

# Simulation der Wirkung gegenläufig wirkender Selektionsfaktoren auf eine Modellpopulation

Trotz Selektion kann der Genpool einer Population über lange Zeit praktisch unverändert bleiben.

## Beispiel Sichelzellanämie:

Das Verbreitungsgebiet der Sichelzellanämie deckt sich weitgehend mit dem der Malaria in Afrika.

In verschiedenen Regionen Afrikas hält sich diese Krankheit in erheblichen Häufigkeiten (z.B. **Tansania**: z.T.  $H = 0,04$ ), in anderen Regionen (z.B. **Angola** ist die Krankheit deutlich seltener ( $H = \text{ca. } 0,02$ ), in beiden Regionen aber relativ stabil in ihrer Häufigkeit.

Wie ist das zu erklären?

## Aufgabe:

### 1. Simulieren sie folgende Fälle:

#### A) Selektionsdruck

- auf den Genotyp aa mit Selektionsfaktor 1,0 (Totalselektion)
- auf den Genotyp AA mit dem Selektionsfaktor 0,5-0,6 (falls Rundung notwendig ist)

#### B) Selektionsdruck

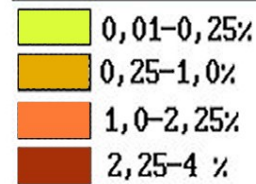
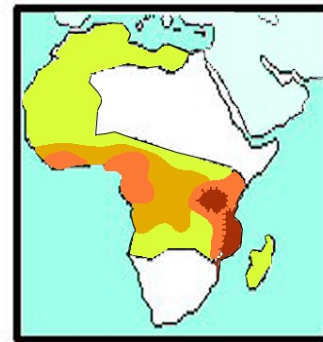
- auf den Genotyp aa mit Selektionsfaktor 1,0 (Totalselektion)
- auf den Genotyp AA mit dem Selektionsfaktor 0,2-0,3 (falls Rundung notwendig ist)

Ausgangsgenpool:  $H_A = 0,5$

Tragen Sie die Allelhäufigkeit für das Allel A in jeder Generation in die Grafik ein und verbinden Sie die Punkte jeweils einer Simulation miteinander.

2. Übertragen Sie das Ergebnis der Simulation auf den Fall der Sichelzellanämie in Afrika. (Musterfälle Tansania und Angola)

Verbreitung der Sichelzellanämie in Afrika



Häufigkeit der Krankheit bei Neugeborenen

