polen einerseits und Inden, Langerwehe und Hürtgenwald andererseits ein. Die geringeren genetischen Distanzen zwischen Eschweiler/ Stolberg, Düsseldorf und Polen, verglichen mit denen zu Inden, Langerwehe und Hürtgenwald geben einen Hinweis auf den Einfluss der osteuropäischen Immigration auf die Allelfrequenzen im Untersuchungsgebiet.



(Prof. Dr. med. W. Bonte)