

Zeitschrift: Familienforschung Schweiz : Jahrbuch = Généalogie suisse : annuaire
= Genealogia svizzera : annuario

Herausgeber: Schweizerische Gesellschaft für Familienforschung

Band: 46 (2019)

Artikel: Wer ist mein Vater?

Autor: Streif, Hannes

DOI: <https://doi.org/10.5169/seals-882658>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. [Mehr erfahren](#)

Conditions d'utilisation

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. [En savoir plus](#)

Terms of use

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. [Find out more](#)

Download PDF: 10.08.2025

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, <https://www.e-periodica.ch>

Wer ist mein Vater?

Hannes Streif

Résumé

Si le géniteur est inconnu, seule la génétique peut aider. Cependant, la recherche génétique ne suffit pas à elle seule à trouver l'aiguille dans une botte de foin. Sur la base d'un cas concret, cet article démontre comment un géniteur anonyme peut être identifié. Il devient rapidement clair que cette recherche ne peut pas se faire sans généalogie classique. On sous-estime souvent quel rôle central la généalogie génétique joue. La parenté génétique est le fil rouge de cette recherche. Cependant, celui qui fait les recherches doit savoir avec quels parents il a à faire. Cet article dévoile les mystères de la généalogie génétique. Il montre ce que nos proches savent génétiquement sur nous et il montre qu'il n'est pas nécessaire que les membres de notre famille soient apparentés entre eux. Après la lecture de cet article, le lecteur est essentiellement capable d'interpréter les résultats d'analyses d'ADN généalogiquement et il sait comment les banques de données sur internet fonctionnent. Les pièges juridiques liés à l'utilisation de ces nouvelles offres sont également mis en évidence. En passant, le lecteur apprend comment une des plus grandes affaires criminelles de l'histoire américaine a été résolue.

Zusammenfassung

Wenn der Erzeuger unbekannt ist, hilft nur noch die Genetik. Mit genetischen Recherchen allein lässt sich die Nadel im Heuhaufen allerdings nicht finden. Dieser Beitrag zeigt anhand eines konkreten Falles auf, wie ein anonym erzeuger identifiziert werden kann. Dass es bei dieser Suche nicht ohne klassische Genealogie geht, wird rasch klar. Welche zentrale Rolle aber die genetische Genealogie spielt, wird oft unterschätzt. Die genetischen Verwandten bilden bei dieser Suche Leitplanken und roter Faden zugleich: Der Suchende muss allerdings wissen, mit was für Verwandten er es zu tun hat. Dieser Beitrag enthüllt die Mysterien genetischer Genealogie. Er zeigt auf, was unsere Verwandten genetisch über uns wissen und dass Verwandte durchaus nicht miteinander verwandt sein müssen. Nach der Lektüre dieses Artikels ist der Leser im Grundsatz befähigt, Ergebnisse von DNA-Analysen genealogisch zu interpretieren und

weiss, wie die entsprechenden Datenbanken im Internet funktionieren. Juristische Fallstricke im Zusammenhang mit dem Gebrauch dieser neuen Angebote werden ebenfalls beleuchtet. Nebenbei erfährt der Leser, wie einer der grössten Kriminalfälle der US-amerikanischen Geschichte aufgelöst worden ist.

Wie die Jungfrau zum Kind kam

Der Verfasser dieses Beitrags sandte vor nicht allzu langer Zeit seine Speichelprobe an ein in den USA domiziliertes Unternehmen. Er erhoffte sich aus deren Analyse Informationen darüber, aus welchen Regionen seine DNA stammt, in welchen Teilen der Erde seine Verwandten leben und ob in seinen Genen angelegte Gesundheitsrisiken in ihm schlummern. Was er in jener Datenbank fand, waren zwei Halbgeschwister. Da er bis dahin angenommen hatte, ein Einzelkind zu sein, erschütterte ihn dieser Fund. Kurz darauf wurde ein gut gehütetes Familiengeheimnis gelüftet: Er ist das Kind eines anonymen Samenspenders. Und bei den in den DNA-Datenbanken gefundenen Halbgeschwistern muss es sich um weitere Nachkommen dieses Spenders handeln. Die «Urheberschaft» der Spenden: Die Frauenklinik des Berner Universitätsspitals, damals neben den Universitätsspitalern Basel und St. Gallen eine der führenden Schweizer Inseminationskliniken. Studenten und Assistenzärzte wurden in der 1970er- und 80er-Jahren reihenweise als Spender angeworben, wobei man ihnen Anonymität garantierte. Durchschnittlich behandelten die Berner Mediziner neun Frauen täglich mit Gemischen von Samen jeweils dreier Spender. An der Universitätsklinik Basel habe es in den 1970er und 80er Jahren für viele Ärzte zu einer Art Ritual gehört, vor Betreten des Operationssaals dem hausinternen Fortpflanzungsprogramm zu huldigen. Die Kliniken taten alles in ihrer Macht Stehende, um die Identität der Spender zu verschleiern. Darüber hinaus wurde den werdenden Eltern empfohlen, die Tatsache der Insemination geheim zu halten. Auch heute dürfte eine Minderheit der Tausenden so gezeugten Kinder nicht über die Umstände ihrer Entstehung informiert sein.

Die Spuren zu den Spendern, die so penibel verwischt wurden, könnten heute mittels populärer DNA-Tests rekonstruiert werden. Auf die Mitarbeit der Spender mit ihrem zumeist fortwährenden Wunsch nach Anonymität kommt es bei dieser Suche gar nicht an. Es sind die biologischen Verwandten der Spender, die durch ihre Präsenz in DNA-Datenbanken die Identität preisgeben können.

Die Problemstellung: DNA bekannt, Spurengeräte gesucht

Die Suche nach einem Unbekannten unter Zuhilfenahme seiner DNA lässt sich illustrieren (ohne hiermit die Hintergründe in irgend einer Weise vermischen zu wollen) anhand der Suche nach dem sogenannten «Golden State Killer», einem Serientäter, der in Kalifornien zwischen 1976 und 1986 diverse Morde und Vergewaltigungen begangen hatte und 2018 mittels genetisch-genealogischer Recherche gefasst wurde¹. War die forensische DNA-Analyse zur Tatzeit noch in den Anfängen, gelang es 2001, die DNA des Täters anhand der sichergestellten Beweismittel zu identifizieren. Die Ermittler durchsuchten zunächst erfolglos alle staatlichen Datenbanken von Kriminellen oder polizeibekanntem Personen. Der entscheidende Fortschritt bei den Ermittlungen gelang erst, als die Ermittler eine *öffentliche* Genealogie-Datenbank durchsuchten. In öffentlichen DNA-Datenbanken können Interessierte Informationen zu ihrer Abstammung und ihren verwandtschaftlichen Beziehungen erhalten, indem sie ihre eigene DNA in die Datenbank einspeisen und mit anderen Datensätzen abgleichen. In einer solchen Datenbank speicherten die Ermittler die DNA des Täters und fanden dutzende seiner genetischen Cousins und Cousinen, mit diesem etwa im dritten oder vierten Grad verwandt. Ausgehend von erwiesenermassen genetisch Verwandten liess sich mittels klassischer Genealogie die erweiterte Familie des Täters ermitteln. Die Ermittler sahen sich mit einem grossen Stammbaum konfrontiert, den es für die Suche einzugrenzen galt. Die Identifizierung von Verdächtigen geschah durch Verwertung kriminalistischer Erkenntnisse oder Vermutungen: Geschlecht, Alter, Aufenthaltsort, Erbgutsinformationen (Annahmen z.B. zu Haut-, Haar- und Augenfarbe, gewonnen aus der DNA) und weitere Indizien. Nach diesem Profiling-Filter blieben nur noch wenige Personen in jenem Stammbaum als mögliche Täter. Letztlich war es der Abfallsack eines der Verdächtigen, aus welchem die Ermittler im Jahr 2018 seine DNA gewannen – die mittlerweile fast 40 Jahre alte DNA stimmte mit jener des Täters zu 100% überein. Es gibt wohl keinen anderen Verbrecher, der über einen noch besser recherchierten, genetisch verifizierten Stammbaum verfügt. Aus juristischer Sicht wird es immer dann problematisch, wenn jemand seine DNA zu genealogischen Zwecken ins Netz stellt und damit den Strafverfolgungsbehörden den entscheidenden Hinweis auf einen Täter liefert, weil er mit diesem nahe verwandt ist. Denn niemand muss seine engen Verwandten belasten, schon gar nicht unwissentlich. Das Recht, die Aussage zu verweigern, wird damit effektiv ausgehebelt. Der beschriebene Fall hat einige öffentliche Datenbanken bereits zum Handeln veranlasst: Wer seine DNA hin-

¹ Statt vieler: Neue Zürcher Zeitung vom 08.03.2019.

terlegt, muss angeben, ob diese den Strafverfolgungsbehörden bekannt gegeben werden darf. Auch die Gewinnung von Informationen über den Täter aus dessen DNA ist problembehaftet, wenn diese Informationen zur öffentlichen Tätersuche eingesetzt werden: Wenn in einem 100-Seelen-Dorf plötzlich alle Blondes und Blauäugigen unter Mordverdacht stehen, kann die Stimmung rasch kippen.

Gegenstand der Untersuchung: Autosomen und Geschlechtschromosomen

Wer seinen Erzeuger sucht, hat immerhin die Hälfte der DNA der gesuchten Person. Man teilt gemeinsame Verwandte: Was dem Kind ein Onkel ist, ist dem Vater ein Bruder. So «beleuchtet» jeder, der in einer genetischen Datenbank vertreten ist, einige Dutzend Personen um ihn herum: Ein DNA-Profil in einer Datenbank ist wie der Lichtkegel eines Scheinwerfers, der sich an einem grossen Konzert über die dunkle Zuschauermasse bewegt. All den Menschen in dieser Masse dürfte eines gemeinsam sein: Sie haben 46 Chromosomen in 23 Paaren. Die Chromosomenpaare 1 bis 22 sind sogenannte Autosomen, beim 23. Chromosomenpaar handelt es sich um die Geschlechtschromosomen (X/Y beim Mann und X/X bei der Frau). Die auf dem Markt am häufigsten angebotenen Tests analysieren die Autosomen. Spezialisiertere Tests konzentrieren sich z.B. auf das Y-Chromosom oder das X-Chromosom. Das Y-Chromosom ist eine besonders dankbare Sache in der Abstammungsforschung: Es wird nämlich unverändert von Vater auf Sohn übertragen und mutiert sehr selten, sodass die paternale Linie leicht nachvollzogen werden kann. Die molekularbiologische Erforschung der maternalen Linie gestaltet sich demgegenüber wesentlich aufwendiger. Gegenstand der Analyse sind ausgewählte Chromosomen, die je aus einem durchgehenden DNA-Doppelstrang bestehen. Das «Band» der Doppelhelix besteht aus Phosphat und Zucker – nicht besonders charakteristisch. Gegenstand der Analyse ist, was die Bänder innen zusammenhält: Basen. Man stelle sich einen Reissverschluss vor, jeder Zahn eine Base. Im geschlossenen Zustand ergeben sich Basenpaare, bestehend aus vier immer gleichen Basen. Die Abfolge dieser Basenpaare unterscheidet sich von Mensch zu Mensch. Konkret untersucht werden nun diese Sequenzen von Basenpaaren, sog. Mikrosatelliten oder Short Tandem Repeats, kurz STR, genannt. Bei Verwandten sind infolge Vererbung einige Basenpaarsequenzen identisch. Eine DNA-Datenbank speichert die entschlüsselten Sequenzen: Gesucht wird sodann in der Datenbank nach identischen DNA-Sequenzen anderer Testpersonen.

Genetische Genealogie anhand des Y-Chromosoms

Nachstehende Tabelle veranschaulicht die STR-Resultate von 14 Männern auf deren Y-Chromosomen. Die vollständige Tabelle umfasst weit mehr Daten als die Abgebildete, eine verkürzte Darstellung genügt dem Veranschaulichungszweck indes vollauf:

| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 | 15 | 16 | 17 | 18 | 19 | 20 | 21 |
|-----------|---------|---------|--------|---------|---------|----|---------|---------|---------|----------|---------|-----------|---------|---------|----|---------|---------|---------|---------|---------|---------|
| | DYS 393 | DYS 390 | DYS 19 | DYS 391 | DYS 385 | | DYS 426 | DYS 388 | DYS 439 | DYS 389i | DYS 392 | DYS 389ii | DYS 458 | DYS 459 | | DYS 455 | DYS 454 | DYS 447 | DYS 437 | DYS 448 | DYS 449 |
| Person 1 | 13 | 25 | 14 | 11 | 11 | 14 | 12 | 12 | 12 | 13 | 12 | 28 | 17 | 9 | 10 | 11 | 11 | 25 | 15 | 19 | 29 |
| Person 2 | 13 | 25 | 14 | 11 | 11 | 14 | 12 | 12 | 12 | 13 | 12 | 28 | 17 | 9 | 10 | 11 | 11 | 25 | 15 | 19 | 29 |
| Person 3 | 13 | 25 | 14 | 11 | 11 | 14 | 12 | 12 | 12 | 13 | 12 | 28 | 17 | 9 | 10 | 11 | 11 | 25 | 15 | 19 | 29 |
| Person 4 | 13 | 25 | 14 | 11 | 11 | 14 | 12 | 12 | 12 | 13 | 12 | 28 | 16 | 9 | 10 | 11 | 11 | 25 | 15 | 19 | 29 |
| Person 5 | 13 | 25 | 14 | 11 | 11 | 14 | 12 | 12 | 12 | 13 | 12 | 28 | 18 | 9 | 10 | 11 | 11 | 25 | 15 | 19 | 29 |
| Person 6 | 13 | 25 | 14 | 11 | 11 | 14 | 12 | 12 | 12 | 13 | 12 | 28 | | | | | | | | | |
| Person 7 | 13 | 25 | 14 | 11 | 11 | 14 | 12 | 12 | 12 | 13 | 12 | 28 | 18 | 9 | 10 | 11 | 11 | 25 | 15 | 19 | 29 |
| Person 8 | 13 | 25 | 14 | 11 | 11 | 14 | 12 | 12 | 12 | 13 | 12 | 28 | 18 | 9 | 10 | 11 | 11 | 25 | 15 | 19 | 29 |
| Person 9 | 13 | 25 | 14 | 11 | 11 | 14 | 12 | 12 | 12 | 13 | 12 | 28 | 18 | 9 | 10 | 11 | 11 | 25 | 15 | 19 | 28 |
| Person 10 | 13 | 25 | 14 | 11 | 11 | 14 | 12 | 12 | 12 | 13 | 12 | 28 | 18 | 9 | 10 | 11 | 11 | 25 | 15 | 19 | 26 |
| Person 11 | 13 | 25 | 14 | 11 | 11 | 14 | 12 | 12 | 12 | 13 | 12 | 28 | 18 | 9 | 10 | 11 | 11 | 25 | 15 | 19 | 29 |
| Person 12 | 13 | 25 | 14 | 11 | 11 | 14 | 12 | 12 | 12 | 13 | 12 | 28 | 19 | 9 | | 11 | 11 | 25 | 15 | 19 | 29 |
| Person 13 | 13 | 25 | 14 | 11 | 11 | 14 | 12 | 12 | 11 | 13 | 12 | 28 | 18 | 9 | 10 | 11 | 11 | 25 | 15 | 19 | 29 |
| Person 14 | 13 | 25 | 14 | 11 | 11 | 14 | 12 | 12 | 12 | 13 | 12 | 28 | 18 | 9 | 10 | 11 | 11 | 25 | 15 | 19 | 30 |

Tab. 1: Quelle: Rev. Gary W. Kriss, Cambridge NY / Hannes Streif, Baden

Die zweite Zeile nennt die getesteten Loci (Position der Sequenz auf dem Chromosom). Bei allen Testpersonen zeigen sich z.B. auf Position «DYS 393» je 13 Wiederholungen derselben Basenpaare. Dieser Umstand zieht sich über die ersten 12 getesteten Loci durch. Allein daran ist erkennbar, dass die Testpersonen miteinander verwandt sind: Sie haben dieselbe paternale Linie. Erhellend ist die gelb markierte Position «DYS 458», wenn man folgende Zusatzinformation besitzt: Personen 1-4 leben in Europa, Personen 5-14 leben in den USA, wobei Personen 7-14 alle Cousins ersten Grades sind und einander an Familienfesten regelmässig begegnen. Mit einer Ausnahme (Person 12) hat die amerikanische Familie je 18 Wiederholungen auf Position «DYS 458», wohingegen der in Europa verbliebene Teil der Familie als Grundeinstellung 17 Wiederholungen aufweist. Bei zwei Personen (Nr. 4 und 12) weicht die Zahl der STRs geringfügig ab; es dürfte sich um spontane Mutationen handeln, die sich auch an anderen Orten zeigen (z.B. bei Person 14 auf «DYS 449»). Der in die USA ausgewanderte Begründer der getesteten amerikanischen Familie wies möglicherweise auf «DYS 458» noch den europäischen Standard (17) auf, doch dürfte eine spontane Mutation bei ihm, einem seiner männlichen Vor- oder Nachfahren zum Wert 18 geführt haben, der dann an die Männer jenes Zweiges weitervererbt worden ist. Die Tabelle zeigt, dass eine DNA-Datenbank bei ausreichend Testsubjekten in der Lage ist, Familienzweige zu unterscheiden. Die Aussagekraft ist allerdings beschränkt: Person 6 ist z.B. jemand, der keinen ausführlichen DNA-Test machte: Von ihm kann lediglich gesagt werden, dass

auch er den gemeinsamen väterlichen Vorfahr der anderen Personen teilt. In welchen Familienzweig er gehört, ist unklar.

Die Genetik ist also in Bezug auf männliche Probanden problemlos in der Lage, einen Familienzweig zu identifizieren bzw. die Frage nach der Zugehörigkeit von Proband x zu diesem Zweig (mit grosser Wahrscheinlichkeit) zu bejahen oder zu verneinen. Der Markt bietet die entsprechenden Tests zu erschwinglichen Preisen an. Kunden beziehen die Tests direkt bei den Anbietern und verwalten ihre Resultate online.

Die vorangehenden Überlegungen beleuchten die genetische Recherche spezifisch in Bezug auf das Y-Chromosom. Ähnliche Überlegungen gelten in Bezug auf die mitochondriale DNA, die von der Mutter auf die Kinder übertragen wird – auch diese Übertragung erfolgt ohne grossen Informationsverlust quasi als Kopie.

Das grosse Gemetzel: autosomale DNA

Im Unterschied dazu präsentiert sich die Situation betreffend die nicht geschlechtsspezifischen Chromosomen 1-22, die Autosomen, und das X-Chromosom anders: Diese rekombinieren (vermischen) sich beim Kind. Was beim Kind in den Autosomen und im X-Chromosom ankommt, ist eine zufällige Mischung des elterlichen Erbguts. Wer DNA-Analysen des menschlichen Genoms nutzen will, um den Grad der Verwandtschaft zwischen zwei Individuen zu bestimmen oder zumindest einschätzen zu können – kurz: Wer genetische Genealogie betreibt –, kommt nicht darum herum, sich mit der Vererbung autosomaler DNA zu beschäftigen.

Genetische Genealogie wird im Wesentlichen von zwei gegensätzlichen Phänomenen dominiert. Einerseits die banale Tatsache, dass die Anzahl Verwandter einer Person umso grösser ist, je weiter entfernt die Verwandten verwandt sind. Andererseits der Umstand, dass die vielen Verwandten nur wenig gemeinsame DNA teilen, während nur wenige Verwandte viel gemeinsame DNA haben.

Dieser Umstand lässt sich anschaulich anhand folgender Frage veranschaulichen: Wie viel DNA teilt ein Mensch mit einem Cousin? Dieselbe Frage anders formuliert: Gibt es Cousin-Verwandtschaft, ohne dass die zu vergleichenden Personen genetisch miteinander verwandt sind? Letztlich ist dies ein Thema der Wahrscheinlichkeitsrechnung: Mit jeder Generation werden sämtliche Autosomen neu rekombiniert. Damit steigt mit zunehmender Anzahl Generationen die Wahrscheinlichkeit, dass bestimmte Informationen «auf der Strecke bleiben», also zufolge Rekombination nicht an die Nachkommen weitergegeben werden. Bei Cousins vierten Grades ist die Wahrscheinlichkeit bereits

gross, dass die beiden Probanden gar nicht mehr über gemeinsame Fragmente der autosomalen DNA ihres gemeinsamen Vorfahren verfügen, also genetisch keine nachweisbare Verwandtschaft mehr aufweisen.

Die Zerstückelung autosomaler DNA durch Erbgang

Wie stark die «Zerstückelung» autosomaler DNA ist, zeigte Prof. Graham Coop anhand einer simulierten Betrachtung von Grosseltern, Mutter und Enkelin illustrativ²: Nachfolgende Grafik zeigt in der linken Spalte (violett), wieviel autosomale DNA eines Kindes mit der DNA seiner Mutter übereinstimmt. Die Darstellung veranschaulicht das «Mosaik», welches zufolge Rekombination

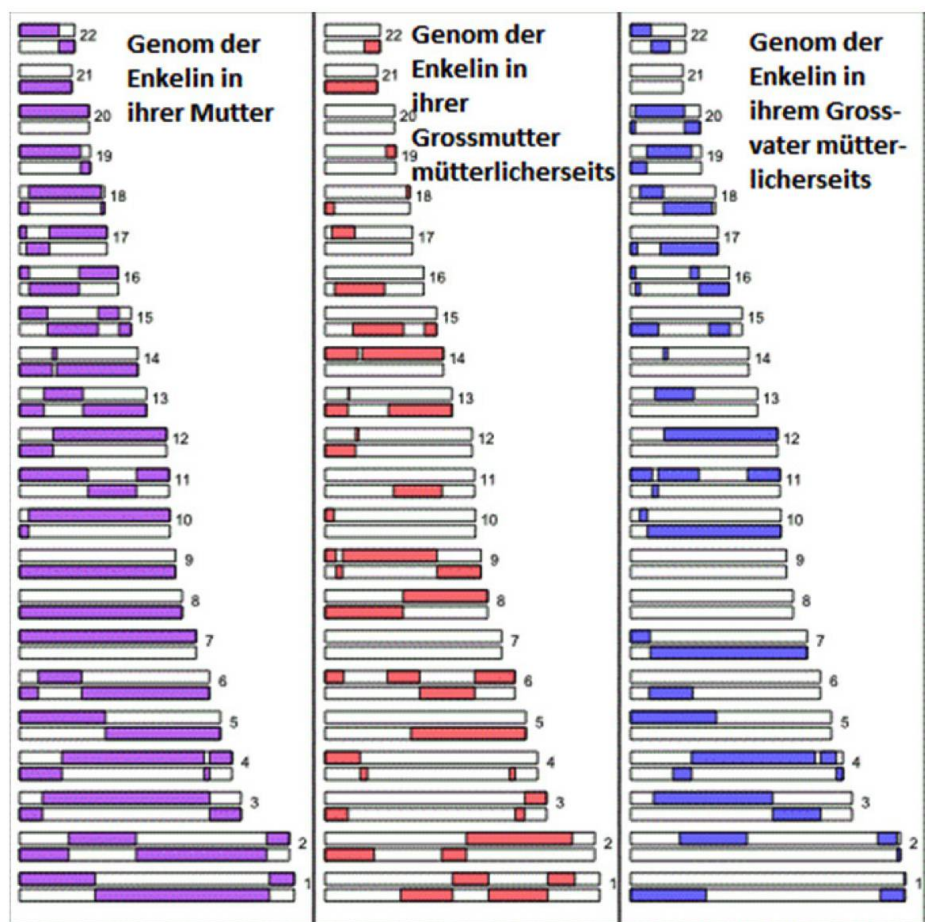


Abb. 1: DNA-Rekombination über drei Generationen in gerader Linie (Quelle: Prof Dr. Graham Coop, Universität California Davis)

² Graham Coop, 2013, in: <https://gcbias.org>, How many genomic blocks do you share with a cousin.

entsteht. Die mittlere und rechte Spalte vergleicht dasselbe Kind mütterlicherseits mit seiner Grossmutter (Mitte) und seinem Grossvater: rot eingefärbt sind diejenigen Segmente, welche bei Enkelin und Grossmutter identisch sind, blau eingefärbt sind jene Abschnitte, die das Kind vom Grossvater vererbt erhalten hat.

Die Lage der genetisch identischen Stellen folgt keineswegs einer Regel. Die Positionen der «Bruchstücke» präsentiert sich bei jedem Fortpflanzungsvorgang anders.

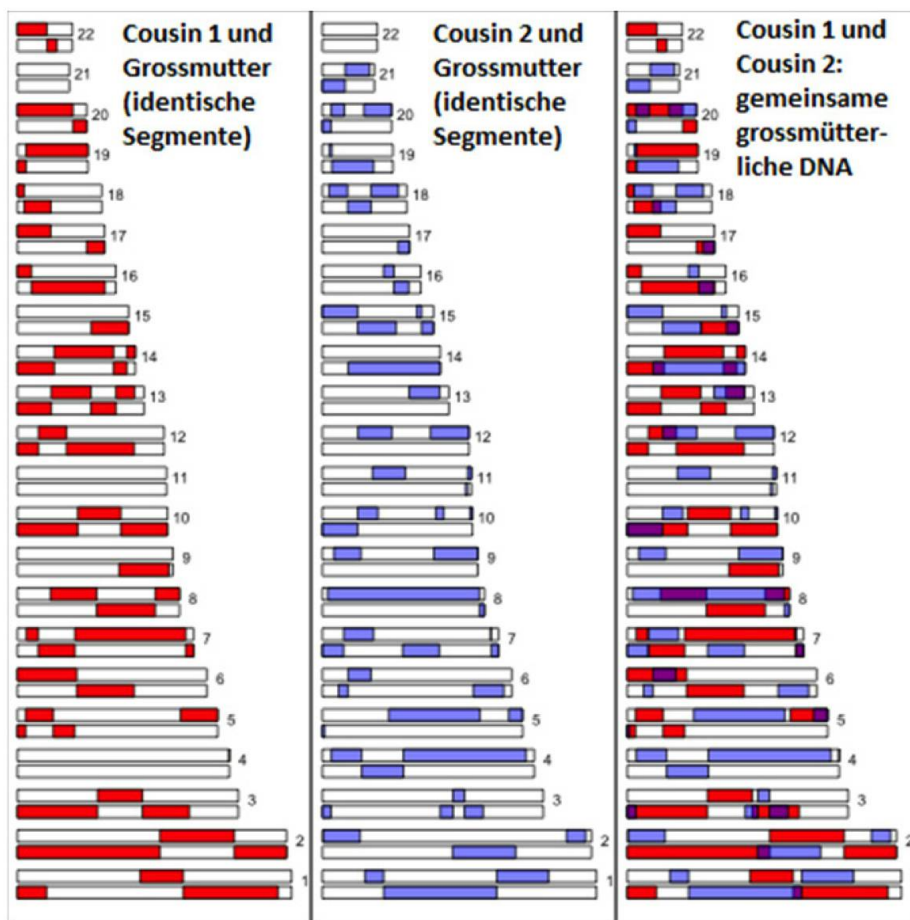


Abb. 2: DNA-Rekombination über drei Generationen (Quelle: Prof Dr. Graham Coop, Universität California Davis)

Die Frage lautete, wie viel DNA ein Mensch mit einem Cousin gemeinsam habe. Die Antwort wird zunächst am Beispiel zweier Cousins ersten Grades gegeben, wobei angenommen wird, die Probanden teilen die Grossmutter mütterlicherseits. Die nachfolgende, simulierte Grafik illustriert die Vererbung anhand eines Vergleichs der beiden Cousins der gemeinsamen Grossmutter: Jene DNA-Fragmente, welche bei beiden Cousins identisch vorhanden sind, stammen von jener Grossmutter. Die linke Spalte zeigt, welche Teile der autosomalen DNA von Cousin 1 mit der grossmütterlichen autosomalen DNA übereinstimmen. Die mittlere Spalte zeigt, welche Abschnitte der Cousin 2 von je-

ner Grossmutter erhalten hat. Es sind zufolge Rekombination teils dieselben, teils andere Fragmente. Die rechte Spalte zeigt (violett), welche DNA-Abschnitte beide Cousins von der gemeinsamen Grossmutter übernommen haben. In dieser Präsenz gemeinsamer grossmütterlicher DNA ist die genetische Verwandtschaft der Cousins also nachweisbar («identical by descent», also «identisch zufolge Abstammung»).

Falls die Probanden auch den Grossvater mütterlicherseits teilen, werden auch identische Teile grossväterlicher autosomaler DNA bei den Cousins vorhanden sein.

Der Rekombinationsvorgang am Beispiel eines Chromosoms

Was in vorangehenden Grafiken jeweils über alle Autosomen 1-22 illustriert wurde, also der Vorgang der Rekombination, der «Bruchstücke» der Vorfahren-DNA bei den Nachkommen hinterlässt, lässt sich veranschaulichen am Beispiel der Vererbung von Informationen auf Chromosom 1:

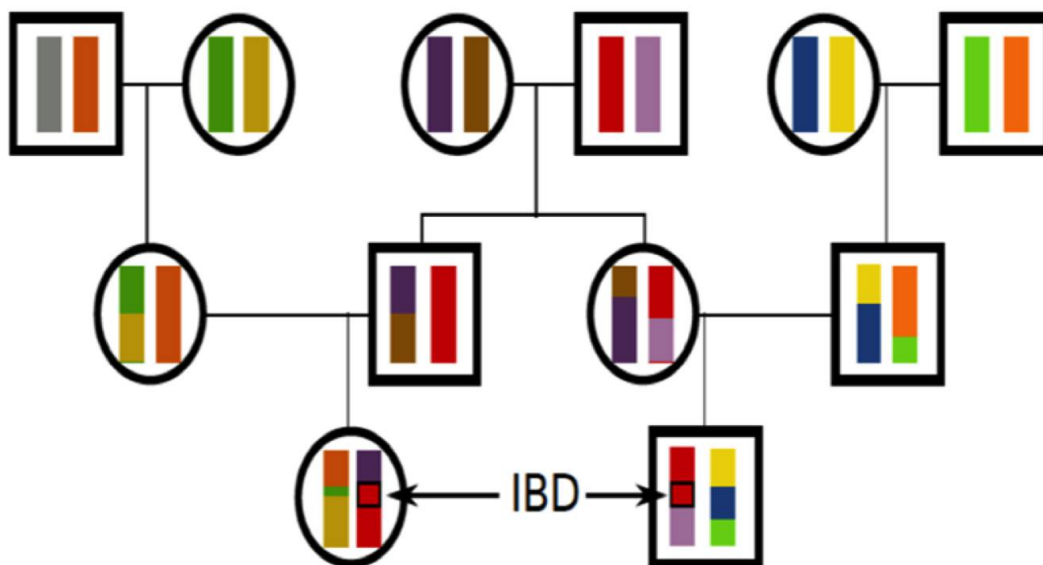


Abb. 3: DNA-Rekombination auf einem Chromosom über drei Generationen und Seitenlinien (Quelle: Wikipedia)

Der Pfeil zeigt, an welchem Ort die Cousins «identisch zufolge Abstammung» (IBD) sind.

Was bei beiden Cousins an grosselterlicher DNA identisch noch vorhanden ist, ist nicht mehr als ein kleiner Teil der gesamten grosselterlichen Information

auf Chromosom 1. Der Nachweis der genetischen Verwandtschaft erfolgt also bereits bei Cousins ersten Grads anhand von Fragmenten, die, dem Zufall folgend, auf beide Probanden vererbt worden sind.

Ab welcher Distanz sind Cousins genetisch nicht mehr verwandt?

Das Problem des Nachweises genetisch identischen Erbguts akzentuiert sich mit jeder weiteren Generation, die der gemeinsame Vorfahre von den Probanden entfernt ist. Bei Cousins zweiten Grades, die eine Urgrossmutter teilen, präsentiert sich die noch vorhandene, gemeinsame genetische Information («urgrossmütterliche Erbschaft») entsprechend noch bruchstückhafter: Nachstehende Grafik zeigt die urgrossmütterliche DNA in Urenkel 1 (links, rot), in Urenkel 1 (Mitte, blau) bzw. die überlappenden Segmente urgrossmütterlicher Information bei den beiden Urenkeln (rechts, violett).

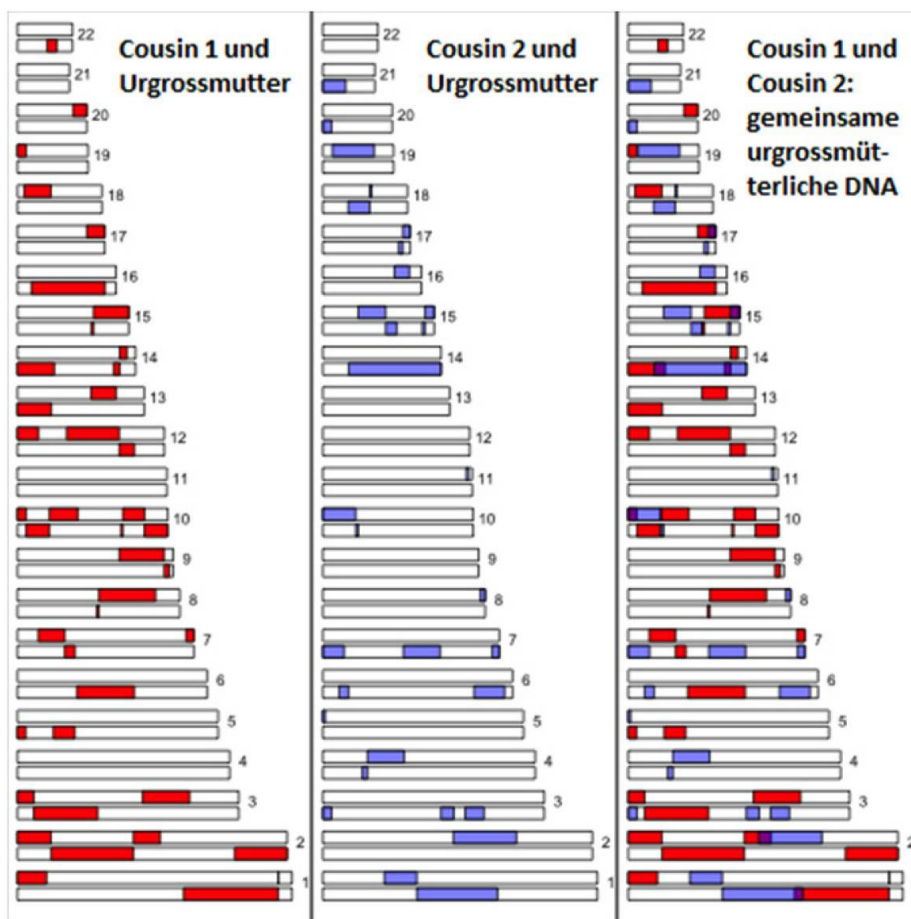


Abb. 4: Titel: DNA-Rekombination über vier Generationen (Quelle: Prof Dr. Graham Coop, Universität California Davis)

Jeder der Urenkel in unserem Beispiel verfügt über acht Vorfahren im urgrosselterlichen Stamm. Von der Urgrossmutter haben sie jedoch weniger ge-

netisches Material erhalten als von der Grossmutter. Selbst die grossmütterliche DNA ist nur noch in kurze Blöcke zerstückelt vorhanden, da auch diese DNA Gegenstand mehrfacher Rekombinationsvorgänge war. Hier kommt die Krux genetischer Genealogie zum Vorschein: Weil von der Urgrossmutter beim Urenkel nur noch wenig Material vorhanden ist, haben zwei Urenkel (Cousins zweiten Grades) auch weniger überlappende Segmente in Bezug auf jene Urgrossmutter als Cousins ersten Grades in Bezug auf ihre Grossmutter. Bei Cousins zweiten Grades ist nicht nur die Materialmenge kleiner, sondern die Segmente sind auch kürzer, da die DNA (im Vergleich zu den Cousins ersten Grades) einem zusätzlichen Rekombinationsvorgang ausgesetzt war.

Bereits bei Cousins vierten Grades ist es wahrscheinlich, dass sie kein gemeinsames genetisches Material teilen. Nachfolgende Grafik simuliert, was genetisch von einer Ur-ur-urgrossmutter noch übrig ist:

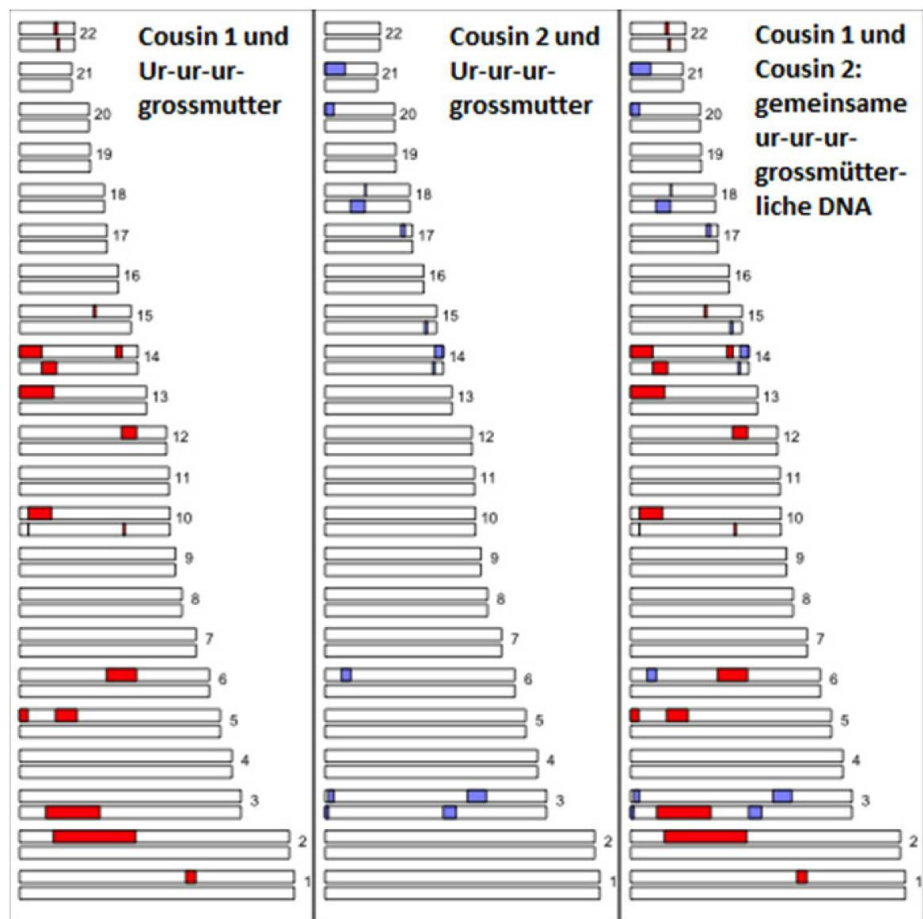


Abb. 5: DNA-Rekombination über sechs Generationen (Quelle: Prof Dr. Graham Coop, Universität California Davis)

Selbstverständlich kommt es angesichts der grossen Anzahl Cousins vierten Grades vor, dass solche Verwandte auch genetisch identische Blöcke in sich tragen. Allerdings, und das ist eine wichtige Erkenntnis, längst nicht alle. Für die genetische Genealogie ist allerdings interessanter, zu wissen, mit welcher Wahrscheinlichkeit ein Proband eine bestimmte Anzahl identischer (überlap-

penden) Blöcke mit einem Cousin teilt. Folgende Grafiken sind das Ergebnis einer Simulation mehrerer hundert Stammbäume³. Sie zeigen die Anzahl gemeinsamer autosomaler Segmente für verschiedene Verwandtschaften: Die

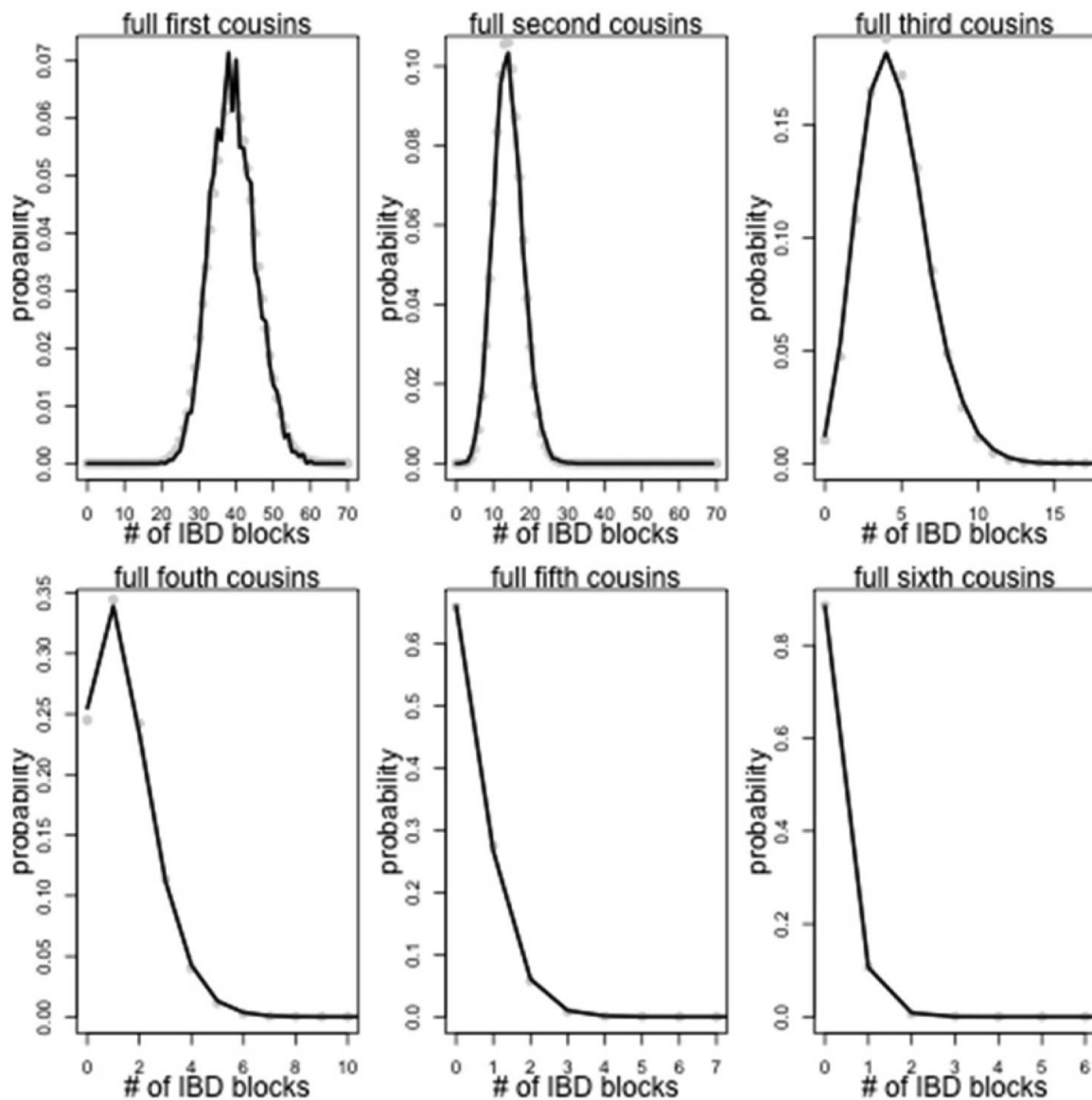


Abb. 6: Wahrscheinlichkeit gemeinsamer autosomaler DNA im Verhältnis zur genetischen Distanz (Quelle: Dr. Michael D. Edge, Universität Stanford)

schwarze Linie ist das Resultat der Simulation, die grauen Punkte eine errechnete Annäherung (die Simulation erfolgte unter der Annahme, dass z.B. Cou-

³ Michael D. Edge, Noah Rosenberg, 2015, Implications of the apportionment of human genetic diversity for the apportionment of human phenotypic diversity. *Studies in the History and Philosophy of Science Part C*, 52: 32-45.

sins fünften Grades nur ein Ururururgrosselternpaar teilen etc. – in der freien Wildbahn dürften bei grösseren Stammbäumen ab und zu noch einige «genetische Interferenzen» hinzukommen, etwa wenn sich die Wege zweier Familien mehr als nur einmal kreuzten).

Erst diese Wahrscheinlichkeitsrechnung vermittelt dem genetischen Genealogen eine wichtige Erkenntnis: Mit zunehmender Distanz zweier Probanden wird es schwieriger, deren exakten Verwandtschaftsgrad zu bestimmen. Die Grafik in der oberen Zeile rechts (Cousins dritten Grades) zeigt, dass etwa 1% aller Probanden keinerlei genetische Übereinstimmung aufweisen in Bezug auf das ihnen gemeinsame Vorfahrenpaar. Nicht, dass diese Probanden keine Segmente jener Vorfahren mehr hätten – solche tragen beide sehr wohl in sich. Nur sind sie – infolge Rekombination – nicht Träger der gleichen Segmente. Unter den Cousins vierten Grades zeigen bereits 25% keine genetische Verwandtschaft mehr. Hinzu tritt ein weiteres Phänomen; auch dieses ist der Rekombination geschuldet: Cousins können ein identisches autosomales Segment auch von einem weit zurückreichenden gemeinsamen Vorfahren in sich tragen. Wird bei zwei Probanden ein kleines Segment gemeinsamer DNA festgestellt, so ist in der Regel (und ohne weitere Daten anderer Verwandter) nicht klar, ob es sich z.B. um Cousins fünften Grades handelt – die beiden könnten auch viel weiter entfernt verwandt sein, tragen aber zufällig dasselbe DNA-Fragment eines z.B. vor 15 Generationen lebenden Verwandten in sich. Stammbäume lassen sich also mit genetischen Erkenntnissen allein nicht zeichnen – ausser man testet konsequent alle heute noch lebenden Personen, die darin vorkommen sollen.

Die Wahrscheinlichkeitsberechnung genetischer Verwandtschaft

In Formeln gefasst, bedeutet dies: Bei Halb-Cousins ersten Grades, die väterlicherseits eine Grossmutter (und sonst keine Vorfahren) teilen, beträgt die Wahrscheinlichkeit eines gemeinsamen Segments (in Bezug auf jene Grossmutter) $\frac{1}{2}^3 = \frac{1}{8}$. Die Grossmutter übertrug einen bestimmten Abschnitt auf einem Chromosom auf ihr Kind, wofür die Wahrscheinlichkeit $\frac{1}{2}$ beträgt. Dass genau dieser Abschnitt vom Kind auf dessen Kind übertragen wird, erfolgt wiederum mit einer Wahrscheinlichkeit von $\frac{1}{2}$. Damit die beiden Halb-Cousins über dasselbe grossmütterliche Erbgut verfügen, musste die Übertragung auf der anderen Seite auf gleiche Weise erfolgen, also von der Grossmutter auf deren anderes Kind (Wahrscheinlichkeit $\frac{1}{2}$) und von jenem Kind auf dessen Kind (Wahrscheinlichkeit $\frac{1}{2}$). Von Grossmutter auf ihre beiden Kinder ($\frac{1}{2}$), von Kind 1 auf dessen Kind ($\frac{1}{2}$), von Kind 2 auf dessen Kind ($\frac{1}{2}$) ergibt: $\frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} = \frac{1}{8}$.

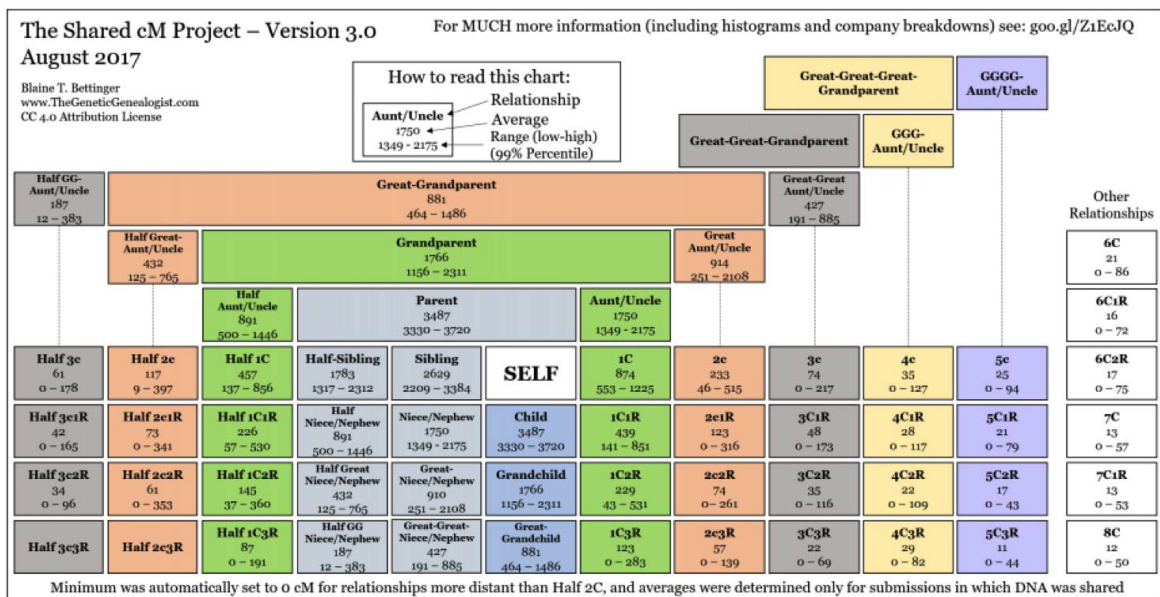
Wären es nicht Halb-Cousins sondern volle Cousins (ein Grosselternpaar teilend), verdoppelt sich die Wahrscheinlichkeit des Vorhandenseins identischer genetischer Information auf einem Chromosom entsprechend auf $\frac{1}{4}$. Allgemeiner formuliert beträgt die Wahrscheinlichkeit, dass zwei Probanden, die über ein Vorfahrenpaar verfügen, auf einem Chromosom autosomal identisches Material aufweisen, $2(\frac{1}{2}^{2d-1})$. Verfügen die Probanden nur über einen gemeinsamen Vorfahren, beträgt die Wahrscheinlichkeit $\frac{1}{2}^{2d-1}$. Nun hat der Mensch nicht ein autosomales Chromosom, sondern gemeinhin deren 22. Erschwerend kommt hinzu, dass sich die Rekombination pro Vererbungsvorgang auf allen Autosomen in ca. 34 Regionen niederschlägt. Bei Anzahl d Generationen sind die Autosomen also in $22+34d$ Blöcke zerteilt. Weil sich Rekombination selten an den exakt selben Stellen vollzieht und ein Chromosom über zwei sog. Chromatiden verfügt, hat man es mit total $22+34d \cdot 2$ Blöcken zu tun. Für die identischen Blöcke aller Autosomen bei zwei Halb-Cousins (Wahrscheinlichkeit für ein Chromosom: $\frac{1}{2}^{2d-1}$) beträgt $\frac{1}{2}^{2d-1} \cdot (22+34d)$ bzw. das Doppelte für «Voll-Cousins». Diese Formel liefert durchschnittliche Werte. In Berücksichtigung der Tatsache, dass sich ein Genom pro Vererbungsvorgang nicht immer 34 einzelnen Rekombinationsvorgängen unterzieht, nimmt die Wissenschaft die Verteilung nach Poisson zu Hilfe (und zwar mit dem Durchschnittswert $22+68d$). Für Halb-Cousins lautet die Annäherungsformel: $\text{dpois}(0; 70, (33.8 \cdot 2d + 22) / (22d - 1))$, wobei d der Verwandtschaftsgrad der Cousins ist. In vorangehender Grafik zeigen sich die so errechneten Werte als graue Punkte. Relevant wird die Verteilung nach Poisson zur Errechnung der sog. Zero-Block-Wahrscheinlichkeit, also der Wahrscheinlichkeit, dass zwei Cousins keine identischen autosomalen Informationen haben. Bei zwei Probanden, die ein vor k Generationen lebendes Vorfahrenpaar teilen, beträgt die Wahrscheinlichkeit, genetisch nicht verwandt zu sein: $\exp(-2 \cdot (33.8 \cdot 2d + 22) / 2^{2d-1})$.⁴

Versuch einer Ordnung

Mögen die vorangehenden Überlegungen noch so theoretisch anmuten: Die Fleischwerdung der Zahlen folgt postwendend. Was den Genetikern schon länger bekannt war, hat der Amerikaner Blaine Bettinger für die Genealogen in brauchbare Tabellen gefasst und als «The Shared cM Project» bezeichnet. Das Centimorgan (abgekürzt cM, benannt nach Thomas Hunt Morgan) ist eine in der Genetik verwendete Hilfsmasseinheit, welche die Wahrscheinlichkeit einer Rekombination in Prozent angibt. Auf diese Weise kann die genetische Distanz

⁴ Huff et. al., Maximum-likelihood estimation of recent shared ancestry (ERSA), in: Genome Research 2011 Nr. 21, S. 768 ff., Cold Spring Laboratory Press.

quantifiziert werden, also der genetische Abstand zweier Loci auf einem Chromosom. Das «Shared cM Project» ist nichts anderes als eine Tabelle, mit welcher sich ein beliebiger Treffer bestimmten Verwandtschaftskategorien zuteilen lässt, die aufgrund der gemessenen Werte in Frage kommen. Die von «Shared cM Project» entwickelte Tabelle erlaubt es, den biologischen Verwandtschaftsgrad zweier Probanden annäherungsweise zu bestimmen. Die Tabelle beruht auf der Analyse tausender DNA-Profile unter Angabe der jeweiligen genealogisch verifizierten Verwandtschaftsgrade.⁵



NOTE: for this and other charts or diagrams in this document, the minimum was automatically set to “0 cM” for relationships more distant than Half 2C, and averages were determined only for relationships in which DNA was shared.

Larger version at: https://isogg.org/wiki/Autosomal_DNA_statistics

Abb. 7: Tabelle zur Bestimmung genetischer Verwandtschaft (Quelle: Blaine T. Bettinger, https://isogg.org/wiki/Autosomal_DNA_statistics)

Hier wird ersichtlich, welche Erkenntnisse die genetische Genealogie der klassischen genealogischen Recherche beizusteuern vermag: Sie kann Lücken füllen. Die genetische Genealogie ist zwar fähig, einzelne Individuen auf einem Stammbaum erscheinen zu lassen, ist aber meist unfähig, diese Individuen am richtigen Ort in diesem Stammbaum zu platzieren. Diese Information muss durch klassische genealogische Recherche beigebracht werden. Auch ein genetisch Verwandter hat einen Stammbaum. Sein «Ausschnitt aus dem grossen Ganzen» wird so mit den ihn umgebenden Verwandten zum Puzzlestück im zu recherchierenden Stammbaum. Die genetische Genealogie wird zum Instru-

⁵ <https://thegeneticgenealogist.com>.

ment des klassischen Genealogen, der auf diese Weise Puzzlestücke importieren kann, wenn dies nötig ist. Hier entscheidet in der Regel der Zufall: Welche Puzzlestücke verfügbar sind, hängt meist von den vorhandenen Datenbanken ab und damit von Personen, die bereits einen DNA-Test gemacht haben. Denn wer die Genetik zu Hilfe nimmt, sieht sich in aller Regel mit einer Situation konfrontiert, die Lücken aufweist, die mit klassischer Genealogie nicht zu füllen sind. Die Suche nach dem unbekanntem Erzeuger und dessen naher Familie illustriert eine solche Ausgangslage bestens: Weil die Individuen, die zur Lückenfüllung benötigt werden, gerade unbekannt sind, können sie auch nicht zu Tests aufgeboten werden. Jedenfalls nicht direkt. Denkbar wäre, dass die (durch klassische Genealogie ermittelten) Verwandten eines genetischen Verwandten um Abgabe eines DNA-Tests gebeten werden, denn jede getestete Person «beleuchtet» eine Anzahl Personen um sie herum. Auf diese Weise kann die Datenbank vergrössert werden um Personen, die wiederum ihre Stammbäume und damit weitere Puzzlestücke beisteuern. Die eingangs aufgestellte Behauptung, der Golden-State-Killer habe den wohl am besten recherchierten Stammbaum aller Verbrecher, lässt sich damit ohne weiteres nachvollziehen. Wie gezeigt, sind Cousins mitunter gar nicht genetisch verwandt, weil ihre biologische Verwandtschaft der Rekombination zum Opfer gefallen ist. Dieses Phänomen setzt der genetischen Genealogie schmerzhaft Grenzen: Zwei genealogisch ermittelte Verwandte können in derselben genetischen Datenbank vertreten sein, aber als *nicht verwandt* erscheinen, weil ihre DNA tatsächlich keine übereinstimmenden Segmente aufweist. Die vielzitierte Blutsverwandtschaft dürfte rascher enden, als bislang angenommen. Und die Rolle des Zufalls scheint grösser als bisher angenommen.

Der Stammbaum im Internet: eine datenschutzrechtliche Betrachtung

Wer die Errungenschaften der Digitalisierung nutzen will, sieht sich im Internet mit grossen Datenbanken konfrontiert, die verschiedenartige Informationen beinhalten. Auf einen Teil dieser Informationen will der Recherchierende zugreifen. Wenn es sich beim Recherchierenden um einen beruflich tätigen Genealogen handelt, so übt er seine Tätigkeit aufgrund eines Auftragsverhältnisses aus. Er verschafft sich Zugang zu Informationen, die nicht ihn, sondern bestenfalls seinen Auftraggeber betreffen. Ob der Genealoge beruflich oder in eigener Sache forscht, so stellt sich doch in beiden Fällen die Frage, wie es sich mit der Verwendung der ihm zugänglichen oder von ihm allenfalls Dritten zugänglich gemachten Informationen rechtlich verhält. Der folgende Abschnitt enthält eine knapp gehaltene Übersicht über die aktuelle rechtliche Situation.

Sie möge dem Interessierten helfen, seine Recherche im Einklang mit den involvierten Rechtsordnungen auszuüben.

Do ut des, diese grundlegende Verhaltensstrategie gilt auch bei der Verwandtensuche im Internet: Wer sich auf Plattformen wie myheritage.ch registriert, kann dort nicht nur seine DNA analysieren lassen oder die von Drittfirmen analysierte DNA hochladen (was rechtlich unproblematisch ist, sofern der Test in einem Land durchgeführt wird, dessen Rechtsordnung die Durchführung solcher Untersuchungen gestattet). Zudem kann er sein Profil auch mit einem selbst erstellten Stammbaum vervollständigen. Die Software der Firma vergleicht alsdann den publizierten Stammbaum mit tausenden anderen Stammbäumen weiterer Nutzer. Wird eine Übereinstimmung entdeckt, erhalten beide Nutzer eine Nachricht mit der Aufforderung, das möglicherweise übereinstimmende Segment ihrer Stammbäume zu prüfen. Gelangen die Nutzer zur Auffassung, der Computer habe tatsächlich eine Übereinstimmung gefunden, können sie diesen Fund bestätigen. Fortan sind ihre Stammbäume verknüpft: Jeder importiert das ihm jeweils fehlende Stück des anderen. Auf diese Weise können Stammbäume rasant schnell wachsen. Das Wachstum hat aber seinen Preis: Es bedingt die öffentliche Preisgabe personenbezogener Daten. Genau dies steht in offenem Konflikt zu unserer datenschutzrechtlich immer sensibler werdenden Gesellschaft. Auch stammen die Nutzer dieser Plattformen aus allen Teilen der Welt – es sind also bei weitem nicht nur Schweizer Gesetze auf diesen Sachverhalt anwendbar. Wer aus der Schweiz Daten auf einem im Ausland befindlichen Server lädt, bewegt sich mit einer einzigen Handlung gleich in mehreren Rechtsordnungen.

Angesichts einer unübersichtlichen Rechtslage gebietet der Pragmatismus, vor der eigenen Haustüre zu beginnen (und die Übersicht auf das EU-Ausland, bzw. das massgebliche Regulativ der EU, zu beschränken).

Das schweizerische Bundesgesetz über den Datenschutz (DSG, SAR 235.1) stellt gleich zu Beginn klar: Es regelt die Bearbeitung von Daten natürlicher Personen durch Private. Nicht anwendbar ist es auf Personendaten, die eine natürliche Person ausschliesslich zum persönlichen Gebrauch bearbeitet und nicht an Aussenstehende bekannt gibt. Wer Personendaten ins Internet lädt und dort Dritten bekannt gibt, tut gut daran, das Datenschutzgesetz zu kennen. Das Gesetz definiert auch, was Personendaten sind: Alle Angaben, die sich auf eine bestimmte oder bestimmbar Person beziehen. Stammbäume im Internet gelten zweifellos als Personendaten. Ein erster Grundsatz besagt, dass Personendaten nur rechtmässig bearbeitet werden dürfen. Was rechtmässig ist, lässt sich aus seinem Gegenteil heraus definieren: Rechtmässig ist, was nicht rechtswidrig ist. Rechtswidrigkeit ist immer dann gegeben, wenn ein Verstoß gegen das Strafgesetz vorliegt, wenn also beispielsweise Daten durch Entwendung beschafft werden. Rechtswidrigkeit umfasst allerdings jede Beschaffung

und/oder Verwendung, die einer Rechtsnorm zuwiderläuft. In der genealogischen Praxis dürfte dieser Grundsatz aber kaum je verletzt werden. Weitere Grundsätze verlangen die Datenbearbeitung «nach Treu und Glauben», d.h. die Datenbearbeitung hat für die betroffenen Personen transparent zu erfolgen, was wiederum bedeutet, dass die Datenbeschaffung für die betroffene Person erkennbar sein muss, der Betroffene also aus den Umständen heraus mit der Beschaffung rechnen musste oder er entsprechend informiert wird.

In der genealogischen Praxis dürfte kaum jemand erstaunt sein darüber, wenn er im Stammbaum eines Verwandten auftaucht; jeden Verwandten im Stammbaum zu orientieren, dürfte immer dann nicht erforderlich sein, wenn der Stammbaum einzig Personen zugänglich gemacht wird, die in diesem Stammbaum selber auftauchen. Wer seinen Stammbaum ins Internet stellt, sollte darauf achten, dass die Personendaten nicht für jedermann einsehbar sind, sondern nur von denjenigen registrierten Nutzern abgerufen werden kann, die mit dem Stammbaum verknüpft sind. Besondere Sorgfalt ist erforderlich, wenn sich unter den Vorfahren oder lebenden Verwandten eine Person vom Schlage des von Mani Matter besungenen «Onkel Bernhard» befindet. In dieser seltenen Konstellation sollten die lebenden Verwandten über die Datensammlung orientiert werden, ansonsten der Unmut nicht lange auf sich warten lässt. Ein weiterer Grundsatz verlangt, dass die Datenbearbeitung verhältnismässig sein muss: Es dürfen nur diejenigen Daten beschafft und bearbeitet werden, die für den Zweck erforderlich sind. In der genealogischen Praxis sind dies regelmässig Vor-, Familien- und Ledigenname, Geburtstag und -ort, Todes- tag und -ort, Wohnorte und die verwandtschaftlichen Verhältnisse zu anderen Mitgliedern der Familie. Sodann muss eine Zweckbindung der Bearbeitung gegeben sein. Personendaten dürfen nur für denjenigen Zweck bearbeitet werden, der bei der Beschaffung angegeben worden ist oder der sich aus den Umständen ergibt. Die Möglichkeiten, dass Daten für andere als die ursprünglichen Zwecke bearbeitet werden und die daraus fliessenden Persönlichkeitsverletzungen sind insbesondere im Zuge der Digitalisierung stark gestiegen.

Der Urheber eines Stammbaums hat sein Werk insofern zu «verwalten» als er sich über deren Richtigkeit zu vergewissern hat und sicherstellen muss, dass falsche Informationen berichtigt oder gelöscht werden und seine Datensammlung durch angemessene Massnahmen gegen unbefugtes Bearbeiten schützen muss. Soweit, so unproblematisch. Das Datenschutzgesetz hält allerdings für denjenigen der im Internet einen Stammbaum publiziert, noch eine Überraschung bereit: Private müssen ihre Datensammlungen dem Eidgenössischen Datenbeauftragten anmelden, wenn und bevor sie regelmässig Personendaten an Dritte bekannt geben. Genau diese regelmässige Bekanntgabe geschieht im Internet. Würde ein jeder Stammbaumbetreiber diese Bestimmung konsequent beachten, so hätte der EDÖB mehr zu tun, als ihm lieb ist. Wer die im

Internet verfügbaren, personenbezogenen Informationen nur verwendet, um im stillen Kämmerlein seinen Stammbaum zu füttern, fällt, wie eingangs erwähnt, nicht in den Anwendungsbereich des DSG. Und was ist mit all den Verstorbenen, die in der Regel die Mehrheit eines Stammbaums ausmachen? Haben sie über den Tod hinausgehende Rechte, was ihre Präsenz in einem Stammbaum angeht? Nein, das haben sie grundsätzlich nicht. Dass die Persönlichkeit aber nicht mit dem Tod endet, sondern diesen auf Umwegen über nahe Angehörige überdauern kann, hat die Schweiz erstmals durch ein Urteil des Bundesgerichts erfahren, welches 1944 den Fall eines Bildes entscheiden musste, das Ferdinand Hodler auf dem Totenbett zeigt. Die in Stammbäumen enthaltenen Informationen dürften allerdings selten derart emotional aufgenommen werden, sodass die Präsenz von Verstorbenen in Stammbäumen kaum je rechtliche Relevanz beigemessen werden dürfte. Immerhin profitieren auch Verstorbene von den Grundsätzen des DSG: Die über sie gesammelten Daten müssen insbesondere rechtmässig beschafft und korrekt sein, während die Art und Menge der Daten der Zweckbindung folgen muss. Auch dürfen ihre Personendaten nicht beliebig Dritten zugänglich gemacht werden – was allerdings für ihre Namen sowie Geburts- und Todesdaten (nach Ansicht des Verfassers dieses Beitrages) nicht gelten kann, zumal diese Daten auf ihren Grabsteinen jahrzehntelang öffentlich zugänglich sind oder waren.

Wer seinen Stammbaum im Internet publiziert, muss über die Landesgrenzen hinausschauen: Er weiss nämlich weder, wo der Server steht, auf welchem «seine» Daten gespeichert werden, noch weiss er, aus welchen Ländern Nutzer auf diese Daten zugreifen. Nun eskaliert die rechtliche Situation bereits: Die seit Mai 2018 geltende Datenschutz-Grundverordnung der Europäischen Union (DSGVO) definiert nämlich einen weiten räumlichen Geltungsbereich. Die DSGVO gilt, wenn ein Auftragsbearbeiter seinen Sitz in der EU hat (es genügt der Firmensitz einer Online-Plattform in der EU). Ausserdem kommt die DSGVO zur Anwendung, wenn der Zielmarkt betroffen ist. Das ist dann der Fall, wenn die von der Datenbearbeitung betroffene Person Wohnort in der EU hat. Sachlich ist die DSGVO nicht anwendbar bei Datenbearbeitung zu persönlichem Gebrauch. Ungeklärt ist bis heute die Frage, ob die DSGVO auf Verstorbene anwendbar sei. Materiellrechtlich regelt die DSGVO mit Blick auf die Datenbearbeitung zu genealogischen Zwecken weitestgehend dieselben Aspekte wie das DSG: Es äussert sich zur Beschaffung und der Verwendung, wobei man den bereits erläuterten Begriffen wieder begegnet: Grundsatz der Rechtmässigkeit, Verarbeitung nach Treu und Glauben, Zweckbindung, Transparenz und Datensicherheit. Darüber hinaus enthält die DSGVO Bestimmungen zur Aufbewahrungszeit, die unter dem Titel «Recht auf Vergessenwerden» behandelt werden. Genealogie bezweckt allerdings gerade, dass Menschen nicht vergessen werden. Der Ordnungsgeber hat glücklicherweise eine geschickte For-

mulierung gewählt: Ein Recht auf Löschung besteht (u.a.) beim Hinfall des Zwecks, für den die Daten erhoben oder verarbeitet wurden. Beim Stammbaum – im Internet oder anderswo – ist dies gerade nie der Fall. Problematisch präsentiert sich die aktive Informationspflicht des Verantwortlichen einer Datensammlung: Er hat bei der Erhebung personenbezogener Daten der betroffenen Person bei Erhebung der Daten eine Reihe von Informationen zu übermitteln, u.a. seine Identität, den Zweck seiner Datenerhebung und -verarbeitung (samt Rechtsgrundlage) und die Empfänger der personenbezogenen Daten.

Sowohl das DSG als auch die DSGVO enthalten Strafbestimmungen. Das Risiko, sich bei gewissenhaftem «Stammbaummanagement» rechtswidrig zu verhalten, ist gering. Leider nur ist das Risiko gross, die Bestimmungen der EU zu verletzen. In Bezug auf die DSGVO ist konkret die Wahrscheinlichkeit gross, eine Informationspflicht zu verletzen, weil gerade beim computergestützten und damit automatisierten Stammbaum-Matching die schiere Menge neuer, noch lebender Verwandter im EU-Ausland nicht praktikabel DSGVO-konform informiert werden kann. Hier genügt ein erboster Onkel, der den Rechtsweg beschreitet, um in den Genuss ausländischen Rechts zu kommen. Immerhin: Bislang sind keine Fälle genealogischer Rechtsfälle mit DSGVO-Konnex bekannt, was angesichts der jungen Verordnung allerdings auch nicht weiter erstaunt. Zudem haben die international agierenden Firmen, welche die Stammbauminformationen speichern, ihre Dienste nach Inkrafttreten der Verordnung auch nicht eingestellt – wohl aber in den Allgemeinen Vertragsbedingungen die Verantwortung über die Datensammlungen auf ihre Nutzer abgewälzt. Vorsicht ist besser als Nachsicht.

Wenn der Schleier der Anonymität fällt

Wie eingangs erwähnt, führte eine sehr persönliche, familiäre Erkenntnis den Autor zur genetischen Genealogie. Dieses bei erster Betrachtung eher kryptisch anmutende Thema verliert allerdings bei näherer Betrachtung sein Mysterium: Auch die genetische Genealogie kennt ihre Prinzipien. Mögen Rekombination und Zufälligkeit von vorhandenen Datensätzen dem Suchenden die Sache auch schwer machen, so liefern die vorhandenen Daten doch auch wertvolle Hinweise. Klar wird, dass die genetische Genealogie die klassische Genealogie nie ersetzen kann. Es bleiben stets genug Lücken, die nur der klassische Genealoge füllen kann. Der genetischen Genealogie kommt in der Stammbaumforschung nur aber immerhin der Rang einer Hilfswissenschaft zu. Sie zu vernachlässigen oder gar zu negieren, wäre allerdings ignorant.

Wer, wie der Autor dieses Beitrags, einen Erzeuger hat, zu welchem diverse Spuren verwischt wurden, dem ist die Genetik der einzige Strohalm, an den zu klammern sich allerdings durchaus lohnt. Die einzige noch vorhandene Spur trägt der Autor unaustilgbar in sich: DNA-Sequenzen des Erzeugers. Diese sind als solche im Erbgut einer Person leider nicht kenntlich gemacht (das Y-Chromosom und das X-Chromosom bei Männern ausgenommen). Aber auch diese Hürde kann genommen werden, wozu allerdings mehrere DNA-Profile vonnöten sind: diejenigen der Halbgeschwister. Datenbanken erweisen sich dabei als äusserst effizient, lassen sich doch per Mausklick jene Verwandten anzeigen, die den Halbgeschwistern gemeinsam sind. Die so selektierten Verwandten müssen der paternalen Linie der Halbgeschwister entstammen – deren Mütter sind schliesslich miteinander nicht verwandt. Zumindest ist dies eine valable Arbeitshypothese. Und auf Hypothesen kommt es auch im weiteren Verlauf der Recherchen an.

Der Autor ging konkret folgendermassen vor: Einer jener väterlicherseits auf einer Datenbank gefundenen Verwandten ist ein Cousin, dessen genetische Nähe mit 48cM angegeben wird. Man ziehe nun die vorstehende Tabelle des «Shared cM Project» zurate und erkennt, dass es sich wohl um einen Cousin im dritten bis fünften Grad handelt. Das wäre an sich bei all den Treffern in den Datenbanken noch kein Alleinstellungsmerkmal, zu viele gibt es von diesen Cousins. Jener – und das machte ihn interessant – hatte allerdings mit seinem Profil einen Stammbaum mit mehr als 800 Verwandten verknüpft. Die von diesem Cousin recherchierte Ahnentafel reichte sieben Generationen zurück und enthielt zahlreiche Nachfahren seiner Vorfahren. Mehr als 40 Familiennamen waren in diesem Stammbaum vertreten. Nun wurde das Augenmerk auf die Verwandten in mutmasslich richtiger Distanz zu jenem Cousin gerichtet: Zu nah will man dem Manne ja nicht kommen, schliesslich ist er ein entfernter Verwandter. In einer Distanz von drei bis fünf Seitenlinien wurden nun alle möglichen Familiennamen aus der Datenbank herausgelesen – immerhin noch 17 an der Zahl.

Diese Namen wären für sich genommen ohne Aussagekraft. Es ging dieser Recherche allerdings ein Besuch im Berner Staatsarchiv voraus, das sämtliche Studentenlisten der Universität Bern hortet. Studenten waren aus gut unterrichteten Quellen eine bevorzugte Gruppe zur Alimentierung des hauseigenen Fortpflanzungsprogramms. Es ist – und das ist eine weitere Hypothese – also durchaus möglich, dass ein damaliger Student der Erzeuger war. Aus den Studentenlisten wurden also jene Jahre extrahiert, in denen eine Spende wahrscheinlich erfolgte. Unter Berücksichtigung der Tatsache, dass die Spenden auch eingefroren werden konnten, wurde der Zeitraum grosszügig bemessen und umfasste mehrere Jahre. Die so gewonnenen Namen wurden mit den Familiennamen des besagten Stammbaums abgeglichen, was in zwei Übereinstim-

mungen resultierte. Eine Bildersuche im Internet disqualifizierte einen der beiden Treffer ohne weiteres, zumal die physiognomischen Parameter absolut nicht passten. Beim zweiten Treffer lagen die Dinge allerdings anders. Hier stimmte das Optische sowohl beim Treffer als auch bei dessen Sohn, dessen Existenz und Bild das Internet selbstverständlich auch kennt, wenn man danach sucht.

Wie die Geschichte ausgeht, bleibt offen, zumal nur ein DNA-Test den Verdacht bestätigen könnte. Die Spender von damals haben aber wenig Interesse, ihre Identität preiszugeben. Sie spendeten als Studenten und gründeten später meist Familien. Diesen mitzuteilen, dass neben den offiziellen Kindern noch eine unbekannte Anzahl gespendete Kinder existiert, dürfte bei vielen Ehefrauen und deren Kindern schlecht ankommen. Wohl aus diesem Grund sind bis heute die Spender kaum in den DNA-Datenbanken vertreten. Ihre Motivation, anonym zu bleiben, ist nachvollziehbar. Gutzuheissen ist sie nicht. Der Verfassungsgeber hat die Interessenlage diesbezüglich in den 1990er Jahren geklärt und ein Grundrecht auf Kenntnis der eigenen Abstammung geschaffen. Das Bundesgesetz über die Fortpflanzungsmedizin hat diesen Anspruch 2001 umgesetzt, was allerdings den vorher gezeugten Kindern nichts nützt. Diese sind auf die Genealogie angewiesen, wenn sie das Rätsel ihrer Herkunft lösen wollen.

Das hier präsentierte Beispiel zeigt, dass nur eine fundierte, klassisch-genealogische Aufarbeitung einen soliden Verdacht begründen kann. Im präsentierten Beispiel hätte man, von einem nahen, genetisch verifizierten Verwandten ausgehend, dessen Stammbaum entwickeln müssen, der sämtliche Zweige in der gesuchten genetischen Distanz abdeckt. Erst im Anschluss darf der «Profilierer» ans Werk, der aus diesem Stammbaum den möglichen Spender identifiziert: Männlich, ungefähres Alter, damalige Wohnregion, Ausbildungsgrad – dies genügt bereits, um den Gesuchten zu identifizieren. Mit solch erdrückendem Verdacht könnte die Herausgabe der DNA gerichtlich erzwungen werden. Wenn man dies denn wollte. Dass Genealogen weit mehr können, als Vergangenes zu dokumentieren, ist klar. Genealogen haben aufgrund der Fortschritte in der Genetik das Potential, im Hier und Heute Umstände zu klären, die ansonsten im Dunkeln bleiben würden.

Hannes Streif, geb. 1981, lic. iur., Rechtsanwalt in Baden mit Schwerpunkt Familien- und Erbrecht, Weiherstrasse 8, 5430 Wettingen, hannes.streif@chkp.ch