

Aus: <http://www.aerztezeitung.de/series/default.asp?sdid=40>

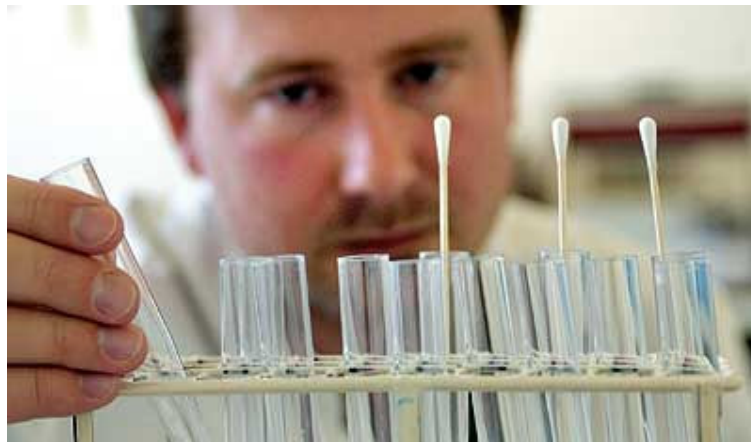
Durch den Ausschluß heimlicher Vaterschaftstests als Beweismittel und die Identifizierung des mutmaßlichen Moshammer-Mörders wurde die hitzige Diskussion um Gen-Tests neu entfacht. Doch nicht jeder DNA-Test ermöglicht den Blick auf all unsere Gene. In der heute startenden Serie erfahren Sie, was die Tests leisten.

Aufregung um Gen-Tests, die gar keine sind

Vaterschaftstest kommt ohne Genanalyse aus / Auch beim genetischen Fingerabdruck werden nur DNA-Regionen ohne Informationen abgetastet

Von Peter Leiner

Mit der Verbesserung der molekulargenetischen Methoden, etwa aufgrund der Polymerase-Kettenreaktion, durch die Entschlüsselung des Human-Genoms und nicht zuletzt durch Gen-Chips, haben sich die Möglichkeiten, die DNA zu analysieren, ungeheuer erweitert. Stets wird dabei von Gen-Tests gesprochen, allerdings auch dann, wenn es gar nicht um die Analyse von Genen geht, etwa beim Vaterschafts- oder Abstammungstest und beim genetischen Fingerabdruck zur Identifizierung etwa von Straftätern.



DNA-Speichelproben, die in Wattestäbchen an der Luft trocknen. Sie werden für die DNA-Analyse mit dem DNA-Fingerprinting vorbereitet.
Foto: dpa

In diesen beiden Fällen werden nämlich Regionen auf Chromosomen analysiert, die keinen Bauplan für die Synthese von Eiweißmolekülen enthalten. Sie werden als STR (short tandem repeats, Mikrosatelliten) bezeichnet.

Bei der Anwendung von Gen-Tests in der Human-Genetik geht es um die Analyse von Genen, die aufgrund von Mutationen Ursache für Krankheiten sind. Das ist seit mehr als 20 Jahren möglich. Bekanntestes Beispiel ist die Gen-Diagnostik bei Verdacht auf Morbus Huntington. Wer das pathogenetisch bedeutsame Gen besitzt, wird die Krankheit bekommen.

Gesucht wird generell nach bestimmten krankheitsrelevanten Genen, deren Bauplan bekannt ist, nach Mutationen oder DNA-Sequenz-Verlusten. Es gibt etwa 4000 monogenetisch bedingte Erbkrankheiten. Sie machen aber nur etwa fünf Prozent aller Krankheitsfälle aus. Tests für die Diagnostik oder die klinische Forschung gibt es für etwa 1500 Erbkrankheiten.

Solche Tests werden auch für die vorgeburtliche Diagnostik genutzt, etwa bei Verdacht auf eine Veranlagung für Morbus Huntington oder auf Muskelschwund, sowie für die in Deutschland

Stichworte

- **Abstammungstest**
- **DNA-Fingerprinting**
- **Gen-Chips**
- **Gendiagnostik**
- **Short tandem repeats**

allerdings nicht erlaubte Präimplantationsdiagnostik.

Ganz anders als in der Human-Genetik ist es dagegen beim genetischen Fingerabdruck, mit dessen Hilfe etwa der mutmaßliche Mörder von Rudolph Moshammer überführt wurde und die Toten der Tsunami-Flut identifiziert werden. Bei dieser Untersuchung werden sich wiederholende DNA-Abschnitte analysiert, die kein Gen, also keinen Bauplan für die Synthese von Eiweißmolekülen enthalten. Dazu wird die DNA aus der Probe isoliert, mit der Polymerase-Kettenreaktion vermehrt und für die Analyse vorbereitet.

Das Einzige, was man aus den Testmustern ablesen kann, ist, ob sich zwei DNA-Proben gleichen sowie den Grad der Verwandtschaft zur Vergleichsprobe. Weder eine Zuordnung zum Geschlecht noch zur Ethnie sind mit ausreichender Sicherheit möglich.

Auch beim Vaterschaftstest wird der Grad der Übereinstimmung zweier DNA-Proben analysiert. Und auch hierzu werden sich wiederholende Bereiche auf der DNA, die Mikrosatelliten, untersucht, die keinen Bauplan für die Eiweißsynthese enthalten.

DNA zu analysieren machen sich schließlich auch Mikrobiologen zunutze. Anhand des spezifischen genetischen Musters von Bakterien lassen sich die Erreger besser als bisher identifizieren.

Schließlich wird die DNA-Analyse, vor allem mit Hilfe von Gen-Chips, inzwischen auch dazu verwendet, die Aktivität von Krebsgenen zu analysieren und nach Mustern zu fahnden, die ein Hinweis auf das Ansprechen auf eine medikamentöse Therapie sind. Dadurch können Ärzte die Krebsbehandlung je nach Verstoffwechselung des Medikaments anpassen.

STICHWORT

Gendiagnostik

In der Humangenetik werden Gentests zur Analyse einzelner Gene oder nur von DNA-Bausteinen verwendet. Dazu werden DNA-Doppelstrangproben, meist aus Blut, in Einzelstränge zerlegt.

Mit DNA-Sonden mit der bekannten Sequenz des gesuchten Gens lassen sich aus den vorbereiteten Proben die passenden Gegenstücke herausfischen, weil sie sich mit der Sonde wieder zu einem Doppelstrang verbinden. Gene lassen sich direkt analysieren oder über DNA-Marker identifiziert werden.

Lesen Sie auch:
Aufregung um Gen-Tests, die gar keine sind

STICHWORT

Gen-Chips

Mikrochips sind vielseitig nutzbar. Zum einen läßt sich mit ihnen prüfen, ob in einer Probe etwa pathologisch bedeutsame Gene vorhanden sind. Zum anderen gibt es inzwischen Gen-Chips, mit deren Hilfe untersucht werden kann, ob bestimmte, etwa für die Entstehung von Krebs bedeutsame Gene aktiv sind.

Erkennbar ist dies am Nachweis von Boten-RNA, also der Stufe zwischen Gen-Bauplan und Eiweißmolekül. Auch für die Klassifizierung von Leukämien sind die Chips nützlich.

Weitere Stichworte

- **Abstammungstest**
- **DNA-Fingerprinting**
- **Gen-Chips**
- **Short tandem repeats**

Weitere Stichworte

- **Abstammungstest**
- **DNA-Fingerprinting**
- **Gendiagnostik**
- **Short tandem repeats**

Lesen Sie auch:

STICHWORT

DNA-Fingerprinting

Beim genetischen Fingerabdruck werden nur DNA-Muster verglichen. Sie beruhen auf der Analyse von DNA-Regionen, die keinen Bauplan für Eiweiße enthalten, sondern aus sich vielfach wiederholenden Bausteinsequenzen bestehen. Diese Wiederholungen sind sehr variabel.

Jede Zelle mit einem Zellkern ist für die Analyse geeignet, Erythrozyten also nicht. Die Wahrscheinlichkeit, daß zwei Menschen (keine Zwillinge) das gleiche Muster haben, liegt bei eins zu mehreren Millionen.

Lesen Sie auch:

Aufregung um Gen-Tests, die gar keine sind

Abstammungstest

Auch beim DNA-Vaterschaftstest werden wie beim Fingerprinting DNA-Banden-Muster zweier Proben verglichen. International anerkannt ist die Analyse von 15 definierten DNA-Regionen, doch weit mehr Regionen können analysiert werden.

Empfohlen wird die Verwendung von Zellen der Mundschleimhaut, aber auch Zellen aus Nasenschleim sind geeignet. Sowohl Autosomen und Geschlechtschromosomen werden analysiert, gegebenenfalls auch die DNA aus Mitochondrien

Weitere Stichworte

- **Abstammungstest**
- **Gen-Chips**
- **Gendiagnostik**
- **Short tandem repeats**

Weitere Stichworte

- **DNA-Fingerprinting**
- **Gen-Chips**
- **Gendiagnostik**
- **Short tandem repeats**

Gendaten - der Stoff für schnelle Schlagzeilen

Entwurf für ein Gendiagnostik-Gesetz liegt vor, doch debattiert wird über Randaspekte

BERLIN (fst). Als im Herbst 2004 der Arbeitsentwurf für ein Gendiagnostik-Gesetz bekannt wurde, war das nur für Experten ein Thema. Inzwischen wird das Für und Wider von Gentests in der breiten Öffentlichkeit heiß diskutiert.

Grund dafür ist einerseits der Streit um Vaterschaftstests. Andererseits sind sich Regierung und Opposition über Gentests in der Strafverfolgung uneins. Konsens gibt es in allen Fraktionen nur in einem: Ein Gesetz, das alle Anwendungsbereiche genetischer Untersuchungen beim Menschen regelt, ist längst überfällig. Bisläng sind Fragen der Zulässigkeit und des Umgangs mit Gen-Daten in verschiedenen Rechtsgebieten - lückenhaft - geregelt, so etwa im Straf-, Sozial- oder Arbeitsrecht.

Stichworte

- **Abstammungstest**
- **DNA-Fingerprinting**
- **Gen-Chips**
- **Gendiagnostik**
- **Short tandem**

repeats

Kern des Arbeitsentwurfs für ein Gendiagnostik-Gesetz, der seit Oktober vergangenen Jahres vorliegt, ist das Diskriminierungsverbot: Niemand darf wegen seiner genetischen Eigenschaften sowie wegen der Vornahme oder Verweigerung einer genetischen Untersuchungen benachteiligt werden - und natürlich nicht wegen der Ergebnisse einer solchen Analyse.

Verläßt man aber abstrakte Rechtsnormen, so stellt sich schnell die Frage: Wann hat der Schutz des Einzelnen und sein Recht auf Wissen oder Nicht-Wissen über seine genetischen Daten Vorrang, wann werden die Belange der Allgemeinheit höher gewertet?

Wie schwer diese beiden Rechtsgüter auszutarieren sind, hat sich noch kürzlich in der Diskussion über DNA-Analysen in der erkennungsdienstlichen Behandlung gezeigt. Der schnelle Fahndungserfolg durch eine DNA-Analyse bei dem mutmaßlichen Mörder von Modehändler Rudolph Moshammer rief die Union auf den Plan. Sie zog einen über ein Jahr alten Gesetzesantrag aus der Schublade und verlangte, DNA-Tests zum Standard der erkennungsdienstlichen Behandlung zu machen. Sogleich beschworen Kritiker den gläsernen Menschen - wohl wissend, daß ein genetischer Fingerabdruck gerade nicht Rückschlüsse auf Persönlichkeitsmerkmale zuläßt.

Ähnlich von künstlicher Aufregung getrieben war die Diskussion über heimliche Vaterschaftstests. Im Gendiagnostik-Gesetz sollen sie verboten werden. Doch das hatte Bundesjustizministerin Brigitte Zypries bereits im Mai 2004 angekündigt.

Andere, langfristig wichtige Themen, blieben dagegen in der Öffentlichkeit bislang undiskutiert. Unter welchen Voraussetzungen dürfen Gendaten in Biobanken gespeichert werden? Ist das geplante Regelwerk primär ein Schutzgesetz für Bürger, welchen Stellenwert soll der Datenschutz in der Forschung haben? Grund genug, das geplante Gesetz und die Positionen von Parteien und Verbänden genau zu analysieren.

Das lesen Sie in der Folge 2 am 23. Februar: Im Zusammenhang mit dem genetischen Fingerabdruck sind bereits 400 000 Datensätze beim BKA gespeichert.

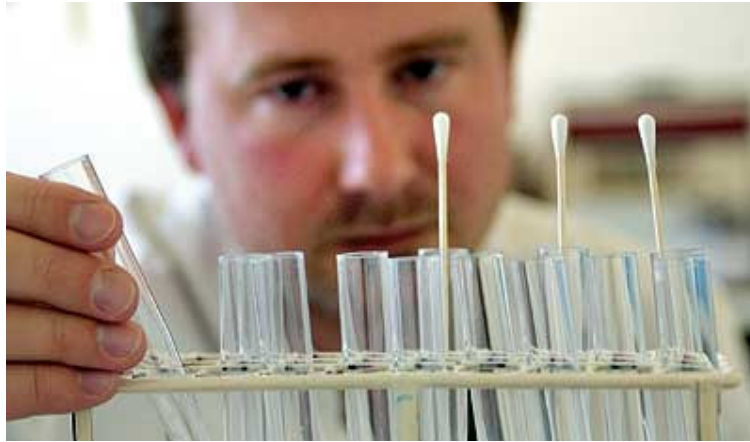
Durch den Ausschluß heimlicher Vaterschaftstests als Beweismittel und die Identifizierung des mutmaßlichen Moshammer-Mörders wurde die hitzige Diskussion um Gen-Tests neu entfacht. Doch nicht jeder DNA-Test ermöglicht den Blick auf all unsere Gene. In der heute startenden Serie erfahren Sie, was die Tests leisten.

Aufregung um Gen-Tests, die gar keine sind

Vaterschaftstest kommt ohne Genanalyse aus / Auch beim genetischen Fingerabdruck werden nur DNA-Regionen ohne Informationen abgetastet

Von Peter Leiner

Mit der Verbesserung der molekulargenetischen Methoden, etwa aufgrund der Polymerase-Kettenreaktion, durch die Entschlüsselung des Human-Genoms und nicht zuletzt durch Gen-Chips, haben sich die Möglichkeiten, die DNA zu analysieren, ungeheuer erweitert. Stets wird dabei von Gen-Tests gesprochen, allerdings auch dann, wenn es gar nicht um die Analyse von Genen geht, etwa beim Vaterschafts- oder Abstammungstest und beim genetischen Fingerabdruck zur Identifizierung etwa von Straftätern.



DNA-Speichelproben, die in Wattestäbchen an der Luft trocknen. Sie werden für die DNA-Analyse mit dem DNA-Fingerprinting vorbereitet.
Foto: dpa

In diesen beiden Fällen werden nämlich Regionen auf Chromosomen analysiert, die keinen Bauplan für die Synthese von Eiweißmolekülen enthalten. Sie werden als STR (short tandem repeats, Mikrosatelliten) bezeichnet.

Bei der Anwendung von Gen-Tests in der Human-Genetik geht es um die Analyse von Genen, die aufgrund von Mutationen Ursache für Krankheiten sind. Das ist seit mehr als 20 Jahren möglich. Bekanntestes Beispiel ist die Gen-Diagnostik bei Verdacht auf Morbus Huntington. Wer das pathogenetisch bedeutsame Gen besitzt, wird die Krankheit bekommen.

Gesucht wird generell nach bestimmten krankheitsrelevanten Genen, deren Bauplan bekannt ist, nach Mutationen oder DNA-Sequenz-Verlusten. Es gibt etwa 4000 monogenetisch bedingte Erbkrankheiten. Sie machen aber nur etwa fünf Prozent aller Krankheitsfälle aus. Tests für die Diagnostik oder die klinische Forschung gibt es für etwa 1500 Erbkrankheiten.

Solche Tests werden auch für die vorgeburtliche Diagnostik genutzt, etwa bei Verdacht auf eine Veranlagung für Morbus Huntington oder auf Muskelschwund, sowie für die in Deutschland allerdings nicht erlaubte Präimplantationsdiagnostik.

Ganz anders als in der Human-Genetik ist es dagegen beim genetischen Fingerabdruck, mit dessen Hilfe etwa der mutmaßliche Mörder von Rudolph Moshammer überführt wurde und die Toten der Tsunami-Flut identifiziert werden. Bei dieser Untersuchung werden sich wiederholende DNA-Abschnitte analysiert, die kein Gen, also keinen Bauplan für die Synthese von Eiweißmolekülen enthalten. Dazu wird die DNA aus der Probe isoliert, mit der Polymerase-Kettenreaktion vermehrt und für die Analyse vorbereitet.

Das Einzige, was man aus den Testmustern ablesen kann, ist, ob sich zwei DNA-Proben gleichen sowie den Grad der Verwandtschaft zur Vergleichsprobe. Weder eine Zuordnung zum Geschlecht noch zur Ethnie sind mit ausreichender Sicherheit möglich.

Auch beim Vaterschaftstest wird der Grad der Übereinstimmung zweier DNA-Proben analysiert. Und auch hierzu werden sich wiederholende Bereiche auf der DNA, die Mikrosatelliten, untersucht, die keinen Bauplan für die Eiweißsynthese enthalten.

DNA zu analysieren machen sich schließlich auch Mikrobiologen zunutze. Anhand des spezifischen genetischen Musters von Bakterien lassen sich die Erreger besser als bisher identifizieren.

Schließlich wird die DNA-Analyse, vor allem mit Hilfe von Gen-Chips, inzwischen auch dazu verwendet, die Aktivität von Krebsgenen zu analysieren und nach Mustern zu fahnden, die ein

Stichworte

- **Abstammungstest**
- **DNA-Fingerprinting**
- **Gen-Chips**
- **Gendiagnostik**
- **Short tandem repeats**

Hinweis auf das Ansprechen auf eine medikamentöse Therapie sind. Dadurch können Ärzte die Krebsbehandlung je nach Verstoffwechslung des Medikaments anpassen.

Die DNA-Probe - der Fingerabdruck der Zukunft?

Union will der Polizei freie Hand bei DNA-Tests geben / Justizministerin Brigitte Zypries will nur vorsichtige Ausweitung

BERLIN (fst). 340 Tötungsdelikte konnten in der Vergangenheit mit Hilfe von DNA-Analysen aufgeklärt werden. Doch erst Fall 341 - das Kapitalverbrechen am Münchener Modehändler Rudolph Moshammer - brachte bei den Parteien die politische Debatte über den häufigeren Einsatz von DNA-Analysen bei der Strafverfolgung ins Rollen.

Bislang muß eine schwere Straftat - etwa ein Tötungs- oder Sexualdelikt - vorliegen, bevor ein Richter eine DNA-Analyse bei einem Verdächtigen genehmigen darf. So war es auch bei der Tötung des Münchener Modehändlers Rudolph Moshammer. Vom Verdächtigen gab es bereits einen DNA-Datensatz beim Bundeskriminalamt. Der Abgleich mit am Tatort gefundenen Spuren fiel positiv aus - der Fall war gelöst.

CDU/CSU

Dieses Procedere soll nach Wunsch der Unionsparteien einfacher werden. Fünf unionsregierte Länder brachten vergangenen Freitag einen Antrag im Bundesrat ein, der eine häufigere Anwendung von DNA-Tests in der Strafverfolgung ermöglichen soll. Im Kern wollen CDU und CSU zweierlei erreichen: Zum einen soll der Richtervorbehalt entfallen. Dann könnte die Polizei - ohne vorherige Prüfung des Falls durch einen Richter - einen DNA-Test bei einem Verdächtigen vornehmen lassen. Zum anderen will die Union Tests auch bei anderen Straftaten zulassen. Damit würde die DNA-Analyse anderen erkennungsdienstlichen Methoden, etwa der Abnahme eines Fingerabdrucks - gleichgestellt.

SPD

"Wir wollen Deutschland sicherer machen" - mit dieser Ankündigung von Unionsfraktionsvize Wolfgang Bosbach konnte die Opposition auch angesichts der schnellen Aufklärung des Moshammer-Falls Druck auf die SPD ausüben. Die versuchte die Gesetzesanträge der Union im Rechtsausschuß erst auf die lange Bank zu schieben - und bewegte sich dann doch auf die Union zu.

Ende Januar hat Bundesjustizministerin Brigitte Zypries eine vorsichtige Ausweitung von DNA-Analysen angekündigt. Die Eckpunkte des geplanten Gesetzentwurfs: Bei der Sicherung anonymer Spuren am Tatort und bei der freiwilligen Entnahme von Speichel- und Blutproben soll keine richterliche Genehmigung mehr nötig sein. Auch möchte Zypries die DNA-Analyse auch bei minderschweren Vergehen zulassen, zum Beispiel bei Mehrfachtätern oder bei Straffälligen mit schlechter Sozialprognose. Eine völlige Gleichstellung von DNA-Probe mit Lichtbild und Fingerabdruck lehnt die Justizministerin aber ab.

F.D.P

Die Zulässigkeit von DNA-Tests auch für geringfügigere Vergehen, ist der FDP zu unkonkret. Sie fordert einen abschließenden Katalog von Straftaten, bei denen eine solche Probe überhaupt zulässig ist. Bestehe bei einem Bürger kein konkreter Tatverdacht, dann bedarf es nach Meinung der Liberalen auch weiterhin einer richterlichen Anordnung. Zudem fordert die FDP klare Rechtsgrundlagen für genetische Reihentests in der Bevölkerung, die nach schweren Verbrechen von der Polizei veranlaßt werden können. "Regelmäßig werden dabei in großem Umfang Daten Unschuldiger erhoben", klagt der FDP-Rechtspolitiker Jörg van Essen.

BÜNDNIS 90 DIE GRÜNEN

Ähnliche Absichten verfolgen die Grünen. Sie verweisen darauf, daß schon nach geltender Rechtslage DNA-Tests oft eingesetzt werden können. So könne zum Beispiel die Polizei bei einem

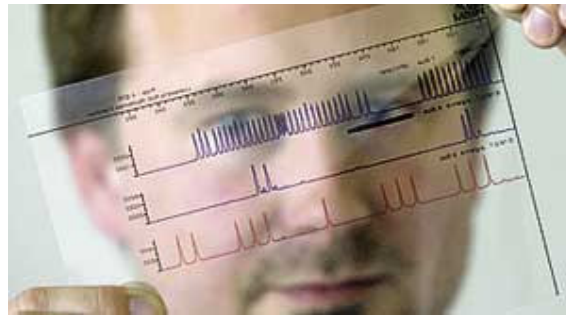
Ladendiebstahl das DNA-Muster von am Tatort gefundenen anonymen Körperzellen ermitteln und mit dem vorhandenen DNA-Muster eines Tatverdächtigen vergleichen. Eine Reform des Strafgesetzbuchs müsse sich eng an den Vorgaben des Bundesverfassungsgerichts orientieren, fordern die Grünen. Denn das Karlsruher Gericht hat in der DNA-Analyse einen erheblichen Grundrechtseingriff gesehen.

Den genetischen Fingerabdruck zur DNA-Analyse gibt es jetzt seit 20 Jahren. Etwa 400 000 solcher DNA-Datensätze sind bereits beim Bundeskriminalamt gespeichert, die meisten mit Angaben zu den Personen, von denen sie stammen. Die politischen Parteien streiten nun darüber, wann solche DNA-Tests gemacht werden dürfen.

Nicht jede DNA-Analyse wird beim BKA gespeichert

Genetischer Fingerabdruck dient dem Vergleich von DNA-Mustern / Identisches Muster mit einer Wahrscheinlichkeit von 1 zu 300 Millionen

BERLIN (gvg). Gendiagnostik bedeutet nicht nur das Erkennen von Erbkrankheiten. Die Untersuchung des genetischen Materials wird zunehmend auch zur Identifizierung von Personen heran gezogen, wie zuletzt bei der Tsunami-Flut. Eine Spezialform der genetischen Identifizierung von Personen sind die genetischen Fingerabdrücke, die in Deutschland vom Bundeskriminalamt (BKA) verwaltet werden.



Graphische Auswertung einer DNA-Analyse am Rechtsmedizinischen Institut München. Foto: dpa

Genetische Fingerabdrücke sind ein Mittel der Verbrechensbekämpfung. Sie werden in einer als "DNA-Analysedatei" bezeichneten Kartei des BKA gesammelt, wo mittlerweile knapp 400 000 Datensätze gespeichert sind. Davon sind knapp 70 000 sogenannte Spurensätze: Das sind Tatortspuren ohne weitere Informationen über die Person, von der die Probe stammt. Die übrigen Datensätze sind genetische Fingerabdrücke von Personen, deren Identität bekannt ist (Personenspuren). Genetische Fingerabdrücke für die BKA-Datei werden von einer Person bei Straftaten von "erheblicher Bedeutung" angelegt. In erster Linie sind das Delikte gegen Leib, Leben oder Gesundheit, also etwa Raub, Mord oder Sexualdelikte. Dazu kommen Terrorakte und schwere Eigentumsdelikte.

Einfacher Diebstahl ist kein Grund für einen DNA-Test

Anders als bei normalen Fingerabdrücken dürfen genetische Fingerabdrücke derzeit nicht von Menschen angefertigt werden, die sich nur leichtere Vergehen haben zuschulden kommen lassen, etwa einfachen Diebstahl. Nicht dauerhaft gespeichert werden die Informationen aus genetischen Reihenuntersuchungen, die der Suche nach einem Sexualstraftäter dienen. "Auch genetische Identifizierungen aus nicht-kriminalistischen Gründen, wie etwa bei der Tsunami-Katastrophe, haben mit der DNA-Analyse-Datei nichts zu tun", so eine Sprecherin des BKA zur "Ärzte Zeitung".

Um einen genetischen Fingerabdruck zu erstellen, werden nicht die Gene analysiert, sondern Abschnitte dazwischen ohne Informationen - die Short Tandem Repeats (STR). Dabei handelt es sich um DNA-Bereiche mit festen Abfolgen kurzer Bausteingruppen - etwa mit zwei oder vier Bausteinen -, die sich unterschiedlich häufig wiederholen. In den genetischen Fingerabdruck gehen Merkmalskombinationen von acht verschiedenen solchen Abschnitten der nicht-codierenden DNA

ein. Dabei werden jeweils die entsprechenden Bereiche beider Chromosomen - das sind die Allele - berücksichtigt. "Daraus errechnet sich statistisch eine Wiederholungschance bei nicht verwandten Personen von etwa eins zu dreihundert Millionen", so Professor Hubert Poeche, Experte für genetische Identifizierung vom Institut für Rechtsmedizin der Charité Berlin, Campus Benjamin Franklin, im Gespräch mit der "Ärzte Zeitung".

"Wenn wir eine Tatortspur erhalten, dann ermitteln wir daraus den genetischen Fingerabdruck", erläutert Poeche das Vorgehen. Ohne weitere Informationen zum Geschlecht oder zu genetischen Auffälligkeiten, die dem untersuchenden Labor natürlich bekannt sein können, wird diese Merkmalskombination dann in einem Meldebogen an die BKA-Datei weitergeleitet. Treffer - also positive Ergebnisse - werden dem Labor mitgeteilt, allerdings ohne Informationen zur Identität der entsprechenden Person preiszugeben. Nur die Polizei kann sie Personen zuordnen..

Führt eine von Poeche oder einem seiner Kollegen weitergeleitete Tatortspur in der Kartei zu einem Treffer, dann ist der Betreffende mit einer Sicherheit von 300 Millionen zu eins derjenige, von dem das Gewebe stammt, das am Tatort gefunden wurde, sei es ein Haar, eine Blutspur oder Sperma.

Das freilich ist nur die erste Runde: Auf einen Treffer beim genetischen Fingerabdruck folgt eine präzisere Analyse, um die Sicherheit weiter zu erhöhen. "Wir untersuchen bei Spuren immer mehr Merkmale, als für den genetischen Fingerabdruck erforderlich sind", so Poeche. Nach einem Treffer werde dann von der Polizei bei der entsprechenden Person erneut eine Speichelprobe genommen, damit das Labor weitere Abschnitte des nicht-codierenden Genoms mit denen der Tatortspur vergleichen kann.

Genetische Fingerabdrücke von eineiigen Zwillingen sind gleich

Poeche hat hochgerechnet, daß sich so die Treffsicherheit in einen Bereich von vielen Milliarden zu eins erhöht. Einzige Ausnahme: Eineiige Zwillinge haben das gleiche Genom und damit den gleichen genetischen Fingerabdruck. Bei nahen Verwandten ist der genetische Fingerabdruck ähnlicher als bei Nichtverwandten.

Rückschlüsse auf Erbkrankheiten, auf die Persönlichkeit des Menschen oder auf das Geschlecht läßt der in der BKA-Datenbank gespeicherte genetische Fingerabdruck nicht zu, da er nur nicht-codierende Abschnitte des Erbguts umfaßt und keine Angaben dazu macht, ob im ursprünglichen Chromosomensatz ein Y-Chromosom vorlag oder nicht.

Auch die These, daß der genetische Fingerabdruck Rückschlüsse auf die ethnische Zugehörigkeit des Betreffenden zulasse, weil einige STR-Allele bei Menschen unterschiedlicher Abstammung unterschiedlich häufig sind, wird von Experten mehrheitlich zurückgewiesen. Die Korrelation sei zu schwach, um praktisch irgendeinen Wert zu haben.

Lesen Sie dazu auch:

Die DNA-Probe - der Fingerabdruck der Zukunft?

Geschichte des Fingerprintings

Der genetische Fingerabdruck wurde 1985 von dem Briten Alec J. Jeffreys in Leicester erfunden (Nature 314, 1985, 67). Dafür wurde Jeffreys geadelt. Auch der Begriff genetic fingerprinting (genetischer Fingerabdruck) stammt von ihm. Er kam auf die Idee, weil der genetische Fingerabdruck in seiner Rohform aussieht wie ein Strichcode, der ihn an individuelle Linien des Daumenabdrucks erinnerte. Erstmals angewendet wurde der Gen-Test bei der Bearbeitung eines Einwanderungsgesuchs eines Jungen aus Ghana: Jeffreys konnte nachweisen, daß der Junge das Kind der Mutter war, die das behauptete. (gvg)

DNA-Chips für die Diagnostik bei Leukämien

Recht weit sind Gen-Chips (Microarrays) auch zur Früherkennung und Klassifizierung von Leukämien entwickelt. US-Forscher haben etwa einen Gen-Chip hergestellt, mit dem sich akute Leukämien auf Anhieb unterscheiden ließen: 50 Gene reichen aus, um zwischen akuten myeloischen und akuten lymphoblastischen Leukämien zu differenzieren.

Der Chip erreicht eine Aussagekraft von 80 bis 90 Prozent. Außerdem ließen sich mit solchen Microarrays neue Entitäten unter den Leukämien finden, aber auch bei Non-Hodgkin-Lymphomen. So wurden mit DNA-Chips neue Subtypen des "diffuse large B-cell"-Lymphoms gefunden.

Leukämien und Lymphome gelten daher als geeignetes Modellsystem, um die Diagnose hämatologischer Malignome mit Microarrays zu etablieren. Bis sie ausreichend evaluiert sind, werden sie noch begleitend zu üblichen Verfahren verwendet.

Ein Beispiel, wie die Tests die Therapieentscheidung bei Leukämien erleichtern könnten, gibt es bei chronischen lymphatischen Leukämien (CLL). Professor Peter Lichter und sein Team vom Deutschen Krebsforschungszentrum in Heidelberg haben einen Genchip entwickelt, um CLL-Patienten mit hohem Rezidivrisiko zu identifizieren.

Der Test hat eine fast 100prozentige Spezifität und Sensitivität und gehört zu den wenigen Genchips, die bereits in der klinischen Praxis sind. Die hohe Aussagekraft wird mit etwa 100 Genen erreicht. "Der Genexpressionschip hilft uns, die Patienten zu finden, die vermutlich von einer intensiven Therapie mit Stammzelltransplantation profitieren werden", so Lichter zur "Ärzte Zeitung". (*nsi*)

Ob ein Krebspatient von einer Therapie profitieren wird, dürfte sich bald auch routinemäßig gut abschätzen lassen. Möglich machen dies Gen-Chips. Doch wie steht es um den Umgang mit den Gen-Daten? Gefordert wird dafür ein umfassendes Gesetz.

Vor der Therapie kommt der Gen-Test

Die Chip-Technik erlaubt es, einzelne Krebsmutationen ausfindig zu machen / Metastasierungspotential ablesbar



Die Testergebnisse auf dem Gen-Chip in der Hand des Forschers werden auf dem Monitor eines Computers als Farbmuster dargestellt. Foto: Hoffmann-La Roche

Von Nicola Siegmund-Schultze

Wie lassen sich Malignome frühzeitig erkennen? Wie maligne ist ein Tumor? Wird eine Therapie sein Wachstum stoppen können? Das sind die praxisrelevanten Fragen in der klinischen Onkologie. Das wichtigste Werkzeug dafür: der Biochip.

In der Tumorpathologie ist es das Ziel, mit Gen-Chips (Microarrays) die Frühdiagnose, aber auch ein genaues Tumorstaging möglich zu machen und zu erkennen, wie stark ein Tumor zur Metastasierung neigt, um die Therapie anpassen zu können.

Zum Teil angewendet werden Chips bereits beim Mamma-Ca und bei hämatologischen Tumoren. An der Johns-Hopkins-Uni in Baltimore etwa ist ein Genchip entwickelt worden, der maligne Zellen in der Lavage der Brustdrüsengänge von Hochrisikopatientinnen anzeigt. Zytologische Kriterien reichen oft nicht aus, um zu beurteilen, ob es sich bei einer Zelle um eine Krebszelle handelt.

Die Arbeitsgruppe um Professor Saraswati Sukumar in Baltimore hat fünf Stellen im Genom gefunden, an denen Mamma-Ca-Zellen anders als gesunde Zellen mit Methylgruppe besetzt und somit verändert sind. Der Test lieferte bei mehreren hundert Frauen mit hohem Risiko (Mutationen in den Genen BRCA-1 und -2) richtig positive Befunde noch nicht erkannter Mammakarzinome. Für ein Massenscreening mit Biochips würde sich statt der aufwendigen Lavage aber über die Brustwarze abgepumpte Drüsenflüssigkeit eignen.

Wenn Brustkrebs in frühen Stadien entdeckt wird, ist die nächste Frage, wie maligne die Zellen sind. Ein Team um den niederländischen Wissenschaftler Dr. René Bernards vom Krebsinstitut in Amsterdam hat mit Biochips 70 Gene identifiziert, die bei Mammakarzinomen der Stadien I und II anzeigen, ob ein Tumor wahrscheinlich Fernmetastasen bilden wird oder nicht, und zwar unabhängig vom Lymphknotenbefall.

Eine erste klinische Studie mit 295 Frauen, die jünger als 53 Jahre waren und ein primäres Mammakarzinom hatten, ergab, daß sich die Prognose mit Hilfe des Biochips deutlich zuverlässiger stellen ließ als mit den herkömmlichen Methoden. Die Genauigkeit der Vorhersage mit der Genanalyse lag bei 80 bis 90 Prozent. Jetzt wird das System gerade in einer Studie mit mehr als 5000 Teilnehmerinnen getestet. Die Analysen bestätigen: Primärtumoren haben ein Metastasierungspotential, das sich über ihr Genexpressionsmuster erkennen läßt.

Für die Krebstherapie sehr nützlich wären dann Vorhersagen dazu, ob ein Patient vermutlich von einer Chemotherapie profitieren wird. Für das Mamma-Ca wurde dies in einer kleinen US-Studie mit 60 operierten Frauen mit einem Genexpressions-Chip getestet. Damit läßt sich das Ansprechen der Frauen mit positivem Hormonrezeptorstatus (Östrogen- und/oder Progesteron-Rezeptor-positiv) des nicht fernmetastasierten Tumors auf eine adjuvante Tamoxifentherapie abschätzen.

"Bei etwa einem Drittel der operierten Patientinnen tritt der Tumor trotz Tamoxifentherapie wieder auf", sagte Dennis Sgroi aus Boston in Massachusetts der "Ärzte Zeitung". Diesen Frauen lasse sich möglicherweise mit anderen Substanzen besser helfen. Der Test sei kurz vor der Marktreife.

Auch für andere gängige Therapien bei Mamma- sowie Bronchial-Ca entwickeln Forscher Sensibilitätsprüfungen per Genchip. Noch gibt es allerdings jede Menge Forschungsbedarf.

Lesen Sie auch:

Verfassungsrichter - Geburtshelfer des Schutzes von Gendaten

Detektive aus dem Genlabor

Für die Suche nach den Ursachen von Krebs, aber auch bei der Diagnostik von Tumoren und ihrer Klassifikation werden verschiedene DNA-Chips verwendet:

Mit Chips für die Gentyisierung läßt sich das Erbgut nach **Punktmutationen** (single nucleotide polymorphisms, SNPs), nach Genervielfältigungen und nach Allelen untersuchen, die die Entstehung von Krebs begünstigen.

Das **Methylierungsmuster** von Genen macht ein anderer Typ von DNA-Chips sichtbar. Die Basis für diesen Biochip: Der Tumorentstehung voran geht häufig eine übermäßige Methylierung etwa von Tumorsuppressor-Genen, was die Gene inaktiviert.

Mit **Genexpressionchips** werden Genaktivitäten anhand der Boten-RNA sichtbar gemacht. Das sind die Zwischenstufen bei der Umwandlung der genetischen Information in Eiweißmoleküle. So läßt sich etwa erkennen, ob das

Gen für einen krebsfördernden Faktor stärker als im gesunden Gewebe aktiviert ist. (*nsi*)

Reihentest wird nur erlaubt, wenn eine Therapie möglich ist

Regierung will genetische Reihenuntersuchungen streng regeln / Positive Bilanz eines Modellprojektes zum Hämochromatose-Screening

BERLIN (fst). Die Bundesregierung hält Reihen-Gentests, die gesetzliche Krankenkassen ihren Versicherten anbieten, für "grundsätzlich sinnvoll". Doch die Vorgaben für solche Reihenuntersuchungen müßten "exakt normiert" werden. Daß ein Reihen-Screening sinnvoll sein kann, hat unlängst der Modellversuch einer Krankenkasse gezeigt.

Dem Arbeitsentwurf für ein Gendiagnostik-Gesetz läßt sich entnehmen, wie die Regierung genetische Reihenuntersuchungen regeln möchte. In Paragraph 18 heißt es dort, Reihentests seien nur erlaubt, "wenn mit der Untersuchung geklärt werden soll, ob die betroffenen Personen genetische Eigenschaften mit Bedeutung für eine Krankheit oder gesundheitliche Störung haben, deren Ausbruch bei diesen Personen nach dem allgemein anerkannten Stand der medizinischen Wissenschaft und Technik vermeidbar ist oder die nach diesem Stand behandelbar ist".

Im Klartext: Nur wenn eine Therapieoption für die potentiellen Patienten vorhanden ist, kommt eine Reihentestung von Versicherten überhaupt in Frage. Zusätzlich schreibt der Gesetzentwurf vor, daß die neu einzurichtende Gendiagnostik-Kommission, die beim Robert-Koch-Institut angesiedelt werden soll, ein Reihen-Screening genehmigen muß.

Daß ein Reihentest sinnvoll sein kann, hat im Herbst vergangenen Jahres ein Modellvorhaben der Kaufmännischen Krankenkasse (KKH) gezeigt (wir berichteten). An dem Projekt nach Paragraph 63 Absatz 2 SGB V haben fast 4000 Versicherte freiwillig teilgenommen. 6000 Versicherte hatten sich zuvor Informationen von der KKH zusenden lassen.

Die 4000 Teilnehmer ließen testen, ob bei ihnen eine Disposition für die Eisenspeicherkrankheit Hämochromatose vorliegt. In Deutschland haben etwa 200 000 Menschen die Anlage für diese vererbte Stoffwechselerkrankung. Die Betroffenen können das mit der Nahrung aufgenommene Eisen nicht normal verwerten, so daß der Eisenspiegel im Blut auf eine zu hohe Konzentration steigt. Gesundheitliche Folgen einer nicht frühzeitig erkannten Hämochromatose können Schädigungen von Leber, Bauchspeicheldrüse, Herz oder der Nieren sein.

Nach Angaben der KKH wurden Blutproben von 4000 Versicherten beim Kooperationspartner des Modellprojekts, der Medizinischen Hochschule Hannover, untersucht. Bei 67 Teilnehmern fanden Ärzte den gesuchten Gendefekt. Für die Betroffenen reicht ein prophylaktischer Aderlaß viermal im Jahr aus, um Folgeschäden zu vermeiden.

Die von der MHH ermittelten Daten wurden nur den behandelnden Ärzten und - nach einer ausführlichen Beratung - den Versicherten mitgeteilt, nicht aber der Krankenkasse. Die direkten Testkosten pro Teilnehmer betragen zwischen elf bis 16 Euro. Insgesamt hat der Modellversuch die Krankenkasse nach eigenen Angaben 50 000 Euro gekostet.

Mit dem Modellvorhaben, sagte KKH-Vorstandschef Ingo Kailuweit anläßlich der Präsentation der Ergebnisse im vergangenen November, habe die Kasse "Fakten an die Stelle von Spekulationen über die Chancen und Gefahren von Gentests" gesetzt. Ob es sinnvoll ist, daß der Gesetzgeber den Gentest auf Hämochromatose in den Leistungskatalog der Gesetzlichen Krankenkassen aufnimmt, läßt sich aus Sicht der KKH gegenwärtig noch nicht sagen. Dazu müsse die Kasse zusammen mit der MHH die Ergebnisse des Modellversuchs weiter auswerten. Eine Untersuchung der etwa 65 Millionen Bundesbürger über 18 Jahre würde zwischen 400 bis 500 Millionen Euro kosten, hat die KKH errechnet.

Klar ist für Kailuweit, daß der Gesetzgeber endlich das seit 2002 angekündigte Gendiagnostik-Gesetz vorlegen muß, um Rechtssicherheit für Gentests zu schaffen. Seit Oktober 2004 liegt zwar ein Arbeitsentwurf des Ministeriums vor, doch ein Referentenentwurf ist noch nicht in Sicht.

Bei manchen monogenetischen Erkrankungen wie bei zystischer Fibrose verhilft ein Gen-Test zu einer frühzeitigen Therapie. Dies ist aber nur bei den wenigsten Erkrankungen der Fall. Dennoch sind Tests sinnvoll, wenn die Anamnese einen Verdacht liefert. Für genetische Reihenuntersuchungen soll es bald Regelungen geben.

DNA-Tests sind nur selten klinisch relevant

Praktische Konsequenzen bei monogenetischen Krankheiten hat ein Test etwa bei Dickdarmkrebs / Genetische Beratung unverzichtbar

BERLIN (gvg). Genetische Tests auf monogenetische Erkrankungen liefern eindeutige Resultate. Entweder das fragliche Gen ist verändert oder nicht. Einmal erhoben gilt das Ergebnis für den Rest des Lebens. Eine ganz andere Frage ist, ob dieses Wissen dem Betroffenen in irgendeiner Weise nutzt.

Also monogenetisch bezeichnet wird eine Erkrankung, die durch einen Defekt an einer ganz bestimmten Position im Erbgut verursacht wird. Anders als bei vielen genetisch mitverursachten Erkrankungen wie Adipositas oder arterielle Hypertonie ist die Zuordnung von Gen zu Erkrankung dabei eindeutig.

Es gibt dominante monogenetische Leiden wie die Chorea Huntington, bei der es für den Ausbruch der Erkrankung reicht, wenn eines von beiden Allelen eines Genorts verändert ist. Und es gibt rezessive Varianten, bei denen beide Allele betroffen sein müssen, etwa bei zystischer Fibrose.

Monogenetische Erkrankungen, für die es Tests gibt		
Krankheit	Häufigkeit	Erbgang
Farbenblindheit (mehrere Formen)	1:12 (Männer)	X-chromosomal
Morbus Alzheimer (mehrere familiäre Formen)	1:100	autosomal-dominant
Erblicher Brustkrebs	1:200 (Frauen)	autosomal-dominant
Erblicher nicht-polypöser Dickdarmkrebs	1:200	autosomal-dominant
Thrombophilie (Faktor-V-Mangel)	1:200	autosomal-dominant
Typ-1-Diabetes	1:400	autosomal-dominant
Familiäre Hypercholesterinämie	1:500	autosomal-dominant
Polyzystische Nierenerkrankung bei Erwachsenen	1:1000	autosomal-dominant
Fragiles-X-Syndrom	1:1250 (Männer) 1:2000 (Frauen)	X-chromosomal
Alpha-1-Anti-Trypsin-Mangel	1:2500 bis 1:10000	autosomal-rezessiv
Zystische Fibrose	1:2500	autosomal-rezessiv
Duchenne-Muskeldystrophie	1:3500 (Männer)	X-chromosomal
Neurofibromatose Typ 1	1:3500 bis 1:10000	autosomal-

		dominant
Familiäre Dickdarm-Polyposis	1:6000	autosomal-dominant
Hämophilie A	1:10000 (Männer)	X-chromosomal
Chorea Huntington	1:10000 bis 1:12000	autosomal-dominant
Phenylketonurie	1:10 000 bis 1:20000	autosomal-rezessiv
Quelle: Schmidtke, Vererbung und Ererbtes, rororo 2002, Tabelle: ÄRZTE ZEITUNG		
Auswahl aus bis zu 500 monogenetischen Erkrankungen, für die es Gen-Tests gibt. Familiäre Formen des Morbus Alzheimer und Brustkrebs sind dabei am häufigsten.		

Wieviele monogenetische Erkrankungen es gibt, kann nicht einmal der Vorsitzende der Deutschen Gesellschaft für Humangenetik, Professor Claus Bartram, sagen: "Es sind mehrere tausend, und etwa 400 bis 500 davon können wir testen", so der Heidelberger Humangenetiker im Gespräch mit der "Ärzte Zeitung". Weil es keine Meldepflicht für Gentests gebe, könne aber niemand seriös sagen, was genau am häufigsten getestet werde. An Bartrams Klinik in Heidelberg gehören die zystische Fibrose und die familiären Dickdarmkarzinome zu den Spitzenreitern.

Ein Standardverfahren für den genetischen Test auf eine monogenetische Erkrankung gibt es dabei nicht: Daß ganze Chromosomenabschnitte durchsequenziert werden müssen, kommt vor. In einfacheren Fällen gelingt es, bestimmte Genveränderungen anhand von Markern direkt nachzuweisen. "Entsprechend bewegen sich die Preise für derartige Tests zwischen 50 und 3000 Euro", so Bartram.

Einen Gentest um des Gentests willen lehnt der Humangenetiker strikt ab: "Bei einem gesunden Menschen mit genetisch unauffälliger Familienanamnese gibt es heute keine Indikation für einen genetischen Test". Anders sieht es aus, wenn in der Familie genetische Veränderungen bekannt oder zu vermuten sind.

Im besten Fall können Ärzte bei einem positiven Gentest prophylaktisch tätig werden und Schlimmeres verhüten. Das klappt etwa bei den familiären Formen des Dickdarmkrebses, wo Menschen mit dem entsprechenden Gen in regelmäßigen Abständen Koloskopien bekommen und in einem bestimmten Alter prophylaktisch operiert werden. Weil der Gentest unmittelbare Konsequenzen hat, wird er von praktisch jedem potentiell Betroffenen in Anspruch genommen. Auch bei zystischer Fibrose ermöglicht der frühe Gentest eine zügige Therapie.

Bei den meisten monogenetischen Erkrankungen hat ein positiver Test dagegen überhaupt keine medizinischen Folgen. Das zu vermitteln, ist die vielleicht wichtigste Aufgabe der genetischen Beratung. Beispiel Veitstanz: "Bei der Chorea Huntington entscheidet sich letztlich nur jeder fünfte potentiell Betroffene für den Gentest", weiß Bartram, der bei der Beratung auch die entscheidende Bedeutung eines Gendiagnostikgesetzes sieht: Im Moment könne jeder, der wolle, Gentests anbieten, auch ohne Beratung. Nicht einmal Arzt müsse er dazu sein.

Eine genetische Beratung ist auch deswegen unverzichtbar, weil die Interpretation eines Genbefunds auch bei monogenetischen Erkrankungen nicht immer einfach ist. So werden bei der zystischen Fibrose bestimmte Allele für ihre Träger nur in Verbindung mit anderen genetischen Merkmalen klinisch problematisch. Diese Zusammenhänge zu kennen und im Testergebnis zu erkennen, erfordert eine humangenetische Schulung.

Für den Freiburger Humangenetiker Professor Matthias Brandis hat das Wissen um monogenetische Erkrankungen noch eine weitere Dimension: Es hilft der medizinischen Forschung auch über die Humangenetik hinaus. So habe die Erforschung der monogenetisch vererbten Bartter-Syndrome letztlich zur Entwicklung neuer Diuretika geführt.

Gentests erhalten Patienten mit Bartter-Syndrom, eine Nierenerkrankung, die durch Frühgeburt, lebensbedrohlichen Salz- und Wasserverlust in den ersten Lebenswochen sowie durch Taubheit gekennzeichnet ist, heutzutage aber nicht, weil sich die Therapie dadurch nicht ändert.

Bei kongenitalen nephrotischen Syndromen kann das Wissen um einen Gendefekt dagegen hochinteressant sein, zum Beispiel um zu klären, ob ein steroidresistentes, idiopathisches nephrotisches Syndrom vorliegt. Dabei kommt es zu einem genetischen Defekt der Podozyten, die mit ihren Fußfortsätzen die Schlitzmembran der Niere bilden.

"Anders als bei anderen kongenitalen nephrotischen Syndromen kommt es bei dieser Form nicht zu Rezidiven nach einer Nierentransplantation", sagt Brandis. Diese Information kann für Kinder und Jugendliche, die ihre Zukunft planen, von erheblicher Bedeutung sein. Fazit: Auf den Einzelfall kommt es an.

Analyse der DNA von "Baby 81"

Abstammungsbegutachtungen mit DNA-Analysen werden auch durch die zunehmende Zahl von Massenkatastrophen immer wichtiger. So hat kürzlich das Schicksal eines als "Baby 81" bekannt gewordenen Säuglings Furore gemacht, der bei der Flutkatastrophe in Asien von seinen Eltern getrennt worden war.

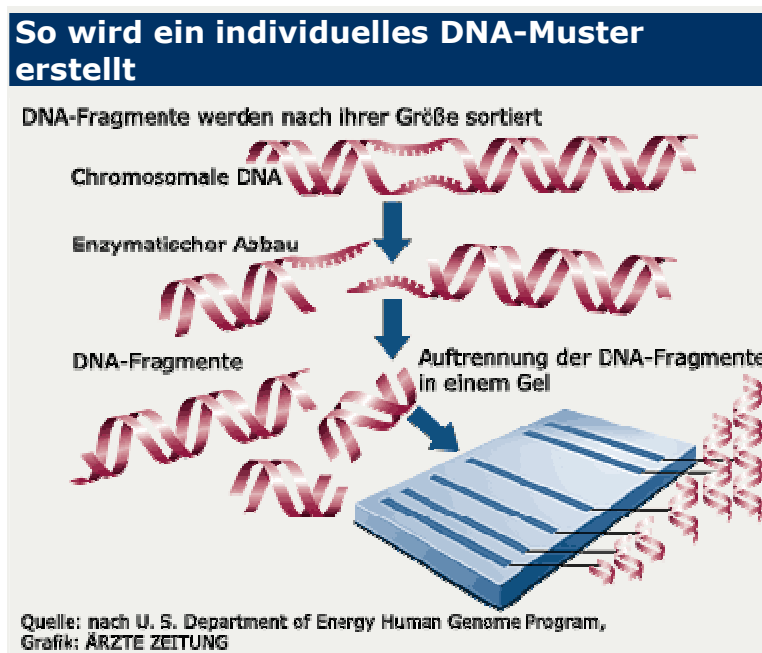
Die DNA-Analyse half, das Kind einem Ehepaar zurückzubringen, das beschuldigt wurde, den Säugling entführen zu wollen. Aufgegeben haben die Forensiker allerdings nach dreieinhalb Jahren den Versuch, weitere Opfer des Terroranschlags auf das World Trade Center in New York zu identifizieren. Von 2749 Toten konnten 1600 Opfer mit Hilfe von Gentests ihren Angehörigen zugeordnet werden. (

Infos aus DNA-Schnipseln

Die DNA-Analysen beruhen auf mehreren Nachweismethoden:

Bei den VNTR-Systemen (variable number of tandem repeats) wird DNA nach der Isolierung mit Enzymen zerstückelt. Diese Teilstücke werden der Länge nach durch Elektrophorese aufgetrennt, was ein für jeden Menschen charakteristisches Bandenmuster ergibt - daher der Name Restriktionsfragmentlängen-Polymorphismus (RFLP).

Bei den STRs - das sind kurze, sich mehrmals wiederholende DNA-Abschnitte (short tandem repeats), schließt sich an die Extraktion der Erbsubstanz eine Polymerasekettenreaktion an. Mit spezifischen Sonden werden die vorhandenen Allele nachgewiesen. Beide Methoden sind bereits standardisiert und als kommerzielle Tests erhältlich.



Mit einem Enzym zerstückelte DNA ergibt bei der Auftrennung der Schnipsel nach der Größe ein charakteristisches Bandenmuster in einem Gel.

Bei den VNTRs werden Abschnitte mit einer Länge von 20 000 DNA-Bausteinen oder mehr untersucht, bei den STRs sind es nur einige Hundert. Für die Abstammungsbegutachtung haben die VNTRs den Vorteil, daß die Zahl der Allele sehr hoch ist.

"Wir ziehen deshalb die RFLP-Systeme den STR-Systemen bei Defizienzgutachten vor, wenn also etwa die Mutter des Kindes nicht einbezogen oder der mutmaßliche Vater gestorben ist", so Professor Peter Schneider aus Köln.

Auch wenn zwei nahe verwandte Männer als Väter in Frage kämen, seien RFLP-Systeme aussagekräftiger. In bestimmten Konstellationen, etwa wenn Brüder als Väter in Frage kommen oder bei Halbgeschwistern, könnten Analysen der X- und Y-Chromosomen sinnvoll sein. (*nsi*)

Politiker und ihr Kreuz mit Kuckucks-Kindern

Justizministerin Brigitte Zypries will heimliche Tests verbieten / Parteien wollen Alternativen zur Vaterschaftsklage

BERLIN (fst). Am Freitag kommender Woche erreicht ein Streit die parlamentarische Bühne im Bundestag, der bis dahin vor Gericht und in Feuilletons ausgetragen wurde: Wann und unter welchen Umständen darf ein Mann die Abstammung eines Kindes klären lassen, dessen Vater er zu sein glaubt?

Für Bundesjustizministerin Brigitte Zypries (SPD) ist die Sache einfach: Hat ein Mann Zweifel an seiner Vaterschaft, "soll er mit seiner Frau darüber reden", sagte die Ministerin. Da dieses Vorgehen in den meisten Fällen nicht beziehungsfördernd ist, verlassen sich Väter in etwa 40 000 Fällen pro Jahr - zuverlässige Zahlen gibt es nicht - auf einen heimlichen Vaterschaftstest. Das soll nach Zypries' Plan künftig verboten sein.

In Paragraph 21 des geplanten Gendiagnostik-Gesetzes, der bislang nur als Arbeitsentwurf vorliegt, heißt es: Eine genetische Untersuchung zur Klärung der Abstammung darf nur vorgenommen werden, wenn das betroffene Kind, die Mutter und der Mann zugestimmt haben. Heimliche Tests sollen dann passé sein.

Wird dieser Passus Gesetz, dann "kommt dieser Zustimmungsvorbehalt einem Verbot privater Vaterschaftstests gleich", schreibt Valid, ein Verbund von Laboren, die sich auf Abstammungstests spezialisiert haben. Denn verweigert die Mutter die Zustimmung, dann bleibt betroffenen Vätern nur eine sogenannte Vaterschaftsanfechtungsklage nach Paragraph 1600 BGB - und deren Hürden sind hoch. Der Mann muß konkrete Gründe für seine Zweifel nennen. Da reicht es nicht, wenn der Knirps blaue statt braune Augen hat.

Hinzu kommt: Kürzlich entschied der Bundesgerichtshof, daß eine Anfechtungsklage sich nicht auf einen heimlich eingeholten DNA-Test stützen darf. Grund genug, die wenig praxisnahe Rechtslage neu zu ordnen. Am 10. März wird der Bundestag zunächst über einen Antrag der FDP beraten.

Die Liberalen plädieren für ein "niedrigschwelligeres Verfahren", um die Vaterschaft eines Mannes festzustellen. Dazu soll es nicht mehr einer Anfechtungsklage bedürfen. Die "Anforderungen an die Glaubhaftmachung eines Zweifels" beim Vater sollen niedriger angesetzt werden als bisher - über Details schweigt sich die FDP aus.

Nach Ansicht von Norbert Röttgen, rechtspolitischer Sprecher der Unionsfraktion, "widerspricht es einem Rechtsstaat, ein gesellschaftliches Problem sich quasi selbst zu überlassen". Aktiv geworden ist bislang aber nur die bayerische Landesregierung. Landesjustizministerin Beate Merk (CSU) hat eine Gesetzesinitiative im Bundesrat angekündigt, um Vaterschaftstests zu legalisieren. Danach soll der Vater künftig einen Rechtsanspruch haben, einen solchen Test machen zu lassen. Die Mutter muß dabei informiert werden.

Justizministerin Zypries will am Verbot heimlicher Tests festhalten, denkt aber angesichts der Kritik über ein "Verfahren nach, in dem man eine Vaterschaft nicht anfechten, sondern feststellen lassen kann". Die Bundestagsdebatte am 10. März wäre eine Gelegenheit, Details einer solchen Regelung vorzustellen.

**Lesen Sie dazu auch:
Abstammungsgutachten sind kein Kinderspiel**

STICHWORT

BGH-Urteil

Der Bundesgerichtshof hat am 12. Januar entschieden, daß die Untersuchung des genetischen Materials eines anderen Menschen ohne Zustimmung gegen das Grundrecht auf informationelle Selbstbestimmung verstößt und rechtswidrig ist. Eine heimliche DNA-Analyse darf in einem Zivilprozeß nicht bei einer Vaterschaftsklage verwertet werden. Stattdessen muß der Kläger "konkrete Umstände" vortragen, die geeignet sind, Zweifel an seiner Vaterschaft zu wecken (Az. XII ZR 60/03; XII ZR 227/03).

Das Interesse an Vaterschaftstests ist ungebrochen. Doch DNA-Tests zur Klärung der Abstammung haben vor Gericht nur dann Bestand, wenn sie von approbierten Ärzten oder Humangenetikern gemacht worden sind. Gestritten wird jetzt auf parlamentarischer Ebene, ob vermeintliche Väter heimlich Tests machen dürfen.

Abstammungsgutachten sind kein Kinderspiel

Gutachten per Biochip sind keine Fiktion mehr / Untersuchungsmaterial sind Blutproben und nur ausnahmsweise Abstriche der Mundschleimhaut

Von Nicola Siegmund-Schultze

Jährlich stellen sich in etwa 50 000 deutschen Familien elementare Fragen nach der Herkunft: Wer ist der Vater eines Kindes? Sind Tochter und Sohn Voll- oder Halbgeschwister? Der Trend zur Abstammungsbegutachtung ist ungebrochen, die Zahl der in Auftrag gegebenen Gutachten steigt.

Gut für private Labore, die außer den forensischen Instituten der Hochschulen die Analysen anbieten und dafür auf öffentlichen Plätzen, in Anzeigen oder im Internet werben. Und weil sich heute schon die Erbsubstanz in einer Speichelprobe untersuchen läßt, boomt der Markt der heimlichen Vaterschaftstests: Kaugummis werden eingesammelt, Zahnbürsten sichergestellt, Kindergeschirr verschwindet.

Oberstes Gebot: die Identität der Probanden sicherzustellen

Die derzeit intensive politische Diskussion über Vaterschaftstests wird in neue rechtliche Regelungen münden. Abgesehen von der gesellschaftlichen Frage aber, welches Recht auf Wissen oder Nichtwissen jedes Familienmitglied haben sollte, geht es auch um Qualität. Abstammungsbegutachtungen sind kein Kinderspiel. Es können sich jede Menge Fehler einschleichen, wenn nicht die notwendigen Qualitätsstandards eingehalten werden.

Vaterschaftsgutachten, die auch vor Gericht Bestand haben sollen, werden von approbierten Ärzten oder Humangenetikern mit nachgewiesener Qualifikation gemacht, und zwar auf Basis von Richtlinien der Bundesärztekammer zur Erstattung von Abstammungsgutachten aus dem Jahre 2002.

Als Untersuchungsmaterial dienen Blutproben, nur in Ausnahmefällen Abstriche von der Mundschleimhaut, zum Beispiel bei Kindern. Die Identität der Probanden sicherzustellen und zu dokumentieren, ist oberstes Gebot und zuverlässig nur durch den Untersucher selbst möglich. Private Labors, die sich Proben zuschicken lassen, können das Sammeln und damit die Qualität der Proben nicht kontrollieren.

Blut wird auf Merkmalsunterschiede (Polymorphismen) in vier Kategorien analysiert:

- Restriktionslängenpolymorphismen (VLNTR-Systeme) in DNA-Bereichen ohne Bauplan für Eiweiße,
- Mikrosatelliten-Polymorphismen (STR-Systeme) ebenfalls aus nicht kodierenden Genom-Abschnitten,
- HLA-Systeme sowie
- Kombinationen aus Membranbestandteilen der Erythrozyten, Erythrozyten-Enzymen und Serumproteinen.

Diese vier Systemkategorien lassen sich entweder allein oder in Kombination miteinander verwenden. Die Arbeitsgemeinschaft der Sachverständigen für Abstammungsbegutachtung empfiehlt, wenigstens zwei davon zu untersuchen. Denn es kann immer mal in einer dieser Kategorien ein systematischer Fehler auftreten, der dann alle Systeme dieser Kategorie betrifft.

"Das ist eine Kostenfrage", sagt Professor Peter M. Schneider vom Institut für Rechtsmedizin der Universität Köln. Eine zweite Kategorie schaffe mehr Sicherheit, mache das Gutachten aber um etwa 50 Prozent teurer. In nicht lege artis gewonnenen Proben ist die Zahl der untersuchbaren Kategorien häufig eingeschränkt.

Nach den Richtlinien der Bundesärztekammer sollten mindestens zwölf voneinander unabhängige Merkmale mit bekannten Mutationsraten im Genom untersucht werden, die sich auf mindestens zehn verschiedenen Chromosomen befinden.

"Wenn wir Zwei-Personen-Gutachten erstellen müssen, also zum Beispiel Untersuchungsmaterial nur vom Kind und von einem Elternteil vorliegt, sollte die Zahl der Genorte auf 16 erweitert werden", sagt Schneider. Ziel der Untersuchungen ist, einen möglichst hohen AVACH-Wert zu erreichen, das ist die "Allgemeine Vaterschaftsausschlußchance".

Der AVACH-Wert gibt die Wahrscheinlichkeit an, mit der ein mit dem Kind nicht verwandter Mann als Vater ausgeschlossen werden kann, und sollte 99,73 Prozent oder mehr betragen. Um auf Grundlage eines Zwei-Personen-Gutachtens - etwa Vater und Sohn - die Vaterschaft des untersuchten Mannes in Zweifel zu ziehen, müssen in mindestens drei Genorten keine gemeinsamen Merkmale zu finden sein.

Künftig dürften die Verfahren weiter automatisiert werden und damit schneller und preiswerter. Auch ein Schnelltest auf Blutsverwandtschaft mit Chips ist heute keine Fiktion mehr. Die ethischen Fragen dürften künftig die rein wissenschaftlichen in den Hintergrund drängen.

Potential der Tests darf den Blick auf Patienten nicht einengen

Derzeit ist nicht abzusehen, welche Konsequenzen die Pharmakogenomik für den Alltag von Ärzten haben wird / Einfluß auf Studien-Design

Im Zusammenhang mit der pharmakogenetischen Forschung taucht das Schlagwort "Individualisierte Therapie" häufig auf. Der Begriff suggeriert, Ärzte könnten mit Hilfe entsprechender Tests nun sicher die richtige Medizin für den richtigen Patienten in der richtigen Dosis verschreiben. "Diese Meinung ist zu unkritisch", sagt Privatdozent Dr. Günter Feuerstein vom Institut für Gesellschaft und Umwelt an der Universität Hamburg.

**Noch fehlen
prospektive Studien**

Zum einen dürften Ärzte den Blick auf Patienten nicht auf eine rein naturwissenschaftlich-technische Sicht einengen.

mit pharmakogenomischen Biochips.

Zum anderen weisen Feuerstein und seine Kollegen darauf hin, daß auch die Pharmakogenomik eine Klassifikation der Patienten anhand statistischer Wahrscheinlichkeiten vornimmt und damit nicht individuell im engeren Sinne sein kann. So läßt sich für einen Patienten künftig statt mit 30prozentiger vielleicht mit 50prozentiger Sicherheit vorhersagen, ob er auf eine Therapie ansprechen wird oder nicht.

Praktisch problematisch können pharmakogenomische Tests dann werden, wenn Patienten aufgrund des Ergebnisses eine bestimmte Therapie vorenthalten werden soll. Denn in der Biologie ist schließlich nichts schwarz-weiß.

So läßt sich zum Beispiel nicht ausschließen, daß Frauen mit Brustkrebs auf eine Behandlung mit Herceptin ansprechen, obwohl der Test auf ein übermäßig aktives Her-2 / neu-Gen negativ ausgefallen ist. Bei der Wahl der Behandlung gelte es aber auch, psychische, soziale und biografische Faktoren im Blick zu behalten, mahnt Feuerstein.

Welche Konsequenzen die Pharmakogenomik für den Alltag von Ärzten und ihrer Patienten haben wird, läßt sich derzeit noch gar nicht absehen. Zum einen ist bislang noch nicht in prospektiven Studien belegt, daß pharmakogenomische Genchips tatsächlich den Behandlungserfolg verbessern.

So verlangte die US-amerikanische Zulassungsbehörde FDA vor der Zulassung des AmpliChip® CYP450 eine prospektive Untersuchung, die den klinischen Nutzen nachweisen sollte. Schließlich sind Dosisanpassungen auch auf andere Weise möglich, zum Beispiel durch Konzentrationsmessungen von Medikamenten im Blut.

Auf einer Tagung der Human Genome Organization in Berlin fragten sich zudem viele Teilnehmer, welche Interessen Unternehmen an der Entwicklung solcher Genchips haben, denn das Ergebnis kann auch größere Gruppen von Patienten von einer Behandlung mit Medikamenten ausschließen.

Eine Motivation dürfte sein, in der frühen klinischen Arzneimittelprüfung Genvarianten aufzuspüren, die mit einem hohen Risiko für unerwünschte Wirkungen assoziiert sind. Probanden mit ungünstigen Allelen könnten dann von der Studie ausgeschlossen werden, was unter Umständen günstiger sein könnte, als die Studie abbrechen zu müssen.

Daraus ergibt sich allerdings die Frage, wie der Umgang mit solchen in Studien gewonnenen pharmakogenetischen Daten zu regulieren ist. Denkbar sei zum Beispiel, daß Probanden mit günstiger Genkonstellation etwas häufiger unter die Patienten in der Verumgruppe gemischt würden, so Professor Florian Holsboer vom Max-Planck-Institut für Psychiatrie in München-Martinsried in der FAZ-Sonntagszeitung "FAS" (15, 2004, 65).

Noch gibt es dazu weder in den USA noch in Europa Regelungen. Lediglich eine Arbeitsgruppe der European Agency for the Evaluation of Medical Products (EMA) in London und des Bundesinstituts für Arzneimittel (BfArM) und Medizinprodukte in Berlin beschäftigt sich mit diesen Fragen.

Diskutiert wird außerdem, wer denn prospektive Studien zur Anwendung von pharmakogenomischen Testverfahren finanzieren soll. Denn schließlich würden nicht nur die Genchip-Hersteller profitieren, die Krankenkassen könnten auch viel Geld sparen, wenn unnötige Behandlungen wegfiele und kostspielige, unerwünschte Medikamentenwirkungen verringert würden.

Und schließlich ist die Frage, ob künftig EMA oder BfArM vor der Aufgabe stehen könnten, bestimmte Arzneien nur noch in Kombination mit einem Gentest zuzulassen. (nsi)

Die Möglichkeit, das Ansprechen und die Verträglichkeit von Medikamenten mit Gen-Tests vorhersagen zu können, kann in wenigen Jahren zur Routine werden. Mit einem Gen-Chip ist der Anfang gemacht. Doch sind noch einige Hürden zu überwinden. Zudem sind noch nicht alle Konsequenzen für den Alltag überschaubar.

DNA-Chips sollen helfen, die Therapie zu optimieren

Mit Gen-Tests wird künftig geprüft, wie gut Medikamente verstoffwechselt werden / Verbesserung der Compliance erhofft



Überprüfung eines Chip Wafers, einer dünnen Halbleiterplatte, bei der Produktion von Chips für die Diagnostik. Foto: Bayer AG

Von Nicola Siegmund-Schultze

Es ist die Alltagserfahrung jeden Arztes: Dem einen Patienten hilft ein blutdrucksenkendes Medikament gut, dem anderen weniger, ein dritter erreicht zwar die Zielwerte, klagt über erhebliche unerwünschte Wirkungen.

Eine Ursache für die Unterschiede von Wirksamkeit und Verträglichkeit von Medikamenten bei Patienten liegt in der Erbsubstanz: Menschen haben ein Sammelsurium genetischer Varianten für Enzyme, die am Metabolismus von Arzneimitteln mitwirken oder am Transport der Substanzen beteiligt sind.

Seit Jahren wird an Genchips gearbeitet, die über den Nachweis von Allelen medikamentenrelevanter Gene Ansprechen und Verträglichkeit von Arzneien individuell besser vorhersagbar machen sollen. Noch gibt es jede Menge Probleme zu lösen, bis solche Tests in großem Umfang für die Routinediagnostik verfügbar sind. Aber die Zukunft hat schon begonnen.

Ein Beispiel für die Anwendung solcher Tests ist die Therapie von Patienten mit Magen-Darm-Ulzera mit Protonenpumpenhemmern: Bei Menschen mit einer Defizienz des Enzyms CYP2C19 ist die Erfolgsrate höher als bei Personen, die das Arzneimittel rasch abbauen.

Darin sind auch ethnisch bedingte Unterschiede in den Ansprechraten auf Protonenpumpenhemmer begründet: 15 bis 20 Prozent der Chinesen sind homozygote Träger einer CYP2C19-Defizienz, aber nur zwei Prozent der Weißen. Bei den meisten Weißen (76 Prozent) hat CYP2C19 eine hohe Aktivität, das heißt, sie benötigen höhere Dosen einer Substanz, um ausreichende Wirkspiegel zu erzielen.

Zu den Substraten des Enzyms CYP2D6 gehören Betablocker, Antidepressiva und Neuroleptika, Opiode, aber auch Tamoxifen und Antiarrhythmika.. Sieben Prozent der Weißen haben genetische Variationen mit sehr niedriger Aktivität dieses Enzyms, bei 15 Prozent ist die Aktivität intermediär, 75 Prozent haben eine normale und drei Prozent eine sehr hohe Aktivität.

"Es gibt erste Vorschläge, wie die Dosierungen von antidepressiv wirkenden Substanzen dem Genotyp entsprechend angepaßt werden können", sagt Professor Ivar Roots von der Charité in Berlin: Ein Patient mit CYP2D6-Defizienz benötige danach nur 28 Prozent der Standarddosis, ein Patient mit intermediärer Aktivität etwa 80 Prozent der Standarddosis und ein Patient mit sehr hoher CYP2D6-Aktivität 182 Prozent.

"Mit pharmakogenomischen Tests wie diesem könnten Therapien künftig nicht nur besser meßbar und vorhersagbar gemacht werden, sie würden auch sicherer und kosteneffektiver", meint Roots.

Außerdem lässt sich möglicherweise die Compliance mit pharmakogenomischen Chips als eine neue Form der personalisierten Medizin verbessern.

Aber auch viele andere Unternehmen forschen an Genchips für die Pharmakogenomik. So haben im Jahr 2002 das Unternehmen GlaxoSmithKline, das Max-Planck-Institut für Psychiatrie und das Max-Planck-Institut für Biochemie in München ein gemeinsames Genetics Research Centre in München gegründet. Ein Schwerpunkt ist die pharmakogenetische Forschung.

Eine weitere Erkrankung, bei der Genchips für eine Optimierung der Behandlung eingesetzt werden könnten, ist Asthma. Ein Drittel der Patienten hat eine bestimmte Variante des β -2-adrenergen Rezeptor-Gens, das sie vergleichsweise unempfindlich macht gegen Bronchodilatoren. Patienten mit dieser Gen-Variante könnten sich künftig mit einem Genchip identifizieren lassen.

Erster Genchip auf dem Markt

Seit Dezember vergangenen Jahres ist, wie berichtet, ein Genchip - AmpliChip CYP450 von Roche Diagnostics - mit einer CE-Kennzeichnung auf dem Markt, mit dem sich 33 Varianten von Genen des Cytochrom-450-Systems nachweisen lassen - der Enzyme CYP2D6 und CYP2C19.

Die Gene sind an der Verstoffwechslung von etwa einem Viertel aller Arzneimittel beteiligt: Antidepressiva, Psychopharmaka, Antiarrhythmika, Schmerzmittel, Antiemetika und Betablocker.

"Ist die Aktivität der Enzyme reduziert, sind bei unveränderter Dosis erhöhte Wirkstoffspiegel zu erwarten", so Prof. Ivar Roots von der Charité in Berlin: "Die Substanz wirkt besser oder die unerwünschten Effekte sind erhöht." (*nsi*)



Mit dem Genchip AmpliChip CYP450 lassen sich 33 Genvarianten nachweisen. Foto: Roche Diagnostics

Biobanken sollen sicher sein wie Fort Knox

Bundesregierung plant erstmals umfassende Regelung von Biobanken / Kassen und Industrie machen Druck

BERLIN (hak/fst). Krankenkassen und Diagnostik-Industrie drängen auf klare gesetzliche Regelungen im Umgang mit Gentests. Doch bislang liegt nur ein politisch nicht abgestimmter Diskussionsentwurf für ein Gendiagnostik-Gesetz vor.

Vorgeprescht war im vergangenen Jahr als erste Kasse die Kaufmännische Krankenkasse (KKH). 4000 KKH-Versicherte hatten sich freiwillig in einem Modellversuch auf eine Disposition für Hämochromatose (Eisenspeicherkrankheit) untersuchen lassen. Unabdingbar für Gentest-Screenings hält KKH-Chef Ingo Kailuweit strikte Kriterien: Getestet werden sollten nur Volljährige, die sich freiwillig für diese Art der Diagnostik entscheiden.

Zugelassen sein sollten Gentests nur für solche Indikationen, bei denen der Ausbruch einer Krankheit durch präventive Therapie verhindert werden kann. Schließlich sollte das Diskriminierungsverbot gelten: Die Test-Informationen dürfen nicht weitergegeben werden. Getestete Personen müssen anonym bleiben.

Ob auch andere Früherkennungstests breitere Anwendung finden sollten, will der Verband der Diagnostica-Industrie (VDGH) prüfen. VDGH-Vorsitzender Dr. Volker Oeding will zumindest in

Modellvorhaben moderne Labortests Versicherten zugänglich machen. "Bei Erfolg können diese Test dann flächendeckend eingesetzt werden", sagte Oeding in Berlin.

Unverzichtbar für den flächendeckenden Einsatz sind klare gesetzliche Regelungen zum Schutz von Gendaten. Dies ist einer der Schwerpunkte im geplanten Gendiagnostik-Gesetz der Bundesregierung: Dort sollen erstmals umfassende Vorgaben für Biobanken getroffen werden, in denen genetische Daten vieler Menschen gespeichert werden.

Das Besondere an Biobanken ist, daß dort genetische Daten mit Krankheitsdaten oder demographischen Daten verbunden werden können. Die umfangreichsten Banken dieser Art wurden bislang außerhalb Deutschlands aufgebaut. So wird zum Beispiel in Island und Estland versucht, flächendeckend genetische Daten eines Großteils der Bevölkerung zu erfassen.

In Deutschland muß es für Biobanken daher strengere Regelungen geben als für andere medizinische Datensätze, fordert die Hamburger Wissenschaftlerin Dr. Ingrid Schneider. Werden Blut- oder Gewebeprobe einer Person in einer Biobank gespeichert, so muß der Spender die ursprüngliche Zustimmung zur Speicherung widerrufen oder zeitlich befristet können, verlangt Schneider.

Dies geschieht in Paragraph 15 des geplanten Gendiagnostik-Gesetzes. Dort wird gefordert, daß genetische Proben nur für die Zwecke, für die sie ursprünglich gewonnen wurden, aufbewahrt und verwendet werden dürfen. Soll die Probe anderen Zwecken dienen, dann muß die Person, von der die Probe stammt, informiert werden und erneut zustimmen.

Es wird schwer sein, für die bestehenden medizinischen Datenbanken derartige Modelle dieses sogenannten "informed consent" nachträglich zu entwickeln. Damit nicht ungeregelte neue Gendaten gespeichert werden, will die Regierung strenge Vorschriften für viele Anwendungsbereiche erlassen. So dürfen zum Beispiel Versicherungen vor und nach Abschluß eines Vertrags keinen Gentest verlangen, wenn die Versicherungssumme unter 250 000 Euro liegt.

Bestimmen Gen-Tests künftig den Speiseplan?

Nutrigenomik-Forscher wollen DNA-Test nutzen, um die Ernährung auf individuelle Gen-Konstellationen abzustimmen / Letzte Folge der Serie



DNA der Mundschleimhaut wird nicht nur für den genetischen Fingerabdruck analysiert, sondern auch, um die Wechselwirkung von Genen und Nahrungsbestandteilen abschätzen zu können. Foto: dpa

Von Philipp Grätzel von Grätz

BERLIN. Die Beschäftigung mit Genen hat bekanntlich zu vielen neuen Disziplinen geführt, die alle auf -omics enden. Zu Genomics, Proteomics, Transcriptomics und Pharmacogenomics gesellt sich jetzt die Nutrigenomics (Nutrigenomik). Das Konzept: Menschen sollen durch eine auf die individuellen Gene maßgeschneiderte Ernährung vor Krankheiten geschützt werden.

Zugegeben: Die Sache klingt ein wenig esoterisch. Nutrigenomiker sind im Moment sicher nicht die Speerspitzen der Gen-Test-Bewegung. Es gibt sie dennoch, und wer will, kann sich bereits heute

nach einem gezielten Gentest ein durch eine "Speisekarte" ergänztes Genprofil kommerziell erstellen lassen.

Wer an die Firma Genelex in Seattle im Staat Washington 395 Dollar überweist, erhält ein Test-Kit für einen Wangenabstrich sowie einen Lifestyle-Fragebogen zum Ausfüllen. Beides wird an das Unternehmen zurückgesandt. Dort untersuchen Wissenschaftler den Wangenabstrich auf zur Zeit 19 Gene und erstellen daraus einen 35seitigen Bericht. Geordert werden kann online.

Das Unternehmen Sciona in Boulder in Colorado, an der auch die BASF mit Venture-Kapital beteiligt ist, macht es dezenter und verlangt die Konsultation eines kooperierenden Arztes. Der zuständige Arzt für einen Kunden aus Berlin sitzt in Griechenland, doch der Sciona-Mitarbeiter am Telefon kann beruhigen: "Sie müssen da nicht persönlich hin. Senden Sie mir eine E-Mail mit Ihrer Adresse. Alles Nötige schickt Ihnen der Arzt dann per Post."

Die Nutrigenomik als Geschäftemacherei dubioser Unternehmen abzuqualifizieren, griffe freilich entschieden zu kurz. Wie die Pharmakogenomik, bei der es um eine Individualisierung der medikamentösen Therapie geht, ist auch die Nutrigenomik eine seriöse Disziplin. Nutrigenomische Projekte werden in Deutschland zum Beispiel vom Forschungsministerium gefördert.

Nutrigenomiker untersuchen Gene, um herauszufinden, wer von bestimmten Nahrungsmitteln oder Nährstoffen besonders profitiert und von anderen lieber die Finger lassen sollte, um gesund zu bleiben. Wissenschaftlich gesprochen geht es also um die Wechselwirkung zwischen Genen und Nahrungsbestandteilen.

Eines der am besten beschriebenen Beispiele dafür ist das Gen für die Methylentetrahydrofolatreduktase (MTHFR), ein Enzym im Folsäurestoffwechsel. Etwa zehn Prozent der Europäer haben an einer ganz bestimmten Stelle dieses Gens den Baustein Thymin anstelle von Cytosin. Sind beide Allele betroffen, kommt es besonders dann zu einer Hyperhomocysteinämie, wenn wenig Folsäure aufgenommen wird. Eine Hyperhomocysteinämie gilt als Risikofaktor für Herz-Kreislauf-Erkrankungen, so daß die Empfehlung zur vermehrten Aufnahme von Folsäure bei Menschen mit einem homozygot-mutierten MTHFR-Gen medizinisch relevant sein könnte.

Ähnliche Daten gibt es für den Zusammenhang zwischen HDL-Cholesterin-Gehalt im Blut und dem Gen für das Fettstoffwechseleiweiß Apolipoprotein A1. Menschen mit bestimmten Polymorphismen in diesem Gen, also mit Genvarianten, scheinen überdurchschnittlich von einer Diät zu profitieren, die reich ist an ungesättigten Fettsäuren. Auch hier könnte eine entsprechende Ernährungsempfehlung medizinisch sinnvoll sein. Was fehlt, sind prospektive Studien, die belegen würden, daß Menschen, die die Ernährungsempfehlungen umsetzen, weniger krank sind oder länger leben.

Wer sich den beispielhaften Bericht von Genelex im Internet ansieht, wird noch etwas feststellen: Die Empfehlungen decken sich weitgehend mit dem, was ernährungsmedizinisch interessierte Ärzte ohnehin empfehlen, unabhängig vom Genotyp. Das muß nicht so bleiben.

Wenn Nutrigenomiker zeigen können, daß bestimmte Nährstoffe bei bestimmten Genkonstellationen schädlich sind, oder wenn sie bei bestimmten Genkonstellationen Nahrungsempfehlungen geben können, die mehr sind als nur Modifikationen des gängigen Verständnisses von gesunder Ernährung, dann werden auch nutrigenomische Gen-Tests für die Medizin interessant.

