



TOBIAS SCHMIDT

Vom „genetischen Fingerabdruck“ zur DNA-Genealogie

Neue Perspektiven für Familienforscher

Einleitung

Im letzten Jahrzehnt ist der genetische Fingerabdruck zunehmend in den Blick der Öffentlichkeit geraten, nicht zuletzt durch die spektakuläre Aufklärung von Kriminalfällen oder die Diskussion um Gendatenbanken. Unter einem „genetischen Fingerabdruck“ versteht man das Muster der genetischen Variationen im Erbgut (der *DNA*) einer Person, das zu gleichen Teilen von beiden Eltern ererbt wird. Dieses Muster ist individuell einmalig - vergleichbar dem tatsächlichen Fingerabdruck - und kann daher zur **Identitätsfeststellung** genutzt werden. Darauf beruht z.B. die Identifikation von Straftätern, deren Anwesenheit am Tatort anhand von Spuren nachgewiesen werden kann.

Neben der Identität lässt sich die **Abstammung** einer Person nachweisen. Im einfachsten Fall handelt es sich um den Nachweis der **direkten Elternschaft**, meist als Vaterschaftstest, da die Mutter regelhaft sicher bekannt ist. Bei Nicht-Übereinstimmung bestimmter genetischer Muster kann eine Eltern-Kind-Verwandtschaft mit Sicherheit ausgeschlossen werden.

Prominentes Beispiel, das öffentliches Aufsehen erregte, war die Widerlegung der Behauptung von Anne Anderson, die verschollene Zarentochter Anastasia zu sein, ebenso wie der Fall Kaspar Hauser, dessen Herkunft aus dem Haus Baden anhand von Blutspuren auf seiner Kleidung ausgeschlossen werden konnte.

Gegenstand dieses Beitrages ist der im familienkundlichen Kontext besonders interessante **Abstammungsnachweis**, bei dem eine Person einer bestimmten Abstammungslinie unverwechselbar zugeordnet wird. Innerhalb dieser Abstammungslinie tragen sämtliche Mitglieder das gleiche genetische Muster, unabhängig welcher Generation sie angehören. Durch den Vergleich heute lebender Personen kann somit eine gemeinsame Abstammung nachgewiesen oder eindeutig widerlegt werden. Dabei ist die Vererbung der spezifischen Kennzeichen von Abstammungslinien immer an das Geschlecht gebunden. Direkte Linien lassen sich von Söhnen zu deren Vätern und Stammvätern rückverfolgen, Linien von Töchtern zu deren Müttern und Urmüttern. Als Grundlage für die Rückführung zweier Nachfahren auf einen gemeinsamen Vorfahren dient die durch klassische familienkundliche Quellen erstellte Stammtafel (Hypothese), die bestätigt oder widerlegt werden kann.

Geschlechtsgebundene Vererbung

Jeder Mensch hat einen Vater, dessen Erbgut (*DNA*) sich in seinen Genen wiederfindet. Ein Anteil, namentlich das ausschliesslich männliche Y-Chromosom, wird nicht mit dem mütterlichen Erbgut ‚rekombiniert‘ (vermischt), sondern nur an Söhne vererbt, so dass sich über die Generationen der Menschheitsgeschichte direkte Abstam-

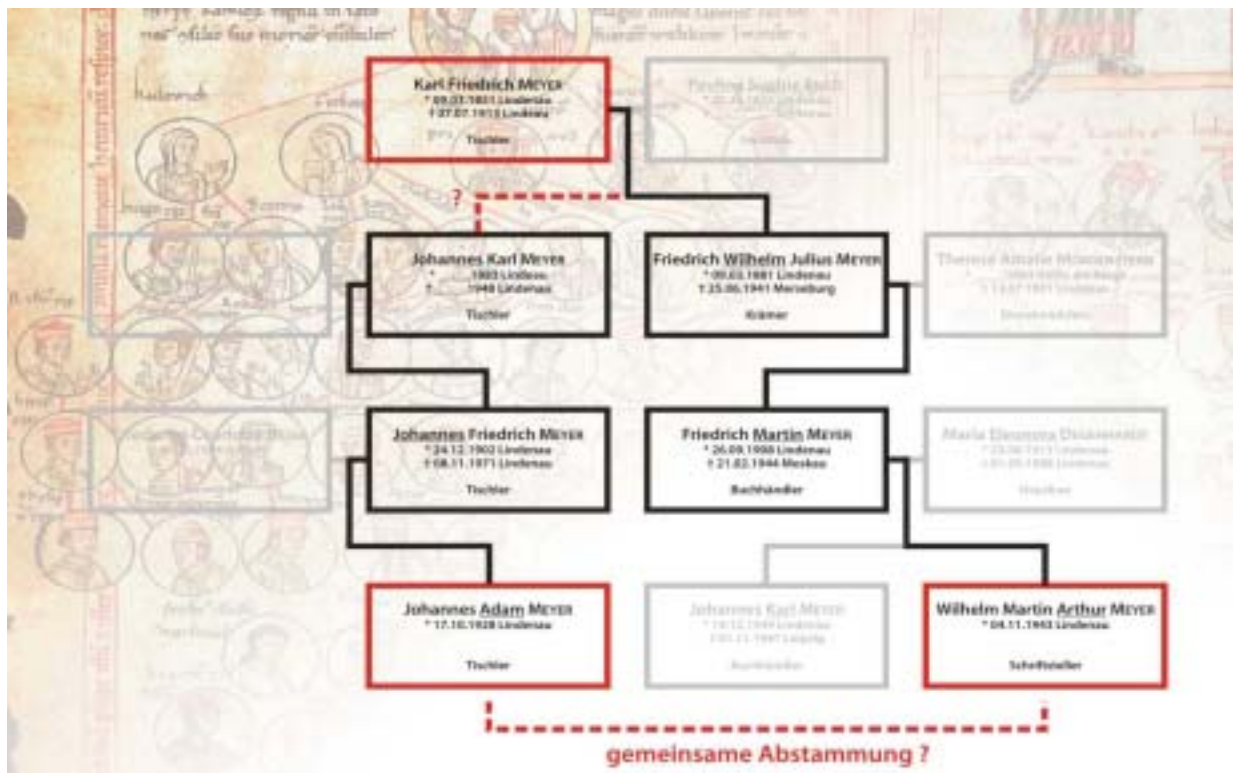
mungslinien ergeben haben. Bestimmte Genorte (Bereiche) auf dem Y-Chromosom kommen in vielen Varianten vor (Polymorphismen). Anhand dieser als ‚Marker‘ verwendeten Variationen können verschiedene Abstammungslinien differenziert werden, in die sich heute lebende Nachfahren einordnen lassen. Mittels Genotypisierung, also der Erstellung eines „genetischen Fingerabdrucks“ kann nun der jeweilige genetische Typ der Kandidaten bestimmt werden. Da der Y-chromosomale Genotyp innerhalb einer männlichen Abstammungslinie unverändert vererbt wird, dient er als deren eindeutige genetische Signatur.

Die patronyme Weitergabe von Familiennamen folgt also in der Regel der Vererbung Y-chromosomaler ‚Marker‘, denen in der Genealogie die mit Abstand grösste Bedeutung zukommt und die daher in diesem Beitrag stellvertretend vorgestellt werden. Er sei aber erwähnt, dass es auch Anteile im Erbgut gibt, die ausschliesslich über weibliche Linien von Frauen vererbt werden. Diese ‚mitochondriale DNA‘ (mtDNA) zeigt - analog zu den Y-chromosomalen ‚Markern‘ - eine ausreichend hohe Variabilität, um entsprechend eine Unterscheidung von weiblichen Abstammungslinien zu ermöglichen.

Nach einer Einführung in die Problemstellung genealogischer Abstammungsuntersuchungen wird zunächst die Struktur unseres Erbgutes (der DNA) erläutert, dessen für die Abstammungsnachweise relevanten Unterschiede sowie deren gängigen Untersuchungsverfahren.

Das Problem

Zur Illustration der Fragestellung ist die Ahnentafel der fiktiven Familie ‚Meyer‘ abgebildet, reduziert auf die männlichen Linien. Mit der DNA-Genealogie lässt sich durch ein Abstammungsnachweis klären, ob die beiden heute lebenden männliche Nachfahren ‚Adam‘ und ‚Arthur‘ den gleichen Stammvater ‚Karl Friedrich‘ besitzen.

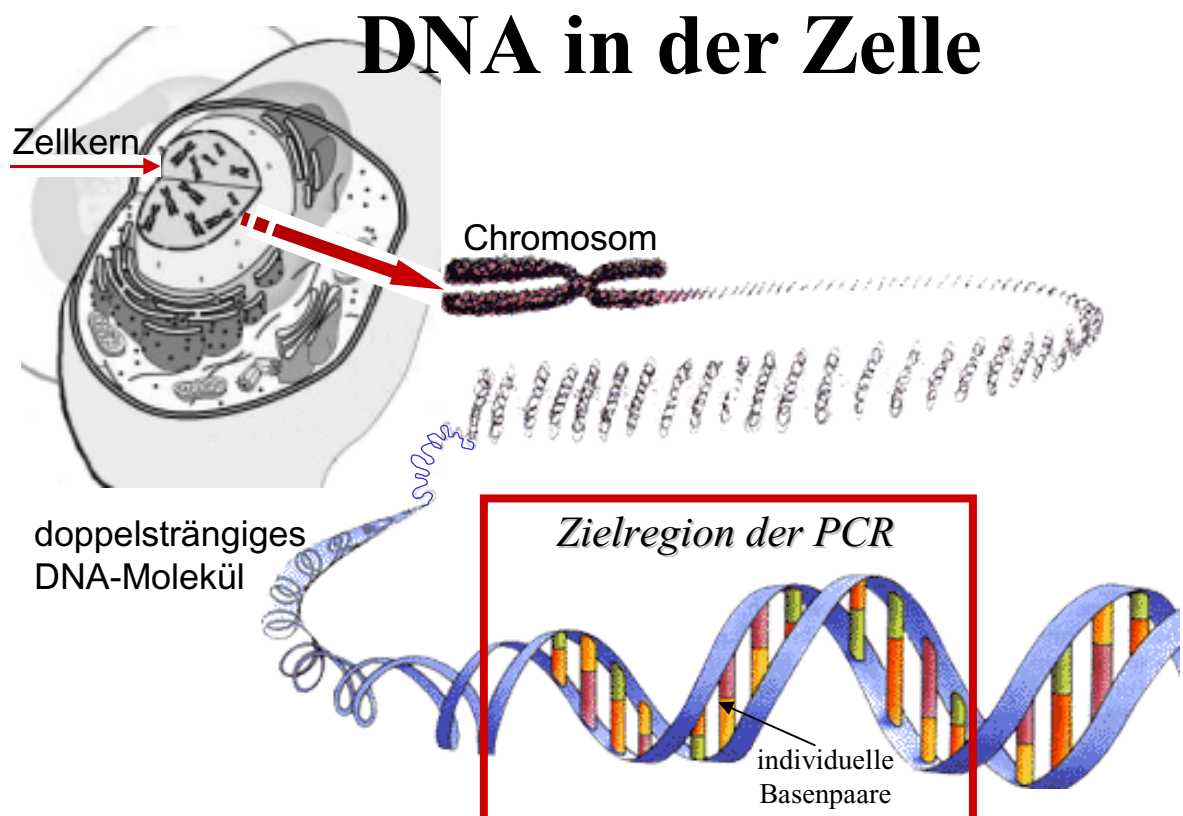


Ziel der Untersuchung ist die Bestimmung des Y-chromosomalen *DNA*-Typs (Y-Genotypisierung) von zwei oder mehreren männlichen Personen, um deren biologische Verwandtschaft zu belegen oder auszuschliessen. Dazu muss für jede Person an mehreren Genorten auf dem Y-Chromosom jeder ‚Marker‘ identifiziert, d.h. dessen genaue Anzahl wiederholter *DNA*-Abschnitte bestimmt werden.

Unser Erbgut, die *DNA*

Die gesamte Erbinformation des Menschen ist in einem Molekül festgeschrieben, das sich im Zellkern jeder Zelle in den Chromosomen befindet: der Desoxyribonukleinsäure, abgekürzt (engl.) *DNA*, die zu zwei Sätzen von 23 Chromosomen aufgewickelt und gepackt ist. 22 dieser Chromosomenpaare sind von der Gestalt her gleich, je eines von Mutter und Vater. Das 23.igste Paar, die Geschlechtschromosomen, unterscheidet sich erheblich: Das weibliche X-Chromosom ist deutlich grösser als das männliche Y-Chromosom. Ihre Kombination bei der Befruchtung legt das Geschlecht fest: Frauen haben zwei X-Chromosomen, Männer je eines vom Typ X und Y, so dass Y-Chromosomen nur vom Vater ererbt werden können. Im Gegensatz zu den anderen 22 gleichgestaltigen Chromosomenpaaren findet zwischen den beiden X- und Y-Geschlechtschromosomen aufgrund ihrer unterschiedlichen Gestalt auch kein Austausch (Rekombination) statt, der zu einer Veränderung von Abstammungslinien führen würde. Alle 23 Chromosomen des Menschen beinhalten zusammengenommen etwa 3 Milliarden Basenpaare, davon das Y-Chromosom allein 30 Millionen Basenpaare.

Die *DNA* besteht aus nur vier Grundbausteinen, den Basen: Adenin, Cytosin, Guanin und Thymin, abgekürzt A - C - G - T. Diese Basen sind über ein Rückgrat aus abwechselnden Zucker- und Phosphatmolekülen zu einem langen Strang verknüpft. Je-



de einzelne Base hat auf einem gegenläufigen Parallelstrang eine andere Base als Partner, wobei sich jeweils G mit C und A mit T paaren. So entsteht ein komplementärer Doppelstrang, der wie eine Leiter aufgebaut ist. Die Sprossen der Leiter stellen die einzelnen Basenpaare dar. Zusätzlich ist der Doppelstrang wie eine Spirale verdreht, was ihm eine hohe Stabilität verleiht. Man bezeichnet diese Struktur daher als Doppelhelix. Die genetische Information liegt in der Reihenfolge der 4 verschiedenen Basen (*DNA*-Sequenz) und wird prinzipiell immer von beiden komplementären *DNA*-Strängen getragen. Jeder Strang besitzt eine gegenläufige Orientierung, die vom Aufbau der Zuckermoleküle im *DNA*-Rückgrat herrührt. Man bezeichnet den Anfang als 5'-Ende (sprich „fünf-Strich“), das Ende als 3'-Ende, weil ein *DNA*-Strang immer von 5' nach 3' synthetisiert wird (vgl. ‚PCR‘ auf S.6).

Y-chromosomale *DNA*

Im Erbgut kommen *DNA*-Abschnitte mit einem kurzen, sich jeweils tandemartig wiederholenden Sequenzmotiv vor, das auch ‚repeat‘ genannt wird. Diese Sequenzmotive sind zwischen 2 und 5 Basenpaaren kurz. Entsprechend werden die auf dem Y-Chromosom lokalisierten Wiederholungsabschnitte auch ‚Y-STR‘ genannt (für engl. Y-Chromosomen Short Tandem Repeats). Inzwischen sind hunderte verschiedene Y-STRs bekannt. Jeder einzelne Y-STR kommt in diversen Varianten vor, die seine Verwendung als ‚Marker‘ mit hohem Wiedererkennungswert erlauben, insbesondere durch Kombination von mehreren STRs. STR-Sequenzen werden daher auch im Überbegriff ‚Mikrosatelliten‘ genannt.

Es handelt sich ausnahmslos um Anteile des Erbguts, die nicht in Proteine übersetzt werden, also nicht-kodierend und daher auch ohne medizinische Relevanz sind, also das Überleben des Organismus nicht beeinflussen. Folglich unterliegen die Y-STRs auch keinem evolutiven Selektionsdruck gegen dysfunktionale Mutanten, so dass sich eine überdurchschnittliche Variabilität entwickeln konnte.

Verschiedene Varianten (Polymorphismen) einer chromosomalen Stelle (Genort, Locus) werden Allele genannt. Die Allele werden jeweils der Grösse nach durchnummeriert. Für den Genort ‚DYS 19‘ (= D*N*A Y-Chromosomen Segment) bedeutet Allel 8 eine achtfache Wiederholung der repetitiven (4er-) *DNA* Sequenz (TAGA), wobei z.B. für diesen Genort 7-19 Wiederholungen bekannt sind (also Allele 7-19). Durch das Zusammenstellen der Allele von mehreren variablen Genorten (auch Marker, DYS) einer Person erhält man deren Genotyp (genauer: Haplotyp = auf einem Chromosom linear angeordnete Allelkombination).

Warum Y-chromosomale *DNA*?

Y-chromosomale *DNA* erfüllt zwei wichtige Kriterien, die zur Rekonstruktion von Abstammungslinien erforderlich sind, nämlich unveränderte Vererbung einerseits und hohe Variabilität andererseits:

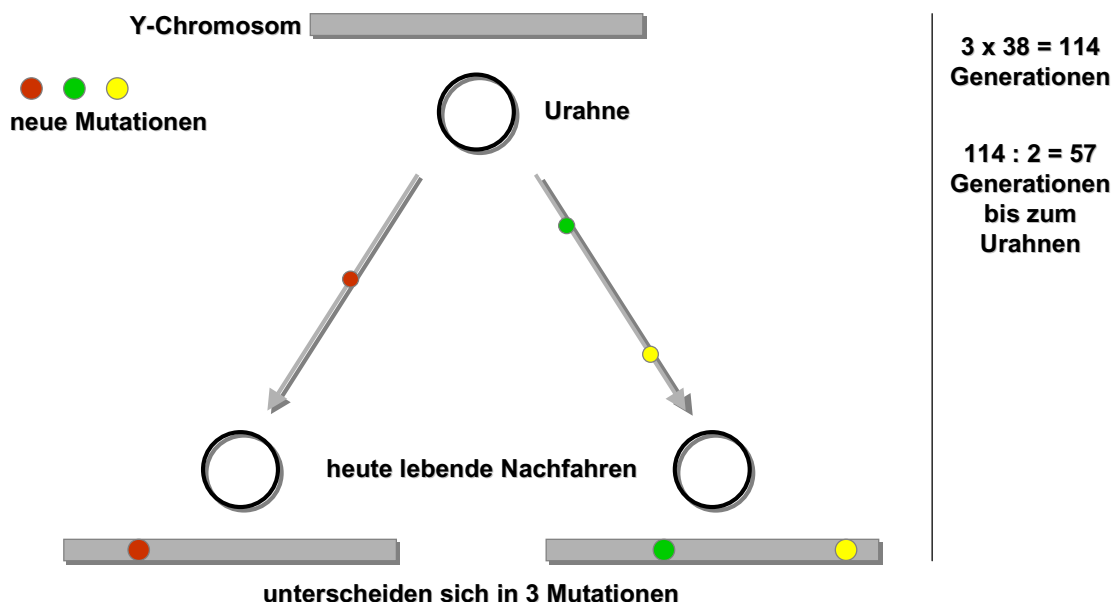
Erstens wird das Y-chromosomale Erbgut unverändert von Vätern an ihre Söhne in exakter Kopie weitergegeben, also nicht durch Rekombination mit dem mütterlichen Erbgut vermischt (wie es für das restliche Erbgut auf den anderen Chromosomen im Zellkern gilt). Gleichzeitig ist die Veränderung der Y-chromosomalen *DNA* durch zufällig auftretende Kopierfehler (Mutationen) ausreichend gering. In genealogisch relevanten Zeitspannen ist die Wahrscheinlichkeit erheblich höher, dass die Abstammungslinie unterbrochen ist durch ein illegitimes (uneheliches) Kind, als durch ein Mutationsereignis.

Zweitens zeigt das Y-chromosomale Erbgut, bedingt durch die lange Zeitspanne, seit sich die Menschheit vor etwa 150.000 Jahren in Afrika entwickelte, ausreichend viele Variationen, so dass sich mit den heutigen Sequenzunterschieden Abstammungslinien bestimmen lassen. Variationen entstehen durch hohe Mutationsraten. Für die DNA-Genealogie geeignete Mutationsraten dürfen also weder zu klein (wegen der Variabilität) noch zu gross sein (wegen konstanter Abstammungslinien).

Mutationen und das Y-Chromosom

Kayser und Sajantila (2001) geben in ihrer aktuellen Studie eine Rate von einer Abweichung in etwa 350 Generationen (Transmissionen) je Genort an. (Da die allermeisten Mutationen zu einer Verschiebung um einen Schritt führen [z.B. von Allel 10 zu 11], betrachtet man diesen näherungsweise als ein Mutationsereignis.) Bei Einbeziehung von 9 Genorten ergibt sich für eine unverzweigte Linie eine Mutationsrate von insgesamt einer Allelverschiebung in 38 Generationen (= 350 : 9) - entsprechend 770 Jahren (bei 20 Jahren pro Generation). Da üblicherweise zwei heute lebende Nachfahren miteinander verglichen werden, halbiert sich aus deren Perspektive die Spanne bis zum letzten gemeinsamen Urahn auf 19 Generationen - entsprechend 385 Jahren, innerhalb der 1 Mutation statistisch zu erwarten ist. Nachfolgende Grafik illustriert den Zusammenhang für den Erwerb von 3 Mutationen. Üblicherweise gelten bis zu zwei Schritte Abweichungen von 9 Genorten als Übereinstimmung. Bei Nicht-Verwandtschaft ist die Zahl der nicht übereinstimmenden Allele in aller Regel deutlich höher, also eine eindeutige Aussage zu treffen.

Mutationsereignisse



Für 9 Genorte ergeben sich theoretisch ca. 638 Millionen verschiedene mögliche Haplotypen, bei 11 Genorten – mit dem zusätzlichen Doppelmarker YCAII = erweiterter Haplotyp – sogar ca. 24 Milliarden (siehe www.ystr.charite.de). Dies setzt allerdings eine statistisch gleichmässige Verteilung voraus, die tatsächlich

aber nicht gegeben ist (sondern eine Normalverteilung „Glockenkurve“). Welche Haplotypen tatsächlich vorkommen und welche nicht, lässt sich ausschliesslich über breit angelegte Bevölkerungsstudien erschliessen. Dabei ist man leider noch weit von einer umfassenden populationsgenetischen Aufklärung der Bevölkerung Europas entfernt: Die grösste Y-STR-Datenbank der Gerichtsmedizin der Charité-Berlin umfasst derzeit ca. 12.000 Haploypeinträge europäischer Männer, darunter gut 5000 unterschiedliche (44%).

DNA Untersuchung (Genotypisierung)

- 1. DNA Extraktion**
- 2. DNA Vervielfältigung mit der PCR**
- 3. Fragmentlängenanalyse und Auswertung**

1. DNA Extraktion

Zunächst muss die *DNA* zugänglich gemacht werden. Dazu werden die mit dem Wattestäbchen abgenommenen Schleimhautzellen in Wasser abgelöst. Durch Zugabe des Enzyms „Proteinase K“ (Enzyme sind Proteine, „Eiweiße“, die chemische Reaktionen vermitteln; Proteinasen verdauen Proteine) und Aufkochen wird die Membran von Zelle und Mitochondrien aufgelöst und die *DNA* freigelegt. Nach diesem Zellaufschluss bindet die freigelegte *DNA* an einer glasähnlichen Silikatoberfläche. Nach verschiedenen Waschschritten zur Entfernung der störenden sonstigen Zellbestandteile wird die aufgereinigte *DNA* von der Silikatmatrix abgelöst und eignet sich nun für die weitere Analyse per *PCR*.

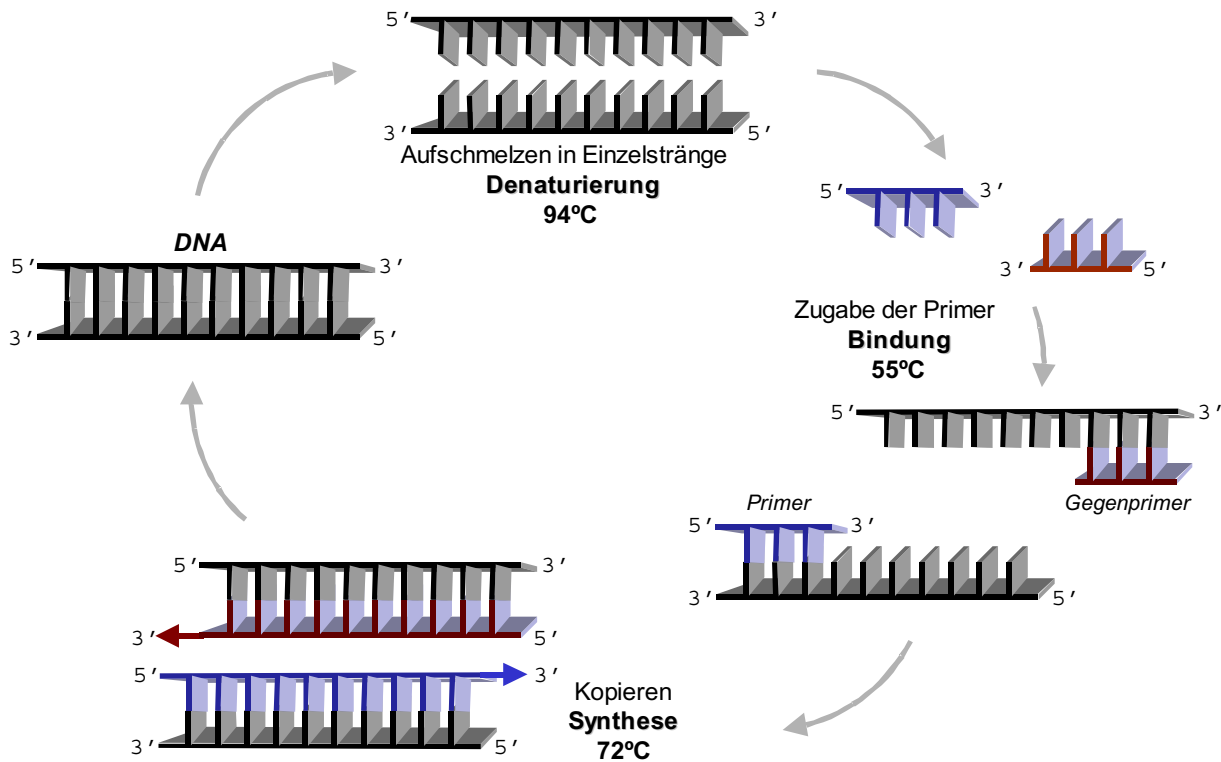
2. DNA Vervielfältigung mit der PCR

Um die variable Y-STR-Region analysieren zu können, muss dieser Bereich in ausreichender Menge vervielfältigt werden. Dazu verwendet man ein Verfahren namens *PCR* (engl. für Polymerase Ketten Reaktion).

PCR stellt ein Verfahren zur gezielten Vermehrung von *DNA* mit Hilfe von synthetischen Startermolekülen (*Primer*) und dem Enzym *DNA*-Polymerase dar. Durch wiederholte thermische Zyklen wird aus einer *DNA*-Lösung ein spezifischer *DNA*-Abschnitt vermehrt. Synthetische kurze (ca. 20 Basenpaare) einzelsträngige *DNA*-Stücke mit entsprechend komplementärer Sequenz definieren den *DNA*-Abschnitt, der vervielfältigt (amplifiziert) werden soll. Sie werden *PCR-Primer* genannt, da nach ihrer Anlagerung an einen *DNA*-Einzelstrang von ihrem Ende ausgehend das Enzym *DNA*-Polymerase den komplementären Strang neu synthetisieren kann. Die *Primer* für ein bestimmtes *PCR*-System werden so gewählt, dass sie den zu untersuchenden Abschnitt der *DNA*, z.B. die variable Y-STR-Sequenz, einschließen. Damit die *DNA*-Neusynthese stattfinden kann, müssen neben den bereits erwähnten *Primern* und der Polymerase auch die vier verschiedenen reaktiven *DNA*-Bausteine A – C – G – T im Reaktionsgemisch vorhanden sein.

Die gesamte Reaktion basiert auf drei Teilschritten mit jeweils unterschiedlichen Temperaturen, die ständig wiederholt werden. Im ersten Schritt, der *Denaturierung* der *DNA*-Doppelstränge (ca. 94°C), wird die *DNA* in ihre Einzelstränge aufgeschmolzen. Beim *Binden*, dem zweiten Schritt (ca. 55°C), binden die Startermoleküle an den beiden *DNA*-Einzelsträngen und dienen damit im dritten Schritt (*DNA*-Synthese durch Polymerisation, 72°C) der *DNA*-Polymerase als Startermoleküle zur Kopierung der beiden *DNA*-Einzelstränge. In jedem Zyklus verdoppelt sich die Menge des von den

PCR



Startermolekülen eingerahmten *DNA*-Fragments und wird im folgenden Zyklus zum Ausgangsmaterial (exponentielle Vervielfältigung).

Typischerweise werden bei *PCR*-Amplifikationen 28-35 Zyklen durchgeführt. Daraus errechnet sich theoretisch, ausgehend von einem einzelnen *DNA*-Molekül zu Beginn der *PCR*, dass am Ende nach 32 Zyklen 4 Milliarden Kopien des zu untersuchenden *DNA*-Abschnittes vorliegen.

Der ganze Vorgang erfolgt außerhalb der Zelle in einem Gefäß (*in vitro*), die Temperaturzyklen werden mit Hilfe eines 'Thermocyclers' generiert. Den großen Durchbruch der *PCR*-Technik hat ein Mikroorganismus aus dem Meer gebracht. Diese speziellen Bakterien (*Thermus aquaticus*), die bei sehr hohen Temperaturen in Geysiren leben, besitzen eine Polymerase (*Taq*-Polymerase), die extrem temperaturstabil ist. Sie verbleibt während des zyklischen *PCR*-Prozesses im Syntheseansatz aktiv. Damit wurde die *PCR* zu einer vollautomatischen Vervielfältigungstechnik für jede Art von *DNA*. Selbst *DNA*-Spuren (einzelne Haare, Gewebe aus Mumien) sind jetzt einer Analyse zugänglich.

3. Fragmentlängenanalyse und Auswertung

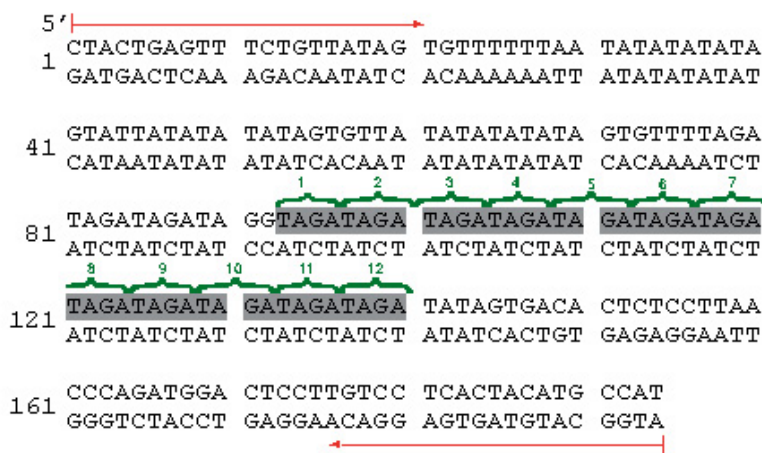
Nachdem mithilfe der *PCR* eine ausreichende Kopienzahl der variablen *Y-STR*-Region hergestellt wurde, kann nun deren Sequenz ermittelt werden. Wie im Folgenden erläutert, reicht es dazu aus, deren exakte Länge zu bestimmen.

Das Sortieren nach Größe und Detektieren der Farbstoffe erledigt eine Genotypisierungsmaschine vollautomatisch. Im Gerät befindet sich ein Gel mit definierter Porengröße (oder eine haardünne Kapillare mit gleicher Funktion), das die *DNA*-Fragmente durchwandern, nachdem eine elektrische Spannung von einigen hundert Volt angelegt wurde. Da kürzere *DNA*-Fragmente kleiner sind, durchwandern sie das Gel schneller

als längere, so dass am anderen Ende des Gels alle *DNA*-Fragmente exakt nach der Größe sortiert einen Laserstrahl passieren, der sie anhand ihrer Farbmarkierung erkennt und die Information automatisch auf einem Computer abspeichert. Mithilfe spezieller Computerprogramme wird dieses Messergebnis mit einem parallel gemessenem (internen) Längenstandard -bestehend aus *DNA*-Abschnitten bekannter Fragmentlängen- verglichen und so in eine *DNA*-Fragmentlänge übersetzt, angegeben in Basenpaaren (bp).

Diese Fragmentlängen reflektieren die Anzahl der wiederholten *STR*-Einheiten (*repeats*). Ausgehend von den (zuvor festgelegten und daher bekannten) Positionen der *PCR-Primer* (rote Pfeile) beinhaltet das nebenstehende 194 bp lange Beispielfragment (abgebildet sind untereinanderstehend beide komplementären *DNA*-Doppelstränge) für den Genort ‚DYS 19‘ eine 12-fache Wiederholung des spezifischen *STR*-Motivs (grüne Klammern) und wird daher **Allel 12** genannt. Für Allel 11 lägen nur 11

DYS19 GenBank Sequence



Wiederholungen vor, und die Fragmentlänge würde entsprechend dem 4 bp-Wiederholungsmotiv ‚TAGA‘ nur 190 bp betragen, usw. Alle vorkommenden Allele sind wissenschaftlich dokumentiert und einheitlich benannt. Diese Messung wird für z.B. neun unterschiedliche Genorte (Marker) durchgeführt. In der Praxis werden sog. Multiplex-PCR-Ansätze verwendet, die in einem einzigen Reaktionsansatz z.B. neun unabhängige *STR*-Genorte typisieren können. Die Zusammenstellung der Allele, auch Haplotyp genannt, lässt sich übersichtlich in tabellarischer Form darstellen und so einfach mit anderen Signaturen vergleichen. (siehe Beispiel unten)

Y-STR-Signatur

Burkhardt Beispiel

Genort	mögliche Allele	Ihr Genotyp
DYS* 19		12
385 a		11
385 b		14
389 I		13
389 II		29
390		24
391		11
392		13
393		13

Genorte (*Y-STR*-Marker, *DYS*) auflistet (*DYS* bedeutet *DNA Y*-Chromosomen *Segment*). Für jeden Genort sind nebenstehend die möglichen (bekannten) Allele angezeigt, eingerahmt von deren Nummerierung. Jedes Kästchen repräsentiert ein bekanntes Allel. Das bestimmte Allel ist farbig markiert, jeder Marker mit einer eigenen Farbe. In der rechten Spalte sind zusätzlich die Allelnummern entsprechend der wis-

Die Y-STR Signatur

Die nebenstehende Darstellung liest sich als Tabelle, deren erste Spalte die untersuchten

senschaftlichen Nomenklatur angegeben. Der Haplotyp von Herrn Beispiel liest sich also in dieser Spalte folgendermaßen:
 DYS 19-12 / DYS 385a-11 / DYS 385b-14 / usw...

Die Verwandtschaftsdarstellung

In untenstehender Tabelle ist beispielhaft für 3 Repräsentanten mutmasslicher Zweige der eingangs erwähnten Familie ‚Meyer‘ deren Allelmuster (Haplotyp) bestimmt worden. Ausgehend von dem gesicherten Haplotyp ‚Arthur Meyer‘ (der als Referenz dient; = i.d.R. der Auftraggeber), lässt sich der Zweig von ‚Adam Meyer‘ durch die Übereinstimmungen auf einen gemeinsamen Stammvater zurückführen, so dass sie als verwandt gelten können. Eine Verwandtschaft gilt als anzunehmen, wenn bis zu zwei Schritte Abweichung (Allelverschiebung um eine Wiederholungseinheit ‚repeat‘) in den Allelmustern auftreten (siehe Kayser und Sajantila, 2001). Als solche gelten gleichermaßen zwei Schritte innerhalb eines Allels (wie z.B. zwischen ‚Arthur‘ und ‚Frank‘ bei DYS 391) wie auch zwei einzelne Schritte in zwei Markern (bei 389 I und 389 II). Somit ist zwischen ‚Arthur Meyer‘ (sowie ‚Adam Meyer‘) gegenüber ‚Frank Meyer‘ eine gemeinsame Abstammung eindeutig auszuschliessen.

Marker:	DYS 19	DYS 385a	DYS 385b	DYS 389 I	DYS 389 II	DYS 390	DYS 391	DYS 392	DYS 393	abweichende Marker	Mutations Schritte	Treffer Y-STR Datenb.
Arthur Meyer	12	11	14	13	29	24	11	13	13	Referenz	-	1
Adam Meyer	13	11	14	13	29	24	11	13	13	1	1	13
Frank Meyer	12	10	14	14	30	24	9	13	13	4	5	0

Wie unverwechselbar die Allelmuster im Einzelfall sind, hängt allerdings vom jeweiligen Haplotyp selbst ab, da es häufigere und seltenere Kombinationen gibt (entsprechend der statistischen Normalverteilung „Glockenkurve“). Als Anhaltspunkt für die jeweilige Haplotyphäufigkeit dient der Abgleich gegen die europäische Y-STR-Datenbank (www.ystr.charite.de), mit rund 12.000 Haplotypeintragen die bei weitem umfangreichste. Der häufigste europäische Haplotyp ist definiert als die am häufigsten auftretende Allelkombination, bezeichnet als *Atlantic Modal Haplotyp*, AMH. Für die 9 bestimmten Genorte tritt er mit etwa 2,9% auf (339 von 11.610). Der sogenannte erweiterte (extended) Haplotyp umfasst 11 Genorte. Deren häufigste Allelkombination hat in Europa einen Anteil von etwa 1,7% (55 / 11.610). Ohne zusätzliche Hinweise wie z.B. eine Übereinstimmung eines (möglichst seltenen) Namens bedeutet dies, ein Träger dieser häufigsten Allelkombination hat eine 3%ige (jeder 33igste) bzw. 1,7%ige (jeder 59igste) Chance, mit einem anderen Europäer diesen Haplotyp zu teilen, unabhängig, ob er mit ihm eine genealogische Abstammungsgemeinschaft bildet oder nicht. Bei mehr als 2 Abweichungen wird gemeinhin – wie bei allen anderen Haplotypen auch – eine gemeinsame genealogische Abstammung eindeutig ausgeschlossen.

Fazit

Schlussendlich lassen sich im fiktiven Beispiel die beiden gegenwärtigen Nachfahren ‚Arthur‘ und ‚Adam Meyer‘ auf den gleichen Stammvater zurückführen, während die Linie vertreten durch ‚Frank Meyer‘ (nicht in der einleitenden Abbildung dargestellt) sich nicht auf eine gemeinsame Abstammung zurückführen lässt. Auf welchem der beiden Äste von ‚Arthur‘ oder ‚Adam‘ zu ihrem Stammvater ‚Karl Friedrich Meyer‘ die einschrittige Mutation erworben wurde und welchen Haplotyp der Stammvater folglich gehabt hat, lässt sich anhand dieser Daten nicht entscheiden. Hierzu müsste beispielsweise eine weitere Abzweigung in der Linie vor oder neben ‚Karl Friedrich Meyer‘ zu einem heutigen Nachfahren untersucht werden. Allerdings besteht dazu keine Notwendigkeit, da sich die Familienzugehörigkeit aus heutiger Sicht mit den vorgestellten Verfahren moderner DNA-Analyse eindeutig beantworten lässt.

Die DNA-Genealogie umfasst vielseitige Anwendungsmöglichkeiten zur Abstammungsfeststellung wie die Überprüfung von Archivquellen, den Verwandtschaftsnachweis bei Namensähnlichkeit, der Zuordnung von Migrationslinien auch ohne schriftliche Quellen oder schliesslich die Unterscheidung zwischen biologischer und sozialer Verwandtschaft im Falle illegitimer Kinder. Ihren grössten Nutzen wird die DNA-Genealogie in der sinnvollen Kombination mit den klassischen Werkzeugen der Verwandtschaftsanalyse entfalten, auch wenn bereits begonnene ehrgeizige Datenbankprojekte das zukünftige Aufspüren von Verwandten ganz ohne klassische Quellen verheissen.