

4.1 · Zwillingsstudien

Auch wenn Zwillingsstudien die am häufigsten genutzte Methode sind, um Anlage- und Umweltanteile an Merkmalsvariationen zu bestimmen, gibt es eine Reihe von **Bedenken, die die eindeutige Interpretierbarkeit der Befunde von Zwillingsstudien einschränken**. Dabei sind insbesondere die folgenden Punkte zu nennen:

- die Nichtrepräsentativität von Zwillingsstichproben,
- die Annahme gleicher Umweltvariation bei eineiigen und zweieiigen Zwillingen sowie
- die Beschränkung der Aussagen auf die vorgefundenen Umweltvariationen.

Nichtrepräsentativität von Zwillingsstichproben Zwillinge sind möglicherweise nicht repräsentativ für die Gesamtbevölkerung. Dies gilt insbesondere für die Paarsituation, die eine Ausnahmesituation darstellt. Noch weiter verstärkt gilt dies für eineiige Zwillinge, die in einer Doppelgängersituation leben, die einerseits zu einer symbiotischen Beziehung führen kann, andererseits aber auch dazu, dass die Zwillinge verstärkt nach Individualität streben. Dies kann die Schätzungen beeinflussen und vor allem die Übertragbarkeit der Ergebnisse einschränken.

Annahme gleicher Umweltvariation bei eineiigen und zweieiigen Zwillingen Es wird davon ausgegangen, dass die Umwelten bei eineiigen und zweieiigen Zwillingen jeweils gleich sind. Dies trifft jedoch nicht zu. Schon die pränatale Umgebung ist bei beiden Zwillingstypen unterschiedlich. Sie ist ähnlicher bei eineiigen Zwillingen, da der Entwicklungsstand schon pränatal stärker aneinander angeglichen ist. Dies setzt sich in den Folgejahren fort, da bei (zusammen aufgewachsenen) eineiigen Zwillingen häufiger darauf geachtet wird, dass die Bedingungen sehr ähnlich sind (ähnliche Kleidung, ähnlicher Haarschnitt etc.). Dies gilt für eineiige Mädchen häufig noch deutlicher als für Jungen. Die Situation von (zusammen aufgewachsenen) eineiigen und zweieiigen Zwillingen lässt sich demnach nicht vergleichen. Auch dieser Effekt kann die Erblichkeitsschätzungen beeinflussen.

Beschränkung der Aussagen auf die vorgefundenen Umweltvariationen Die Erblichkeitsschätzungen gelten nur für die jeweils vorgefundenen Umweltvariationen und sagen nichts darüber aus, was bei einer größeren Umweltvariation geschehen wäre. Bei zusammen aufgewachsenen Zwillingspaaren besteht die Idealannahme darin, dass die Umwelten absolut übereinstimmen, während sie bei getrennt aufgewachsenen Zwillingen darin besteht, dass kein Zusammenhang (also eine Nullkorrelation) zwischen den Umwelten existiert. In der Realität dürfte jedoch weder die eine noch die andere Annahme zutreffen. Auch wenn Zwillinge zusammen aufwachsen, werden ihre Umwelten und die daraus resultierenden Umwelteinflüsse nicht identisch sein. Umgekehrt gilt auch bei getrennt aufwachsenden Zwillingen, dass ihre Umgebungen sich häufig dennoch ähneln. Zumindest die gesellschaftlichen Bedingungen werden ähnlich sein, da eine Trennung in völlig andere Kontexte ausgesprochen selten sein dürfte (wie beispielsweise so, dass ein Zwilling in Europa, der andere in Asien aufwächst). Durch diese Beschränkung wird der Erblichkeitsanteil vermutlich überschätzt, da erst bei stärkerer Umweltvariation der gesamte Beitrag der Umwelt deutlich werden kann.

Es gibt daher einige Argumente, die dafür sprechen, dass mit der Zwillingsmethode von der Tendenz her der **Erblichkeitsanteil überschätzt** wird. Die wichtigste Alternative zu Zwillingsstudien besteht in **Adoptionsstudien**, auf die im Folgenden eingegangen werden soll.

Es gibt eine Reihe von Bedenken, die die **Interpretierbarkeit** der Ergebnisse von Zwillingsstudien **einschränken**.

Die Zwillingsituation ist **nicht repräsentativ** für die Gesamtbevölkerung.

Die Umwelten von eineiigen und zweieiigen Zwillingen sind **nicht** in jeder Beziehung **vergleichbar**.

Die Aussagemöglichkeiten sind beschränkt auf die **vorgefundene Umweltvariation**. Es ist unklar, ob sie auch bei extremerer Umweltvariation noch gelten.

Es ist zu vermuten, dass der **Erblichkeitsanteil** mit der Zwillingsmethode **überschätzt** wird.

Für jeden Verwandtschaftsgrad lässt sich das **Ausmaß der genetischen Übereinstimmung** abschätzen. Dies bildet die Grundlage für die Verwendung von **Adoptionsstudien** zur Erblichkeitsbestimmung.

Bei starkem Erblichkeitseinfluss sollte eine hohe Ähnlichkeit zu den biologischen Eltern bestehen, bei starkem Umwelteinfluss sollte dagegen die Ähnlichkeit zu den Adoptiveltern hoch sein.

Adoptivstudien führen zu **ähnlichen Ergebnissen** wie Zwillingsstudien. Über das Alter hinweg findet sich häufig eine **zunehmende Ähnlichkeit zu den biologischen Eltern**, was mit aktiven und evozierenden Anlagewirkungen erklärbar ist.

Auch bei Adoptivstudien findet sich eine Reihe von **Schwächen**.

Tab. 4.2 Beispiele für erforderliche Messwertreihen im Rahmen von Adoptivstudien

Kind	Messwert des Kindes	Messwert der biologischen Mutter	Messwert der Adoptivmutter
Kind 1	X_{K1}	X_{M1}	X_{A1}
Kind 2	X_{K2}	X_{M2}	X_{A2}
Kind 3	X_{K3}	X_{M3}	X_{A3}
Kind 4	X_{K4}	X_{M4}	X_{A4}
Kind n	X_{Kn}	X_{Mn}	X_{An}

4.2 Adoptionsstudien

Bei Adoptivstudien macht man sich den Umstand zunutze, dass man für Verwandte und Nichtverwandte abschätzen kann, wie hoch jeweils das Ausmaß der genetischen Ähnlichkeit ist. So findet sich zwischen biologischen Eltern und ihren Kindern (wie zwischen Geschwisterkindern) eine genetische Übereinstimmung von durchschnittlich 50%. Zwischen Großeltern und ihren Enkeln liegt der Wert bei 25% und zwischen Urgroßeltern und ihren Urenkeln dementsprechend bei 12,5%. Demgegenüber geht man bei fremden Personen von einem Verwandtschaftsgrad nahe null aus.

Wenn nun frühzeitig eine Adoption stattgefunden hat, sodass das Kind von seinen biologischen Eltern getrennt wurde, würde man bei einem starken Anlageeinfluss trotz der Trennung erwarten, dass die Merkmale des Kindes enge Bezüge zu den Merkmalen der biologischen Eltern aufweisen. Ist der Umwelteinfluss dagegen hoch, würde man eine stärkere Übereinstimmung zu den Merkmalen der Adoptiveltern erwarten. Auch hier können Korrelationen zwischen den Kindern und ihren biologischen Eltern bzw. Adoptiveltern berechnet werden. Das Grundprinzip dazu ist in **Tab. 4.2** zusammengefasst. Häufig werden nur die Daten der Mütter zugrunde gelegt, da die Väter in der Regel sehr viel schwerer erreichbar sind. Aus den vorliegenden Daten können auch hier **Erblichkeitsindizes** berechnet werden.

Wenn man die wichtigsten Ergebnisse kurz zusammenfasst, kann man sagen, dass die Ergebnisse aus den Zwillingsstudien im Wesentlichen durch Adoptivstudien zu bestätigen sind (Asendorpf, 2011). Auch hier zeigen sich bei vielen Merkmalen (wie beispielsweise Intelligenz) **substanzielle Anlageanteile an der Merkmalsvariation**. Bei einigen anderen Persönlichkeitsmerkmalen (wie Extraversion, Neurotizismus oder Aggressivität) finden sich bei Adoptivstudien jedoch geringere Erblichkeitsschätzungen als bei der Zwillingsmethode, was die Vermutung bestätigt, dass der Erblichkeitsanteil mit der Zwillingsmethode tendenziell überschätzt wird (Asendorpf, 2008). Erwähnenswert ist an dieser Stelle, dass sich in Adoptivstudien gezeigt hat, dass **mit zunehmendem Alter die Übereinstimmung mit den biologischen Eltern zunimmt**. Auch hier würde die intuitive Erwartung eher sein, dass die Umwelteinflüsse durch die Adoptiveltern im Laufe der Zeit immer bestimmender werden. Man kann vermuten, dass für diesen Effekt die aktiven und evozierenden Wirkungen des Genotyps verantwortlich sind. Je älter das Kind wird, desto eher ist es in der Lage, sich die Umwelt so zu arrangieren, dass sie in möglichst optimaler Weise zu seiner genetischen Ausstattung passt.

Auf der anderen Seite ist jedoch ebenfalls zu konstatieren, dass auch **Adoptivstudien** einige **Schwächen** enthalten, wobei die folgenden beiden besonders hervorzuheben sind:

- Jeder Umwelteinfluss der leiblichen Eltern auf die adoptierten Kinder muss ausgeschlossen sein. Dies kann jedoch nur dann annähernd gegeben sein, wenn die

4.3 · Weitere Vorgehensweisen, grundsätzliche Probleme und neuere Ansätze

Trennung unmittelbar nach der Geburt erfolgte und wenn kein weiterer Kontakt zu den biologischen Eltern besteht.

- Zwischen den Umweltmerkmalen der Herkunfts- und der Adoptivfamilie sollte als Idealannahme eine Nullkorrelation bestehen. Wie bei der Zwillingsmethode dürfte dies auch bei der Adoptivmethode in der Regel nicht gegeben sein. Ein Kind, das von einer Familie in eine andere wechselt, erlebt häufig insgesamt recht ähnliche Bedingungen (z. B. bei einer Adoption innerhalb eines bestimmten kulturellen Kontextes). Es bleibt daher auch hier unklar, ob sich bei deutlicher und radikaler Veränderung der Umgebungsbedingungen niedrigere Erblichkeits-schätzungen ergeben hätten.

4.3 Weitere Vorgehensweisen, grundsätzliche Probleme und neuere Ansätze

Um die Schwächen von Zwillings- und Adoptionsmethoden auszugleichen, wird in einigen Studien eine **Kombination beider Methoden** eingesetzt (Asendorpf, 2008). Problematisch bleibt dabei jedoch, dass einige Schwächen von beiden Methoden geteilt werden, sodass auch die Kombination diese Schwächen nicht ausgleichen kann. Auch wenn es daher schwierig sein dürfte, mit den vorhandenen Methoden den absoluten Anteil an der Merkmalsvariation zu bestimmen, der auf Anlage- oder Umweltanteile zurückgeht, eröffnen sie dennoch die Möglichkeit, Merkmale hinsichtlich des **relativen Anlageanteils** zu vergleichen (Asendorpf, 2008). Man kann dementsprechend verschiedene Merkmale danach ordnen, wie hoch die Erblichkeitseinflüsse (bei konstanten Umweltgegebenheiten) jeweils sind. Dies kann Auskunft darüber geben, wie schwer oder leicht die einzelnen Merkmale jeweils durch Umwelteinflüsse beeinflussbar sind. So lässt sich beispielsweise sagen, dass der Erblichkeitseinfluss bei einem Merkmal wie Intelligenz bei gleicher Umweltvariation größer ist als bei den meisten anderen Persönlichkeitsmerkmalen.

Neben den klassischen Techniken der Zwillings- und Adoptivstudien kommen zunehmend auch **gentechnische Verfahren** in Frage, um die genetischen Grundlagen von Merkmalen zu identifizieren. Zur Identifikation von Genen, die zur Ausprägung der Intelligenz beitragen, kann beispielsweise so verfahren werden, dass zwei Gruppen von Personen mit besonders hoher Intelligenz und normaler Intelligenzausprägung auf einer großen Zahl potenzieller Genorte verglichen werden. Allgemein ist zu diesem Ansatz zu sagen, dass viele (vor allem komplexe) Merkmale polygen vererbt werden, sodass es schwierig ist, einzelne Genorte mit starkem Einfluss auf die Ausprägung eines Merkmals zu identifizieren. Entsprechend war dieser Forschungsansatz bei der Identifikation von Genen, die für die Ausprägung der Intelligenz zuständig sein könnten, bisher nicht sehr erfolgreich (Plomin et al., 2001, 2008; Spinath & Deary, 2008). Ein anderes Beispiel, das zunächst vielversprechend zu sein schien und daher viel Beachtung erfahren hat, ist das Serotonintransportergen (5-HTTLPR), das – je nach Genvariante – mit Optimismus und einer positiven Grundstimmung auf der einen Seite oder Pessimismus und einer Neigung zu Depression und Ängstlichkeit auf der anderen Seite in Verbindung gebracht wurde (s. u. a. Caspi et al., 2003). In einer Metaanalyse von Risch et al. (2009) wurden diese Zusammenhänge jedoch in Frage gestellt, sodass noch offen bleiben muss, inwieweit einzelne Genorte für ein Merkmal wie Optimismus versus Pessimismus mitverantwortlich sind.

Ein grundsätzliches Problem von Erblichkeitsstudien besteht darin, dass sich aus den Ergebnissen nicht ableiten lässt, wie groß die **Modifikationsbreite** eines Merkmals ist. Hilfreicher als die Angabe eines fixierten Erblichkeitswertes wäre die Kenntnis der Bandbreite, über die sich ein Merkmal durch Umwelteinflüsse beeinflussen lässt. Die Angabe von Modifikationsbreiten würde zeigen, welche Merkmalsausprä-

Häufig kann **nicht jeder Umwelteinfluss** seitens **der leiblichen Eltern ausgeschlossen** werden.

Auch die theoretisch geforderte **Nullkorrelation** zwischen den **Umweltmerkmalen der Herkunfts- und der Adoptivfamilie** ist de facto kaum realisierbar.

Interessanter als die Kenntnis des absoluten Anteils von Anlage und Umwelt an der Merkmalsvariation ist die **Kenntnis des relativen Anteils** bei verschiedenen Merkmalen.

Außer Zwillings- und Adoptivstudien kommen auch **gentechnische Verfahren** in Frage, um Gene zu identifizieren, die für bestimmte Merkmalsausprägungen verantwortlich sind.

Hilfreich wäre die Kenntnis von **Modifikationsbreiten** bei Merkmalen mit erblicher Komponente.