

---

## DNA-Tests in der Genealogie – eine kurze Übersicht

von Bernt Schulze

---

Stammbäume sind das A und O der Genealogie – je umfangreicher und genauer, desto besser. Sie beantworten, aus welchen Familien wir kommen und wer unsere Ahnen und Urahnen sind. Heutzutage wird oft gefragt, ob sich ihre Aussagen auch per DNA-Test „beweisen“ lassen.

### Vaterschaftstests

DNA-Tests werden bei Abstammungsfragen vor allem dazu angewandt, um Fragen der Vaterschaft zu beantworten. Dies dient in der Regel der Klärung von Unterhaltszahlungen. Der „genetische Fingerabdruck“ aus Venenblut oder Abstrichen der Wangenschleimhaut erwies sich sicherer als die früheren Methoden zur Vaterschaftsbestimmung (z.B. Abstammungseinschätzung nach dem äußerlichen Erscheinungsbild oder Analyse der Blutgruppen<sup>1</sup>. Anhand von DNA-Polymorphismen (=interindividuelle Variationen von nicht-kodierenden DNA-Sequenzen) ist es möglich, mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit von den in Frage kommenden Vätern denjenigen auszuwählen, der der tatsächliche Vater ist. Die Wahrscheinlichkeit eines Irrtums (=Wahrscheinlichkeit, dass das ermittelte genetische Muster des biologischen Vaters mit dem eines anderen Menschen übereinstimmt) kann – bei ausreichender Zahl und Art der untersuchten DNA-Marker – im Bereich von weniger als 1:10.000.000.000.000.000 liegen<sup>2</sup>. Damit gilt diese Methode sogar für Gerichtsentscheidungen als sicher. Man nutzt sie daher auch zur Überführung von Straftätern anhand der Untersuchung auswertbarer Spuren am Tatort (Blut, Schleim, Sperma, Hautfetzen)<sup>3</sup>.

Nach der gleichen Methode könnte man ähnliche Fragestellungen auch in Bezug auf den eigenen Stammbaum klären, die Verfügung über die DNA der in Frage stehenden Personen vorausgesetzt. Bei einer geschätzten Häufigkeit von „Kuckuckskindern“ in Zeiten der Empfängnisverhütung von 1-5% (vor der Kontrazeptionsära und unter ungünstigen sozioökonomischen Bedingungen vermutlich 5-10%)<sup>4</sup> ergibt sich auf 100 Vorfahren immerhin ein Klärungsbedarf bei durchschnittlich fünf Personen. Dies stellt ein ernstzunehmendes Risiko für die Richtigkeit der Angaben in jedem(!) Stammbaum dar. Die Verfügbarkeit eigener Vorfahren für einen DNA-Test endet in der Regel spätestens bei noch lebenden Großeltern. Außerdem müssten angesprochene Personen nach dem geltenden Gendiagnostikgesetz der Untersuchung zustimmen<sup>5</sup>. Dies alles setzt DNA-Tests enge Grenzen.

Untersuchungen ohne Kenntnis und Zustimmung von Betroffenen sind verboten und dürfen nur unter bestimmten Voraussetzungen (► Kindeswohl / ► Strafverfolgung) von Gerichten erzwungen werden.

### Weitere Möglichkeiten zu DNA-Tests in Stammbäumen

Man kann DNA-Tests an Familienmitgliedern nutzen, um Verwandtschaftsgrade und geographische Abstammungen besser abschätzen zu können. Letztlich beruhen alle diese Untersuchungen immer wieder auf der Ähnlichkeit von geeigneten DNA-Markern, die bei passender Übereinstimmung in möglichst vielen Einzelaspekten auf eine Verwandtschaft schließen lassen, die Stammbaumangabe also plausibel machen. DNA-Marker sind polymorphe („vielgestaltige“), also zwischen zwei Individuen *unterschiedliche Stellen*, die *außerhalb codierender Gene* liegen. An solchen Markern kann man Individuen grundsätzlich voneinander unterscheiden. Als Marker eignen sich z.B. kleine DNA-Sequenzen, in denen bestimmte Basenabfolgen wiederholt auftreten (STR=„*Short Tandem Repeats*“), die bei verschiedenen Personen unterschiedlich lang sind. Bei diesen Tests werden also *keine* kodierenden Gene untersucht. Krankheiten oder genetische Eigenschaften können dabei nicht erkannt werden.

An einzelnen sehr charakteristischen DNA-Orten (z.B. auf dem Y-Chromosom und in der mitochondrialen DNA) werden diese DNA-Marker in hohem Maße konserviert, unterliegen also seltener Veränderungen durch Mutationen. Dies macht man sich zur Einschätzung der Verwandtschaft zunutze: Je mehr Marker zwischen zwei Personen übereinstimmen, umso näher sind sie verwandt. Eine geringe Zahl übereinstimmender Marker lässt vielleicht auf eine Verwandtschaft vor mehr als 20-30 Generationen schließen, bei vielen Übereinstimmungen kann die Verwandtschaft auch weniger als zehn Generationen zurückliegen. Hilfsweise benutzt man zur Bestimmung der Verwandtschaft über den letzten gemeinsamen Vorfahren (MRCA=„*Most Recent Common Ancestor*“) statistische Methoden, in die die Mutationsraten der verwendeten Gen-Loci eingehen. Diese wiederum sind u.a. von der Haplogruppe (s.u.), der Genlänge und der Größe des Markers abhängig. Die Aussagen sind demnach statistische Aussagen und damit weit entfernt von definitiven Ergebnissen<sup>6</sup>.

Allerdings unterliegen alle DNA-Sequenzen sowohl im Laufe des eigenen Lebens als auch in der Vererbung an Nachfahren immer einem „Hintergrundrauschen“ an Spontanmutationen. Solche Mutationen – als Zeichen und Preis der Evolution - verändern die DNA über die Generationen hinweg doch derart, dass selbst sehr charakteristische DNA-Merkmale einige Generationen später nicht mehr ganz genauso aussehen wie bei den Urururgroßeltern<sup>7</sup>.

Sehr charakteristische DNA-Merkmale lassen auf eine ethnische bzw. geographische Zugehörigkeit schließen. Durch Untersuchung vieler Individuen fand man heraus, dass sich durch die Marker-Befunde sowohl auf dem Y-Chromosom als auch in der mitochondrialen DNA charakteristische Gruppen und Untergruppen von Marker-Mustern identifizieren ließen, die man Haplotypen nennt. Man ordnet sie den verschiedenen Gruppen der Urbevölkerung zu, die sich vor mehr als 100.000 Jahren von Afrika aus über die Welt verbreiteten.

### **Y-Chromosom-Haplotypen:**

Das Y-Chromosom wird immer vom Vater an den Sohn vererbt. Es scheint daher grundsätzlich zum Nachweis der patrilinearen Vererbung vom Urgroßvater auf den Großvater, dann weiter auf den Vater und von diesem auf den Sohn (und damit als Nachweis der korrekten Vaterschaft in väterlicher Linie) geeignet zu sein. In einem spektakulären Fall aus der Paläogenetik konnte die Wissenschaft beispielsweise menschliche DNA aus bronzezeitlichen Funden aus dem 8.-10. Jahrhundert v. Chr. in der Harzer Lichtensteinhöhle untersuchen. Die DNA war aus pulverisierten Zahnwurzeln von Menschen aus einem Bronzezeitgrab gewonnen worden (was offenbar nicht gegen Gesetzesregeln verstößt). Die 3000 Jahre alte DNA wies Y-chromosomale Merkmale auf, die – mit leichten Veränderungen durch Mutationen über die Jahrhunderte – mit der Y-DNA zweier heutiger Männer übereinstimmte, die sogar in der Nähe der Höhle lebten. Damit war – außer der beachtlichen Heimattreue dieser Familie - zumindest die Verwandtschaft dieser Männer mit den Bronzezeit-Menschen bewiesen<sup>8</sup>. Als echter Vaterschaftstest und Beweis für „korrekte“ Vaterschaften über Jahrtausende hinweg konnte dieser Befund hingegen nicht gelten, da beispielsweise alle Söhne eines Vaters praktisch „dasselbe“ Y-Chromosom tragen und also auch neben einem ihrer Brüder (als dem „juristischen“ Vater eines in Frage kommenden Kindes) als mögliche Vererber des familientypischen Y-Chromosoms in Frage kämen.

Anhand des Y-Chromosoms werden zahlreiche bedeutende Haplogruppen väterlicher Ahnenreihen abgeleitet. Sie werden mit Buchstaben von A bis T benannt und mit Ziffern und Kleinbuchstaben in Untergruppen aufgeteilt – also z. B. R, R1 und R1a. Die Haplogruppe R1b tritt in der europäischen Bevölkerung am häufigsten auf<sup>9</sup>.

### **Mitochondriale DNA (mtDNA-Haplotypen):**

Die Mitochondrien („Kraftwerke“ der Zellen) werden ausnahmsweise immer von der Mutter

geerbt und enthalten kleine eigene DNA-Moleküle. Söhne und Töchter einer Mutter weisen also die gleiche mütterliche mtDNA auf, die ausschließlich von den Töchtern weiter vererbt wird. Somit eignet sich die mtDNA für den Nachweis der matrilinearen Linie (...Großmutter – Mutter – Tochter).

Anhand der mtDNA werden wiederum verschiedene Haplogruppen mütterlicher Ahnenreihen identifiziert und mit Großbuchstaben (A – Z) bezeichnet. In Europa ist am häufigsten die mtDNA-Haplogruppe H anzutreffen<sup>10</sup>.

### **Das Geschäft mit DNA-Familientests:**

Wenn man im Internet nach DNA-Tests in der Genealogie sucht, findet man viele Einträge einschlägiger Firmen, die DNA-Tests für Familien anbieten (z.B. <http://www.igene.com/>). Für jeweils 80-90 Euro kann man seine Y-Chromosom-Haplogruppe oder seine mtDNA-Haplogruppe bestimmen lassen.

Die ergänzende statistische Auswertung kann auf mögliche Verwandtschaften zwischen bestimmten Personen oder Bevölkerungsgruppen hinweisen. So ließen sich Männer aus nordwestirischen Familien aus der Grafschaft Donegal am Trinity College in Dublin untersuchen, um ihre Abkunft von einem sagenhaften Vorfahren, dem irischen Hochkönig Nial Noigíallach („of the Nine Hostages“; er verstarb um 405 n.Chr.) aus dem Clan der Uí Néill nachzuweisen. Man fand Y-chromosomale Marker, die jedoch lediglich eine nordeuropäische Variante der weitverbreiteten Y-Haplogruppe R1b darstellen und die auf einen gemeinsamen (nach Irland eingewanderten?) Vorfahren vor mehr als 3000 Jahren hinweisen könnten<sup>11</sup>.

Der Preis für die Einzeluntersuchung (\$169,00)<sup>12</sup> weist auf die Bedeutung dieses Marktes hin. Mit den Y-chromosomalen Markern und den mtDNA-Markern kann praktisch allen Männern und Frauen auf der Welt, die Interesse an ihren Familien haben, ein DNA-Test angeboten werden, dessen Aussage aber letztlich eher vage bleibt und häufig nur eine Zuordnung zu großen Haplogruppen ermöglicht.

### **Anwendung auf den Familienverband ZMA**

Grundlage aller Tests ist immer ein möglichst vollständiger Stammbaum. Für die ZMA-Mitglieder ist dies weitgehend der Fall und zeigt, dass die Abstammungen im ZMA-Familienverband nur für Teilbereiche rein patri- oder matrilinear sind. Beide Linearitäten wechseln sich im Stammbaum auf dem Weg von der eigenen Person zu einem berühmten Vorfahren ab (z.B. in der ZMA-Linie IE zu den Brüdern Emeranus und Dr. Johannes Zeyringk-Ziering [fundator testamenti] über derzeit 16-17 Generationen). Die o.g. „DNA-Werkzeuge“ (Y-Chromosom und mtDNA) müssten damit beide zum Einsatz kommen und durch noch feinere Methoden des Vaterschaftstests ergänzt werden. In aller Regel werden dazu allerdings die benötigten DNA-Proben der Vorfahren fehlen, vor deren Besorgung durch den Griff in die Familiengruft oder den Gang auf den Friedhof uns gesetzliche Bestimmungen (§ 168 StGB Störung der Totenruhe) ebenso bewahren wie die eigene Pietät. Lediglich von Verstorbenen aus ein bis zwei Generationen vor uns, dürfte noch – auf schickliche Weise – DNA zu erhalten sein, ob aus Proben, die nach krankheitsbedingten Entnahmen über 30 Jahre(!) in Pathologischen Instituten asserviert wurden oder aus zufälligen Materialfunden wie z.B. eindeutig zuzuordnenden Kämmen oder Haarbürsten u. dergl. Dem Forscherdrang im Speziellen sind damit sehr enge Grenzen gesetzt.

Die Darstellung der eigenen Haplogruppe als Ausdruck des Forscherdrangs im Allgemeinen ist ethisch unbedenklich, aber wohl nur von geringer Aussagekraft, falls wir – am wahrscheinlichsten – mitgeteilt bekommen, dass wir eben einer häufigen europäischen Haplogruppe angehören.

Ob dieses bescheidene Ziel die Geldausgabe für DNA-Tests rechtfertigt?

## Zusammenfassung

Wir müssen uns daran erinnern, dass mit jeder Generation eine Halbierung der Erbanlagen der Vorfahren erfolgt, die den Erbanteil eines Ahnen innerhalb von 10 folgenden Generationen ( $1 - \frac{1}{2} - \frac{1}{4} - \frac{1}{8} - \frac{1}{16} - \frac{1}{32} - \frac{1}{64} - \frac{1}{128} - \frac{1}{256} - \frac{1}{512} - \frac{1}{1024}$ ) bei den Nachkommen bereits auf ca. 0,09% (=weniger als ein Promille) schrumpfen lässt. In weiteren fünf Generationen ( $\frac{1}{1024} - \frac{1}{2048} - \frac{1}{4096} - \frac{1}{8192} - \frac{1}{16384} - \frac{1}{32768}$ ) hat sich der gemeinsame Genanteil schon auf 0,03 Promille verringert. Bei einem Abstand jenseits der 15. Generation entspricht der gemeinsame Genanteil einer eher „homöopathischen“ Dosis und bedeutet praktisch, dass wir von jenem Vorfahren so gut wie keines seiner mehr als 20.000 Gene<sup>13</sup> mehr in uns tragen, von noch älteren Vorfahren ganz zu schweigen.

Hinzu kommt die Neigung der Gene zur Rekombination<sup>14</sup>, z.B. durch *Cross-over* zwischen gleichen Genorten, die zusammen mit der Halbierung der elterlichen Genome für genetisch immer neue Individuen verantwortlich ist. Schließlich schwebt noch das oben bereits erwähnte „Damokles-Schwert“ der irregulären Paternität über jedem Stammbaum („*Pater semper incertus...*“<sup>15</sup> wie die alten Römer sagten, oder: „*mama's baby, papa's maybe*“<sup>16</sup> in moderner englischer Zunge).

Es mag bis auf weiteres ausreichen, sehr begrenzte Untersuchungsziele (z.B. die Klärung von Vaterschaften), die mit gesetzlichen Mitteln erreichbar sind, über DNA-Tests anzustreben. Die Klärung von Verwandtschaften über viele Generationen hinweg würde hingegen einen erheblichen Untersuchungsaufwand erfordern, der über die bisherigen Haplotypentests mit ihrem eingeschränkten Aussagewert hinausgeht.

Ansonsten sollte uns der – mehr oder wenige stolze – Blick auf den eigenen Stammbaum mit vielleicht 20 oder mehr Generationen nicht davon ablenken, dass wir mit unseren ältesten Vorfahren praktisch keine vollständigen Gene mehr gemeinsam haben<sup>17</sup>. Wir dürfen uns aber in dem zutreffenden Bewusstsein unserer eigenen genetischen Einzigartigkeit nach wie vor mit großem historischem Interesse mit allen denkwürdigen Vorfahren unseres Stammbaums beschäftigen, bescheiden immer eingedenk seiner Unwägbarkeiten.

Dr. Bernt Schulze, Facharzt für Humangenetik  
Podbielskistr. 122, 30177 Hannover  
bs@humangenetik-hannover.de

**Referenzen und Anmerkungen (Internetzugriffe vom 8.12.2012)**

- 1 DNA-Fingerprinting [Taschenbuch], Michael Krawczak und Jörg Schmidtke, Taschenbuch, 144 Seiten, Verlag Spektrum Akademischer Verlag, Auflage: 1 (4. Oktober 1994), Sprache Deutsch, ISBN-10: 3860252461, ISBN-13: 978-3860252468;  
zur Technik vgl. <http://www.biochemie.uni-freiburg.de/nat-w/versuch/dna-finger.htm>  
und  
[http://www.uni-tuebingen.de/uni/thk/downloads/Informationsblatt\\_zur\\_Abstammungsuntersuchung\\_Vaterschaftstests\\_01.pdf](http://www.uni-tuebingen.de/uni/thk/downloads/Informationsblatt_zur_Abstammungsuntersuchung_Vaterschaftstests_01.pdf);
- 2 Zur Sicherheit des Fingerprints vgl. <http://www.genetischer-fingerabdruck.de/sicherheit.htm>;
- 3 DNA und der genetische Fingerabdruck: Auf der Spur des Verbrechens [Gebundene Ausgabe], Brian Innes (Autor) Gebundene Ausgabe, 96 Seiten, Verlag Tosa (März 2008), Sprache: Deutsch, ISBN-10: 3850032027, ISBN-13: 978-3850032025, Originaltitel: DNA Digital Fingerprints;  
Übersicht zur kriminologischen Verwendung in  
[http://de.wikipedia.org/wiki/Genetischer\\_Fingerabdruck](http://de.wikipedia.org/wiki/Genetischer_Fingerabdruck);
- 4 Untreue in Partnerschaften, Zur Prävalenz von Nichtvaterschaft und zur Messung von Eifersucht, Inaugural-Dissertation zur Erlangung des Doktorgrades der Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf, vorgelegt von Michael Wolf aus Wiesbaden, April 2011; vgl. [http://docserv.uni-duesseldorf.de/servlets/DerivateServlet/Derivate-19824/Dissertation\\_Michael\\_Wolf\\_PDF-A.pdf](http://docserv.uni-duesseldorf.de/servlets/DerivateServlet/Derivate-19824/Dissertation_Michael_Wolf_PDF-A.pdf);
- 5 Gesetz über genetische Untersuchungen bei Menschen (Gendiagnostikgesetz – GenDG), vom 31. Juli 2009, Bundesgesetzblatt Jahrgang 2009 Teil I Nr. 50, ausgegeben zu Bonn am 4. August 2009, S. 2529-2538, § 17;
- 6 DNA-Tests in der Genealogie: [http://de.wikipedia.org/wiki/Genetische\\_Genealogie](http://de.wikipedia.org/wiki/Genetische_Genealogie);
- 7 Spontanmutationen: Mark A. Jobling and Chris Tyler-Smith, THE HUMAN Y CHROMOSOME: AN EVOLUTIONARY MARKER COMES OF AGE (Review), [www.nature.com/reviews/genetics](http://www.nature.com/reviews/genetics), vol. 4, August 2003, S. 598-612;  
siehe auch:  
Yali Xue, Qiuju Wang, Quan Long, Bee Ling Ng, Harold Swerdlow, John Burton, Carl Skuce, Ruth Taylor, Zahra Abdellah, Yali Zhao, Asan, Daniel G. MacArthur, Michael A. Quail, Nigel P. Carter, Huanming Yang, and Chris Tyler-Smith, Human Y chromosome base-substitution mutation rate measured by direct sequencing in a deep-rooting pedigree, *Curr Biol.* 2009 September 15; 19(17): 1453–1457  
(<http://europepmc.org/articles/PMC2748900//reload=0;jsessionid=f80MhAxLPG3nRan9pvSq.6>);
- 8 Die Verwandten aus der Bronzezeit: vgl. [http://www.welt.de/wams\\_print/article2208000/Die-Verwandten-aus-der-Bronzezeit.html](http://www.welt.de/wams_print/article2208000/Die-Verwandten-aus-der-Bronzezeit.html);  
zur Lichtensteinhöhle vgl. <http://de.wikipedia.org/wiki/Lichtensteinhöhle>;
- 9 Zum Y-Haplotyp vgl. [http://de.wikipedia.org/wiki/Genetische\\_Genealogie](http://de.wikipedia.org/wiki/Genetische_Genealogie);
- 10 Zur mtDNA vgl. [http://de.wikipedia.org/wiki/Haplogruppe\\_H\\_mtDNA](http://de.wikipedia.org/wiki/Haplogruppe_H_mtDNA);
- 11 s. <http://clanmaclochlainn.com/dna.htm>;
- 12 s. <http://www.familytreedna.com/>; in der Vorweihnachtszeit 2012 wird die Untersuchung zum Aktionspreis von \$ 119,00 angeboten;
- 13 Zahl der menschlichen Gene: SPIEGEL online vom 21. Oktober 2004, 09:54 Uhr;  
vgl. <http://www.spiegel.de/wissenschaft/mensch/ueberraschung-mensch-hat-weniger-gene-als-unkraut-a-324153-druck.html>;
- 14 Genetische inter- und intrachromosomale Rekombination: s. beispielsweise in <http://www.uni-duesseldorf.de/MathNat/Biologie/Didaktik/Evolutionsprojekt/dateien/Aylin/dateien/rekombi4.html>;
- 15 Mater certa, pater incertus est (Die Mutter ist sicher, der Vater ist ungewiss). Lateinischer Rechtsgrundsatz; vgl. [http://wiki-de.genealogy.net/Mater\\_semperterta\\_est](http://wiki-de.genealogy.net/Mater_semperterta_est);
- 16 mama´s baby, papa´s maybe Titel der Episode Nr. 14 aus der 3. Staffel der amerikanischen Serie Sanford and Son (gesendet am 4.1.1974 auf NBC); vgl. <http://www.imdb.com/title/tt0694117/>;
- 17 Bei einem Restanteil an genetischem Material von  $<1/32768=0,000030517578125$  bei einem genetischen Abstand von mehr als 15 Generationen dürfte von den  $>20.000$  Genen (auf dem ca. 1,8m langen DNA-Strang einer Zelle) eines entfernten Vorfahren kein einziges Gen mehr komplett auf eine heutige Generation überkommen sein. Dabei wurden Effekte der genetischen Rekombination auf die Genzusammensetzung kalkulatorisch noch ebenso vernachlässigt wie unausbleibliche Spontanmutationen (s.o.). Solche Ereignisse dürften die Wahrscheinlichkeit für die Vererbung vollständiger unveränderter Gene weiter herabsetzen.