WALTHER PARSON

wurde 1966 geboren. Er studierte Biologie in Innsbruck, wo er 1999 promovierte und sich 2001 für Gerichtliche Medizin habilitierte. Ab 1994 baute er ein DNA-Labor am Institut für Gerichtliche Medizin auf. Er ist Leiter des Fachbereichs "High Throughput DNA Database Unit" und des Forschungsschwerpunktes "Forensische Molekularbiologie" am Institut für Gerichtliche Medizin der Medizinischen Universität Innsbruck. Er führte DNA-Untersuchungen an historischen Persönlichkeiten durch, wie zum Beispiel Wolfgang Amadeus Mozart, Friedrich Schiller und der russischen Zarenfamilie. Er ist Träger verschiedener Wissenschaftspreise.

27

Y-CHROMOSOM

Die Studie „Die Analyse des Y-Chromosoms in Tirol" versucht anhand sorgfältig ausgewählter DNA-Marker die Geschichte der Tiroler nachzuvollziehen. Oder anders ausgedrückt, das Projekt versucht zu klären, woher die Vorfahren jener Menschen kamen, die heute in Tirol leben. Genetische Informationen des nur über die väterliche Linie vererbten Y-Chromosoms eignen sich hervorragend zur Erforschung verschiedenster Aspekte der menschlichen Populationsgeschichte. Die dabei angewandten Methoden lassen tief in die Vergangenheit blicken, teilweise sogar in Zeiträume von denen kaum prähistorische Funde oder historische Dokumente vorhanden sind.

Neben Walther Parson haben Burkhard Berger und Harald Niederstätter am Gespräch teilgenommen.

Gefördert durch: Alpenforschung

DANK | Tiroler Wissenschaftsfond, LFU-Stipendium Innsbruck

Walther Parson: „Haben die Innsbrucker die gleiche Verteilung der Merkmale am Y-Chromosom, wie beispielsweise Bewohner einer abgelegenen Talschaft? Gibt es ein bestimmtes Muster, das für ganz Tirol repräsentativ wäre? Gibt es den typischen Tiroler und wenn ja, finden wir ihn? Wir erhofften uns natürlich, interessante Zusammenhänge zu finden, die mit der Geschichte Tirols in Verbindung stehen. Deshalb haben wir die Historikerinnen Elisabeth Dietrich-Daum und Michaela Fahlenbock um sachkundigen Beistand bei der Interpretation der Daten gebeten. Vielleicht würde uns das auch in die Lage versetzen, Aussagen über den genetischen Ursprung von Tirolern zu machen. In einem Alpenland wie Tirol, das geographisch sehr stark strukturiert ist, kann man davon ausgehen, dass die Verteilung der DNA-Muster von den Verkehrswegen abhängt." ***Nächste Seite |*** *Das Team bei der Arbeit im Stadtarchiv Innsbruck an der Schnittstelle von Geschichte und Molekularbiologie: Auswahl von alten Siedlungszentren, Siedlungsinseln und Zielorten historischer Migrationsströme.*

Protokoll
KARWENDEL TIROL

Herr Parson, Herr Berger, Herr Niederstätter mit Ihrer Methode der Erforschung von Herkünften der Menschen einer Region mittels Genanalyse, können Sie Jahrhunderte, ja sogar Jahrtausende zurück schauen, wahrscheinlich bis Adam und Eva. Wie kommt man auf die Idee, wie kommt man zu so einem Ansatz?

AI Also, bis Adam und Eva kommt man wahrscheinlich nicht, es hat vermutlich auch mehrere Adams und Evas gegeben. Die Idee zu unserer Studie ist 2003 entstanden, während einer wissenschaftlichen Tagung in Frankreich. Bei einem abendlichen Strandspaziergang in den Dünen von Arcachon, nach einem langen Seminartag, wurde diese Idee geboren. Es gab an diesem Tag einige Vorträge zu Y-chromosomalen Studien die mit geringer Probendichte entweder exotische Regionen oder aber sehr große Gebiete, mitunter ganze Kontinente, abdeckten. Deshalb konnten auch nur eingeschränkte Aussagen getroffen werden. Wir stellten uns die Frage, ob wir mit einem anderen Ansatz nicht wertvollere Hinweise gewinnen könnten. Was hätte da näher gelegen als eine Studie an unserem Einzugsgebiet, also das Bundesland Tirol, zu dem wir neben dem persönlichen Bezug auch einen guten Zugang zu den notwendigen Daten und Proben von Studienteilnehmern haben. Der Alpenraum war und ist deshalb interessant für uns, weil er sich aufgrund seiner geographischen Struktur sehr gut eignet, menschliche Besiedlungsweisen zu studieren, da durch die Gebirge natürliche Verkehrswege vorgegeben sind. Tirol als Gebirgsland weist die relevanten Strukturen auf, mit Tälern, die seit jeher Verkehrsströme in unterschiedlichem Ausmaß leiten, in denen Menschen gereist sind, um sich niederzulassen oder um einfach durchzureisen. Oft war es wohl eine Kombination aus beidem. Uns war klar, dass man für die populationsgenetische Untersuchung des Y-Chromosoms im Alpenraum nicht nur genetische, sondern auch geographische und historische Informationen braucht. Etwa historisch gesicherte Hinweise über die lokalen Zusammenhänge der Besiedlung von Talschaften und Städten, abhängig von Kriegen, Wirtschaftsfaktoren oder anderen Umständen, die demographisch wirksam sind. In der wissenschaftlichen Literatur ist leider nur wenig über Y-chromosomale DNA aus dem Alpenraum bekannt. Es gibt wohl Studien aus einigen Ballungszentren, wie den großen Städten Süddeutschlands, der Ostschweiz oder Norditaliens. Auch gibt es mehrere Studien über einzelne österreichische Stichproben. Die sind aber kaum repräsentativ, da jede für sich nur ein sehr kleines Einzugsgebiet abdeckt. Da kam uns die Idee, eine frühere Studie, in der wir zirka 200 Studienteilnehmer aus dem Innsbrucker Raum untersucht hatten, auszuweiten. Wir hofften natürlich, interessante Zusammenhänge zu finden, die mit der Geschichte Tirols in Verbindung stehen, und waren uns sofort einig, dass wir Historiker als Forschungspartner gewinnen wollen, um sachkundigen Beistand bei der Interpretation der neuen Daten zu haben. Vielleicht würde uns das auch in die Lage versetzen, Aussagen über den genetischen Ursprung von Tirolern zu machen, wo unsere Vorfahren einst lebten und ihre Wanderungen nachzuvollziehen. In einem Alpenland wie Tirol, das geographisch sehr stark strukturiert ist, kann man davon ausgehen, dass die Verteilung der DNA-Muster von den Verkehrswegen abhängt, die die Menschen benutzen konnten, um in jene Regionen zu gelangen, in denen sie heute leben.

FI Gibt es nicht schon Untersuchungsergebnisse dieser Art?

AI Es gibt bereits Studien über Populationen aus der Alpenregion, man kann aber davon ausgehen, dass die Stichproben nicht repräsentativ ausgesucht wurden, sondern einfach jene Proben analysiert wurden, die man zur Verfügung hatte. Wir wissen heute aber, dass die Besiedlung einer Stadt einem gänzlich anderen Schema folgt als die Besiedlung von ländlichen Gegenden. Und dass gesellschaftliche Faktoren wie Hochzeit, Familiengründung, Erbschaft oder Berufsleben in der Stadt anders ablaufen als am Land. Frühere Studien nahmen bei der Auswahl der Stichproben darauf zu wenig Rücksicht. Neben der Geographie ist natürlich die Wirtschaft ein wichtiger Aspekt. Wirtschaft als Motivation für Wanderung spielt neben Kriegen und Krankheiten eine sehr große Rolle. Das Institut für Geschichte und Ethnologie, das mit uns sowohl bei der Auswahl der Untersuchungsorte als auch bei der Interpretation der molekularbiologischen Daten zusammenarbeitet, beschäftigt sich unter anderem mit den wirtschaftlichen Einflüssen von Migrationen.

FI Warum wollen wir das wissen? Gibt es eine praktische Konsequenz daraus?

AI Das Wissen über die genetische Landkarte Tirols gibt uns Aufschluss über die Besiedlungsgeschichte des Landes. Stammen alle Tiroler von denselben Urahnen ab oder gibt es unterschiedliche Einflüsse? Woher kommen unsere Vorväter? Welche historischen Populationen und Kulturkreise haben dazu beigetragen? Unsere Daten liefern wichtige Beiträge für andere wissenschaftliche Disziplinen, wie zum Beispiel die Onomastik, die sich mit der Herkunft und Verbreitung von Namen beschäftigt.

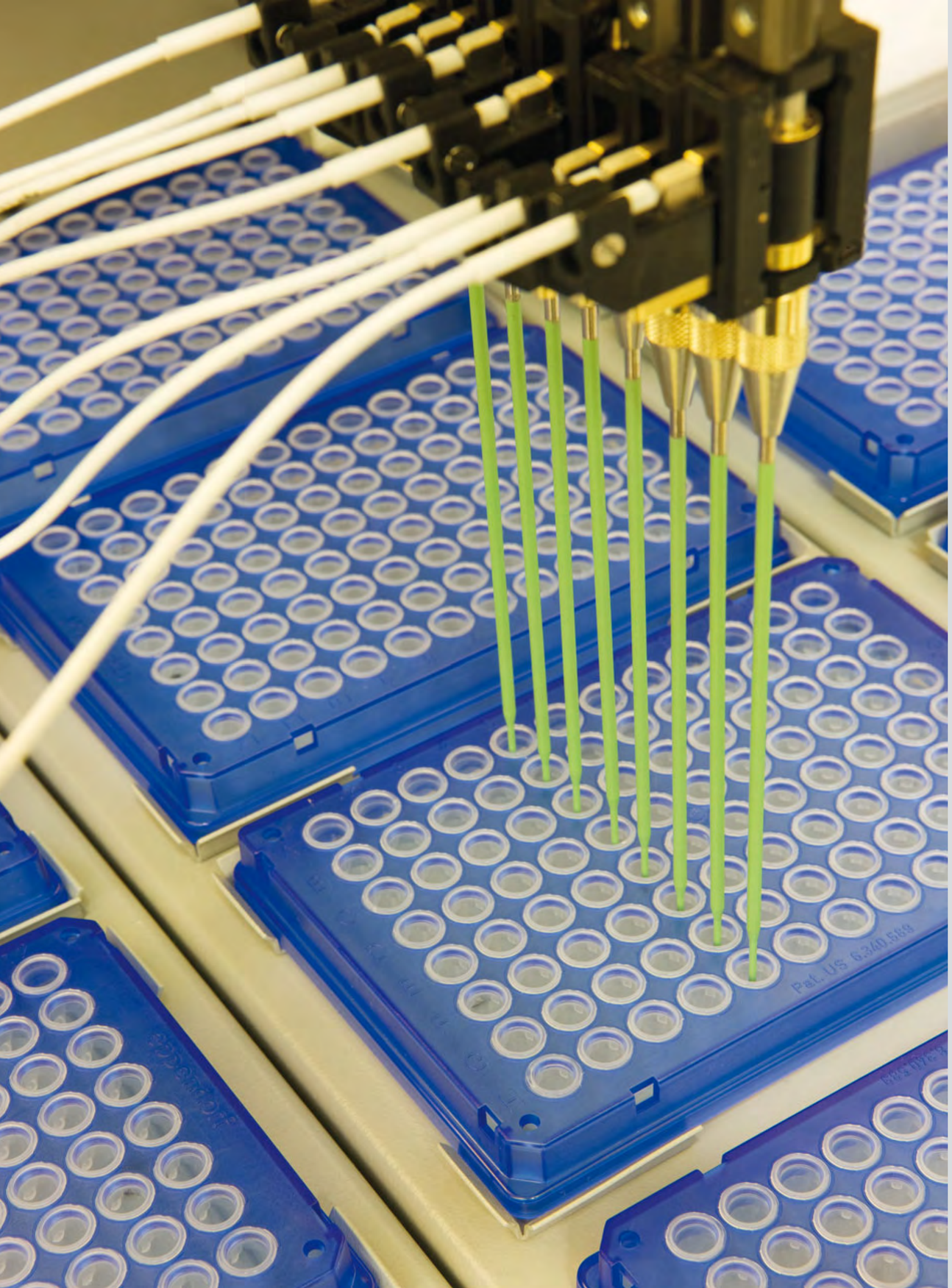
> BEI EINEM ABENDLICHEN STRANDSPAZIERGANG IN DEN DÜNEN VON ARCACHON, NACH EINEM LANGEN SEMINARTAG MIT VIELEN DISKUSSIONEN UND NEUEN DENKANSTÖSSEN, WURDE DIESE IDEE GEBOREN.

FI Wie gehen Sie in dem Projekt vor? Welche Talschaften oder Orte Tirols haben Sie ausgewählt?

AI Wir konzentrieren uns auf drei verschiedene Kategorien. Zunächst untersuchen wir Siedlungszentren, also dicht besiedelte Orte in einer verkehrsbegünstigten Lage an Haupttransitrouten. Weiters interessieren wir uns für Ortschaften, die von Kolonialisierung und Binnenmigration geprägt sind, zumeist wirtschaftlich motiviert. Dazu zählen Bergbauorte oder Tourismusregionen. In die dritte Kategorie fallen Orte mit isolierter Lage und topografisch eingeschränktem Zugang, zum Beispiel am Ende einer Talschaft oder kleine Bergdörfer. Wir bezeichnen diese als Siedlungsinseln. Zunächst mussten wir eine Auswahl geeigneter Untersuchungsorte treffen. Folgende Kriterien waren dabei entscheidend: Die geographische Lage, die historische Faktenlage und die logistische Möglichkeit, dort Studienteilnehmer zu gewinnen. Das geographische Umfeld eines Ortes spielt eine große Rolle für seine Besiedlungsgeschichte. Das Wipptal ist beispielsweise als Transitroute bekannt, nicht nur in heutiger oder römischer Zeit. Der relativ einfach zu überwindende Brennerpass galt wohl schon immer als eine der wichtigsten Nord-Südverbindungen in

Ein wertvoller Schatz sicher verwahrt. Die DNA wird in Mikrotiter-Platten verarbeitet und bei minus 80 Grad Celsius gelagert.
Nächste Seite | *Der forschende Blick von Burkhard Berger in die Vergangenheit. Die Kontrolle von DNA-Profilen ist nach wie vor Handarbeit.*

GeneScan 3.7 - [untitled Display 2]
File Edit Project Sample Settings View Windows Help
9120
7980
6840
5700
4560
3420
2280
1140
0



den Zentralalpen. Andere Täler hingegen weisen eine geringere Durchzugsrate auf, weil sie mit einem schwieriger zu überwindenden Übergang enden, wie zum Beispiel das Ötztal.

F| Was versteht man eigentlich unter dem Y-Chromosom?

A| Das Y-Chromosom bezeichnet einen Abschnitt des männlichen Erbguts (DNS, Desoxyribonukleinsäure, englisch DNA). Ein Großteil des Y-Chromosoms wird fast unverändert vom Vater an den Sohn vererbt. Natürlich trägt auch der Großvater wie alle anderen über die männliche Linie Verwandten dieselbe Y-chromosomale DNA. Mit der Analyse Y-chromosomaler Marker können wir also weit in die menschliche Vergangenheit blicken, da heute lebende Männer Träger individueller Vererbungslinien sind, die vor sehr langer Zeit entstanden sind. Diese Information können wir verwenden, um zum Beispiel verwandtschaftliche Zusammenhänge zwischen verschiedenen Populationen festzustellen, die heutzutage durchaus weit voneinander entfernt leben.

F| Warum ist das so? Warum spielt die Frau in der Vererbung dieser Merkmale keine Rolle?

A| Frauen tragen kein Y-Chromosom in ihrem Genom, deshalb würde die Analyse Y-chromosomaler Marker gar nicht greifen. Im Gegensatz zum Mann, der die beiden Geschlechtschromosomen X und Y besitzt, weist das weibliche Genom zwei X-Chromosomen auf. Wir denken allerdings daran, in einem weiterführenden Projekt andere DNA-Abschnitte zu betrachten. Interessant wäre zum Beispiel auch die mitochondriale DNA, die nur von der Mutter, also über die weibliche Linie, an die nächste Generation weitergegeben wird.

F| Was sind Y-chromosomale DNA - Marker?

A| Die Y-chromosomale DNA enthält eine Unmenge an genetischer Information. Für unsere Studie wird ein Anteil von einigen hundert Nukleobasen untersucht. Die menschliche DNA besteht aus zwei DNA-Einzelsträngen, die sich aus einem Rückgrat von Zucker- (Desoxyribose) und Phosphatmolekülen und den vier verschiedenen Nukleobasen Adenin, Cytosin, Guanin und Thymin zusammensetzen. Diese Nukleobasen stellen die in diesem Zusammenhang kleinste Informationseinheit dar, vergleichbar einem „ Bit" in der Computertechnik. In ausgestreckter Form beträgt die Länge eines menschlichen Genoms zirka eineinhalb Meter und enthält etwa drei Milliarden Nukleobasen, die an diesem „Faden" wie Perlen aufgefädelt vorliegen. Die Abfolge der Nukleobasen wird auch als Sequenz bezeichnet. Untersuchen wir die DNA einer Person, betrachten wir tatsächlich Abschnitte ihrer DNA-Sequenz. Beim Vergleich zweier DNA-Sequenzen können wir Gemeinsamkeiten, aber auch Unterschiede feststellen. Sequenzunterschiede entstehen spontan durch so genannte Mutationen. Das sind ungerichtete, großteils zufällige Veränderungen in der DNA-Sequenz. Gelangt eine Mutation in die Keimbahn, wird sie an die nächste Generation durch Vererbung weitergegeben. Alle Träger einer solchen Mutation sind miteinander verwandt, wenn diese nur einmal auftrat und dann natürlich auch stabil blieb. In unserer Studie sind also die Mutationen die DNA-Marker, die wir untersuchen, um Verwandtschaft und letztlich damit die Besiedlungsgeschichte zu beschreiben. Das für den Erfolg unserer Studie maßgebliche Kriterium ist die geeignete Auswahl der Marker.

F| Welche DNA – Marker verwenden Sie nun in der Tirolstudie?

A| Hier eignet sich ein Vergleich mit der Mikroskopie: Bei der Betrachtung eines Präparates verwendet man unterschiedlich stark vergrößernde Objektive. Zunächst versucht man sich auf dem Objektträger zurechtzufinden und benützt eine 10-fache Vergrößerung. Später will man detaillierte Strukturen betrachten und schaltet auf ein stärkeres Objektiv um. Bei populationsgenetischen Studien ist das ähnlich. Zunächst verwenden wir DNA-Marker, die eine geringe Auflösung haben, das heißt, wir untersuchen Mutationen, die in der menschlichen Geschichte nur sehr selten, bestenfalls nur einmal aufgetreten sind. Damit können wir heute lebende Personen so genannten Großhaplogruppen zuordnen, die in den letzten 50.000 Jahren den europäischen Kontinent besiedelt haben. Wenn wir stärker auflösende Marker verwenden – also Mutationen, die innerhalb der Großhaplogruppen entstanden sind – können wir Details der

> MIT DER ANALYSE Y-CHROMOSOMALER MARKER KÖNNEN WIR WEIT IN DIE MENSCHLICHE VERGANGENHEIT BLICKEN.

menschlichen Migrationen erforschen, wie zum Beispiel die Wiederbesiedelung des zentral- und nordeuropäischen Kontinents aus den südlichen Refugialgebieten nach der letzten großen Eiszeit vor zirka 15.000 Jahren oder noch jüngere Ereignisse. Die wissenschaftliche Bezeichnung der dafür verwendeten DNA-Marker ist „SNPs" (=Single Nucleotide Polymorphisms; Einzelnukleotidunterschiede), wobei wir zuerst ein geeignetes Set an SNPs auswählen mussten. Wir analysieren also einzelne, sorgfältig ausgesuchte Nukleinbasen des Y-Chromosoms.

F| Sie sprachen vom Vergleich zwischen verschiedenen Talschaften. Geben die Y-chromosomalen SNPs darüber genügend Auskunft?

A| Diese Frage können wir nach Abschluss der Studie beantworten. Wahrscheinlich brauchen wir dafür aber noch zusätzliche DNA-Marker. Deshalb analysieren wir auch andere Regionen der Y-chromosomalen DNA, die hoch auflösend sind, also eine sehr hohe Mutationsrate besitzen. In unserem Mikroskopvergleich entspräche das einer sehr starken Vergrößerung, die feine Details der Bevölkerungsstruktur zeigt. Diese DNA-Marker sind unter dem Namen „STRs" (=Short Tandem Repeats, kurze Sequenzwiederholungen) bekannt.

F| Wo liegen diese Marker auf der DNA? Sind das die Gene?

A| An dieser Stelle ist es wichtig zu betonen, dass wir für die Studie lediglich Marker verwenden, die in nicht-codierenden Regionen der DNA liegen. Das heißt, diese DNA-Sequenzen werden in der Zelle nicht in Aminosäureketten umgeschrieben (Transkription und Translation) und geben damit keine Information über phänotypische Merkmale des untersuchten Studienteilnehmers, wie zum Beispiel dessen körperliche Merkmale, genetische Prädispositionen für vererbbare Krankheiten oder psychische Neigungen. Sie sind also medizinisch „wertfrei". Wir verwenden bewusst DNA-Marker, deren Ausprägung nur Auskunft über die großräumige Verwandtschaft von Personen geben kann. Wir untersuchen keine Gene.

Für die Untersuchungen werden nur wenige Tropfen Blut von jedem Studienteilnehmer gebraucht. Die Auswahl der Untersuchungsorte führte bisher zu einer Zahl von insgesamt zirka 3.800 Proben. Im Vergleich zu früheren Studien von 100-200 Personen ist das natürlich ein sehr großer Fortschritt.

F| Welche Rolle spielen die Historiker in diesem Projekt?

A| Die historische Faktenlage ist entscheidend für die Interpretation der Daten. Die Historiker haben Zugang zu Quellen, auf denen die traditionelle Geschichtsschreibung basiert. Das sind einschlägige historische Studien, Hochzeits- und Sterbematrikel, Kirchenregister und andere. Die Datenlage ist unterschiedlich, von manchen Orten gibt es eine gut erhaltene Dokumentation, von anderen nicht. Die Historikerinnen des Instituts für Geschichte und Ethnologie halfen uns bei der Auswahl geeigneter Untersuchungsgebiete und arbeiten die Daten für eine umfassende Interpretation auf.

F| Wie kommen Sie zum wissenschaftlichen, genetischen Material. Ich nehme an, Sie brauchen von den Menschen Blut.

A| Ja, wir untersuchen die DNA aus Blutproben, könnten aber genauso gut auch mit anderen Geweben – zum Beispiel Abrieben der Mundschleimhaut – arbeiten. Als Grund für die Verwendung von Blut kommt unser zweiter Kooperationspartner ins Spiel, das Zentralinstitut für Bluttransfusion und Immunologische Abteilung, kurz die „Blutbank Innsbruck" des Tiroler Landeskrankenhauses. Dieses Institut koordiniert gemeinsam mit dem Tiroler Roten Kreuz die landesweiten Blutspendeaktionen und arbeitet die gewonnenen Blutproben auf. Auf diesem Weg erhalten wir die Blutproben für unsere Untersuchungen. Konkret verwenden wir Überschussmaterial, das im Rahmen der Blutspendeaktion anfällt. Die ersten Milliliter Blut gehen nämlich nicht in die Spende, sondern in ein eigens dafür vorgesehenes Behältnis, da sich dort noch Keime von der Hautoberfläche des Spenders befinden können. Dieser Überschuss wird normalerweise nicht verwendet, wir können ihn aber hervorragend für unsere Studie nutzen. Das heißt, die Studienteilnehmer müssen keine zusätzliche Probe geben, und es geht kein Milliliter der Spende durch unsere wissenschaftliche Studie verloren.

F| Was sagen Sie diesen Leuten?

A| Wir haben einen Informationsbogen ausgearbeitet, der die Studienteilnehmer über die Ziele der wissenschaftlichen Arbeit informiert. Dieser dient beim persönlichen Gespräch im Rahmen der Blutspendeaktion vor Ort als Grundlage für die Erläuterungen. Weiters stellen wir im Internet detaillierte Informationen über den Studienplan, die Untersuchungsorte und die molekularbiologischen Grundlagen zur Verfügung (www.tirol-studie.at). Die Teilnahmebereitschaft der Bevölkerung ist erfreulich hoch, über 85 Prozent der befragten Personen stimmten zu. Diese Personen interessieren sich für Tirol als historisches Siedlungsgebiet und die Erforschung der Herkunft ihrer Urahnen. Wir erklären ihnen, dass wir mit den DNA-Markern verschiedene Zeiträume unserer Vergangenheit beleuchten können.

F| Wieviel Blut brauchen Sie pro Spender und wie viele Proben müssen für die Studie genommen werden?

A| Wir brauchen wenige Tropfen Blut von jedem Studienteilnehmer. Die Auswahl der Untersuchungsorte führte bislang zu einer Zahl von insgesamt zirka 3.800 Proben. Im Vergleich zu früheren Studien von 100 bis 200 Personen ist das natürlich ein sehr großer Fortschritt. Zudem sind die Daten auch sehr gut charakterisiert. Wir kennen die Ortschaft aus der ein Studienteilnehmer stammt, seinen Namen und den seines Vaters beziehungsweise Großvaters, sowie deren Geburtsorte. Somit können wir einheimische Bevölkerungsanteile von jüngeren Zuzügen unterscheiden.

F| Sie haben also authentisches Material?

A| Damit haben wir eine wissenschaftlich hoch qualifizierte Datengrundlage, die ihresgleichen sucht.

F| Braucht man für solche Forschungsprojekte eine Genehmigung?

A| Selbstverständlich. Wir mussten die Studie in allen Details der Ethikkommission der Medizinischen Universität Innsbruck vorlegen. Sie wurde von den Kommissionsmitgliedern mit großem Wohlwollen befürwortet. Besonders gewürdigt wurden unsere Vorkehrungen zum Schutz der personenbezogenen und molekularbiologischen Daten.

F| Wie geht die Ethikkommission vor?

A| Die Ethikkommission prüft die Qualifikation des Studienleiters, die Einhaltung der Richtlinien für wissenschaftliche Studien, das Risiko für den Studienteilnehmer, wie auch die statistischen Methoden, die bei der Auswertung der Daten verwendet werden. Sie evaluiert die geplanten Untersuchungsmethoden und die ausgewählten DNA-Marker und stellt fest, ob die Forschungsinstitution die notwendigen fachlichen und rechtlichen Voraussetzungen erfüllt. Sie überprüft auch, ob die Anonymität der Studienteilnehmer gewahrt bleibt.

F| Das heißt, der Gesetzgeber hat Regeln aufgestellt und die Ethikkommission überwacht die Einhaltung dieser Regelung. Und Sie müssen der Ethikkommission das genaue Vorhaben darstellen?

A| Richtig. Die Kommission überprüft den Antrag und lädt dann zu einer Sitzung ein, bei der die Studie vorgestellt wird. Die Kommission besteht aus akademischen Fachkräften für verschiedene Verantwortungsbereiche, darunter Mediziner, Biologen und Juristen. Sie hat diese Studie für sehr interessant und uneingeschränkt förderungswürdig empfunden und daher für unbedenklich erklärt.

F| Wer arbeitet konkret am Projekt mit?

GIBT ES DEN „TYPISCHEN TIROLER" UND, WENN JA, FINDEN WIR IHN?

A| Das Institut für Gerichtliche Medizin ist vertreten durch den Institutsvorstand und administrativen Studienleiter Richard Scheithauer. Die Arbeiten werden von den Biologen Burkhard Berger, Harald Niederstätter und Daniel Erhart (Doktorand) durchgeführt, der Biologe Walther Parson ist der wissenschaftliche Studienleiter. Das Institut für Geschichte und Ethnologie unter Leitung von Brigitte Mazohl-Wallnig ist operativ mit der Leiterin der Arbeitsgruppe, Elisabeth Dietrich-Daum, beteiligt sowie mit Wolfgang Meixner und der Doktorandin Michaela Fahlenbock. Der Biologe Christoph Gassner koordiniert die Schnittstelle zwischen dem Institut für Gerichtliche Medizin und dem Zentralinstitut für Bluttransfusion und Immunologische Abteilung, unter Leitung von Harald Schennach.

F| Ist das eine typische Studie für ein gerichtsmedizinisches Institut? Medial sind sie ja als kriminalistisches Labor, Stichwort CSI, bekannt beziehungsweise durch die DNA-Untersuchungen an historischen Persönlichkeiten wie Mozart, Schiller oder der russischen Zarenfamilie.

A| Das Institut für Gerichtliche Medizin in Innsbruck führt das Österreichische DNA-Zentrallabor des Bundesministeriums für Inneres. In dieser Funktion wird hier der Großteil aller kriminalistischen DNA-Untersuchungen Österreichs durchgeführt und das Institut fungiert als Berater des Bundeskriminalamtes in wissenschaftlichen Belangen. Darüber hinaus unterhält das Institut verschiedene Forschungsgruppen, darunter jene der forensischen Molekularbiologie, welche stark verwoben mit anderen medizinischen und genetischen Institutionen weltweit kooperiert. Die Tirolstudie wurde durch gerichtsmedizinische und populationsgenetische Fragestellungen inspiriert und wird interdisziplinär mit geisteswissenschaftlichen Disziplinen durchgeführt. Damit können wir unterschiedliche wissenschaftliche Beiträge leisten, die weit über den rein gerichtsmedizinischen Rahmen hinaus reichen.

F| Ist die Gerichtsmedizin Innsbruck für so ein großes Studienvorhaben gerüstet? Sie haben kleinste Mengen Blut von knapp 4.000 Menschen aus ganz Tirol. Was machen Sie damit konkret?

A| Das DNA-Labor am Gerichtsmedizinischen Institut in Innsbruck rangiert technologisch und wissenschaftlich im internationalen Spitzenfeld. Die im Rahmen der Studie avisierte Probenzahl ist für dieses Labor logistisch leicht zu bewältigen. Komplexer wird die interdisziplinäre Interpretation der Ergebnisse, hier betreten wir Neuland und können nicht auf Erfahrungswerte zurückgreifen.

F| Reden wir vielleicht einmal über die technische Seite. Wie gehen Sie vor?

A| Zunächst werden die Proben fachgerecht gelagert und die personenbezogenen Daten elektronisch gesichert verwaltet. In unserem Labor wird die DNA aus den kernhältigen Blutzellen extrahiert, gereinigt und untersucht.

F| Können Sie beschreiben, was mit dem Blut konkret passiert?

A| Im Zuge der Extraktion wird ein Teil einer Blutprobe physikalisch und chemisch behandelt, um die einzelnen Komponenten zu trennen. So wird die DNA in wässrige Lösung gebracht und von Eiweißen, Fetten und anderen Zellbestandteilen gereinigt. Um die entscheidende Information aus der DNA zu lesen, benutzen wir etablierte molekularbiologische Methoden. Sie wurden im Rahmen der technischen Vorbereitung für diese Studie extra modifiziert. Mithilfe der so genannten Polymerase-Kettenreaktion, kurz PCR, werden spezifische Abschnitte der DNA vervielfältigt, eine molekulare Kopiermaschine. Die resultierenden DNA-Fragmente enthalten die relevante genetische Information. Für die STR-Analytik wird dies durch eine präzise Längenabmessung des Fragments bestimmt. Bei der SNP-Untersuchung wird das entscheidende Nukleotid im Fragment durch eine spezielle Variante der DNA-Sequenzierung – dem sogenannten „Minisequencing" – ermittelt.

F| Wie werden solche Marker sichtbar gemacht?

A| In beiden Fällen, STRs und SNPs, verwenden wir so genannte Kapillargelelektrophorese-Geräte, mit denen man sowohl die Fragmentlänge als auch die Art und Position von Nukleotiden sehr präzise bestimmen kann. Mithilfe von Fluoreszenzmarkierung und einer CCD-Kamera wird die genetische Information quasi aufgefangen, in elektronische Signale umgewandelt und schließlich graphisch präsentiert. Ein Wissenschaftler kann dann die Ergebnisse bei der Betrachtung der Signale bewerten und analysieren. Er erkennt die relevanten Abschnitte als farbige Flecke oder als Zonen größerer Intensität. Wir nennen sie „Peaks".

F| Und die Peaks zeichnen Sie auf?

A| Das wird mit Standardverfahren per Computer aufgezeichnet und als Bilddatei abgelegt, die man auch ausdrucken kann. Dieses Bild ist die Information, auf die wir zurückgreifen, um die Unterschiede am Y-Chromosom zu sehen und es in eine entsprechende Haplogruppe einzuordnen. Wir gleichen das Resultat jeder Probe mit der bereits bekannten genetischen Landkarte Europas ab und können feststellen, ob beispielsweise Übereinstimmungen zu Merkmalshäufungen in nordost- oder südeuropäischen Regionen erkennbar sind.

F| Das Projekt ist jetzt ungefähr an der Hälfte angelangt. Können Sie, aus dem was Sie bisher gesehen haben, schon einen Trend ablesen, auch wenn dieser noch nicht gesichert ist?

A| Wir haben eine sehr gute Ausbeute an DNA-Ergebnissen. Das bestätigt die für diese Studie entwickelte Laborstrategie. Die erste Betrachtung der Daten zeigt, dass die genetische Landkarte von Tirol sehr bunt ist, das heißt, wir sehen eine Vielzahl an Unterschieden zwischen den untersuchten Regionen.

F| Heißt das, Tirol ist ganz massiv durchmischt?

A| Durchmischt ist nicht der richtige Ausdruck. Das bunte Muster der DNA kann auf unterschiedlich starke Häufungen von nahe verwandten DNA-Merkmalen zurückgeführt werden. Durchmischt würde heißen, dass es zwar viele verschiedene Y-chromosomale Muster gibt, diese aber geographisch gleichmäßig verteilt sind. Das wäre zwar aus unserer Sicht weniger spannend, wir müssten es aber natürlich auch hinnehmen. Aber die ersten Ergebnisse zeigen, dass es sogar zwischen nahe gelegenen Orten oder benachbarten Talschaften deutliche Unterschiede gibt. Hier haken wir nach und vergleichen die Ergebnisse mit der historischen Faktenlage.

F| Das heißt, salopp gesagt, der Pitztaler und der Ötztaler sind mit ihren Methoden unterscheidbar?

A| Es kommt auf den relativen Bezug an: Natürlich erkennen wir in den DNA-Ergebnissen verschiedener Talschaften eine gemeinsame Herkunft, die Unterschiede sind kleine, aber deutlich erkennbare Nuancen, persönliche Noten sozusagen. So finden wir vielleicht Merkmale, die besonders häufig im Pitztal sind und selten im Ötztal, und andere Merkmale, für die das Umgekehrte gilt. Wir stellen also unterschiedliche „Dialekte" fest, will man einen Vergleich mit der Sprache ziehen. •••

Nächste Seite | *Das interdisziplinäre Team von Historikerinnen und Biologen. Von links: Christoph Gassner, Walther Parson, Elisabeth Dietrich-Daum, Harald Niederstätter, Burkhard Berger, Michaela Fahlenbock, Daniel Erhart.*