



the sunshine project

22. Oktober 2003

Ethnisch spezifische biologische Waffen

Aktuelle Genom-Daten zeigen, dass ethnisch spezifische genetische Marker in großer Zahl existieren

Die Entwicklung von ethnisch spezifischen Waffen, die nur Menschen einer bestimmten Population treffen, galt bislang als – theoretisch wie praktisch – unmöglich und wird in der Regel als Science Fiction abgetan. Vor allem Genetiker haben in der Vergangenheit vehement argumentiert, dass überhaupt keine ethnisch spezifischen Gene existieren würden, die für entsprechende biologische Waffen nutzbar wären. Zudem galt es auf der praktischen Seite als äußerst unwahrscheinlich, dass eine genetische Variabilität, so sie denn überhaupt existieren würde, für Waffeneffekte genutzt werden könnte. Beides muss aus heutiger Sicht als überholt gelten. Angesichts der rasanten technischen Entwicklung in Biologie und Medizin erscheinen ethnische Waffen heute tatsächlich machbar.

So gibt es bereits neue Technologien, um spezifische Gensequenzen als Marker oder Auslöser für eine biologische Aktivität zu verwenden. Eine Analyse des Sunshine Projects von aktuellen Daten des Human Genom Projektes hat zudem ergeben, dass Hunderte oder gar Tausende von Gensequenzen im menschlichen Genom vorliegen, die als Zielsequenzen für populationsspezifische Waffen dienen könnten. Die erst kürzlich veröffentlichte Entdeckung einer taiwanesischen Forschergruppe, dass schwere SARS-Fälle mit einem spezifischen genetischen Profil assoziiert sein könnten¹, ist ein weiterer Hinweis darauf, dass – natürliche oder von Menschen gemachte – Infektionskrankheiten entlang genetischer oder ethnischer Grenzen wirken können.

Ethnische Waffen müssen nicht unbedingt eine tödliche Wirkung haben. Sie könnten einen Gegner auch nur vorübergehend außer Gefecht setzen bzw. eine dauerhafte körperliche Schwächung verursachen oder auch sterilisierend wirken. Ihr möglicher Einsatz ist nicht auf klassische Kriege begrenzt, sondern kann vielmehr auch im Rahmen von verdeckten Operationen in lang anhaltenden Konflikten erfolgen, um eine gegnerische Gesellschaft auf Dauer sozial oder ökonomisch zu schwächen.

Die Umsetzung spezifischer genetischer Sequenzen in einen biologischen Effekt

Aus der Sicht der Waffenentwickler wären Technologien optimal, die eine beliebige genetische Sequenz in einen beliebigen biologischen oder Waffeneffekt umsetzen könnten, d.h. wenn die Art des Effektes völlig unabhängig von der jeweiligen Funktion der Gensequenz wäre. Dann könnten sogar Sequenzen in ‚ruhenden‘ Abschnitten der DNA für einen Waffeneffekt genutzt werden. Derartige Technologien stehen – nach unserem Wissen – bislang jedoch (noch) nicht zur Verfügung.

Es gibt allerdings bereits Techniken, die Gene mit einer spezifischen Sequenz hemmen können. Sie zielen auf die so genannte mRNA, das Molekül, das die genetische Information von der DNA zum Ort der Proteinsynthese innerhalb der Zelle vermittelt. Eine dieser neuen Techniken, die *RNA interference* (RNAi), basiert auf dem zelleigenen Mechanismus, dass spezifische RNA-Sequenzen abgebaut

¹ Veröffentlicht in der September 2003 Ausgabe von BioMed Central Medical Genetics, online unter <http://www.biomedcentral.com/1471-2350/4/9> (Lin et al. 2003).

werden, wenn ein externes RNA-Molekül der gleichen Sequenz in die Zelle eintritt (eine Übersicht findet sich bei Cerutti 2003). Einen ähnlichen Ansatz verfolgt die *antisense* Technologie, bei der die zelleigene mRNA dadurch gehemmt wird, dass von außen ein DNA-Molekül mit passender (antisense) Sequenz zugeführt wird. Diese Technik wird bereits in der Entwicklung von pharmakologischen Wirkstoffen eingesetzt, unter anderem von der US-Firma Ibis Therapeutics.²

Mit beiden Techniken lassen sich Gene mit einer spezifischen Sequenz hemmen. Wenn in diesen Genen Sequenzunterschiede zwischen verschiedenen Populationen vorliegen, könnte das dazu genutzt werden, sie spezifisch in einer Population zu hemmen, während Menschen anderer Populationen davon unbeeinträchtigt bleiben. Um diese Techniken für die Waffenentwicklung nutzen zu können, müssten populationsspezifische Sequenzen in Genen identifiziert werden, die eine aktive und lebenswichtige Funktion im menschlichen Körper haben.

Ethnisch spezifische genetische Marker

Die Frage ist, ob derartige Marker überhaupt existieren. Marker, die nur in einer Population – wenigstens zu einem gewissen Prozentsatz – vorhanden sind, aber nicht in anderen Populationen. Viele Humangenetiker betonen, dass die genetische Diversität innerhalb einer menschlichen Population sehr viel größer sei als die zwischen verschiedenen Bevölkerungsgruppen. Diese Ansicht spiegelt sich auch in einem Hintergrundpapier der britischen Regierung wider, das zur letzten Überprüfungskonferenz der Biowaffenkonvention im Jahre 2001 veröffentlicht wurde. Dort heißt es: *“there is as yet no indication of differences that could be used as the basis for ‘genetic weapons’ which would target particular ethnic groups”*.³

Es heißt, dass 99,9% der genetischen Bausteine von zwei Menschen identisch sind. Dabei darf jedoch nicht übersehen werden, dass die verbleibenden 0,1% immerhin noch 3 Millionen ‚Buchstaben‘ im genetischen Alphabet ausmachen. Da es nur einige zehntausend Gene im menschlichen Genom gibt, kann selbst bei einer 99,9 prozentigen Übereinstimmung der Gensequenz von zwei Individuen jedes einzelne Gen einen mehr oder weniger großen Unterschied aufweisen. Ein Teil dieser enormen genetischen Diversität spiegelt sich auch in Unterschieden zwischen verschiedenen Bevölkerungsgruppen wider. Diese ‚genetischen‘ Populationen korrespondieren oft auch mit kulturell determinierten ethnischen Gruppen (für eine detaillierte Diskussion der problematischen ethnospezifischen genetischen Forschung siehe Sankar & Cho 2002, Aldhous 2002, Schwartz 2001, Wood 2001).

Cytochrom P450 Gene

In der Vergangenheit wurden unter anderem die vielen Gene des Cytochrom P450-Systems als mögliche Zielsequenzen für ethnischen Waffen diskutiert, weil sie einerseits eine hohe ethnische Diversität zeigen und andererseits bei der Entgiftung toxischer Substanzen eine zentrale Rolle spielen. Es wurde spekuliert, dass möglicherweise ethnische Gruppen mit speziellen Polymorphismen in einem Cytochrom P450-Gen nicht in der Lage wären, bestimmte biologische bzw. chemische Waffen zu entgiften und deshalb von diesen stärker betroffen werden könnten.

Aus unserer Sicht sind diese Gene jedoch für militärische Zwecke wenig geeignet, da die ethnische Diversität hier in fast allen Fällen eine Variation in den Allelfrequenzen meint und nicht eine Situation, in der eine Population ein Allel überhaupt nicht trägt während es in einer anderen Population signifikant vertreten ist. Zudem besteht das Cytochrom P450-System aus mehreren Dutzend Enzymen mit zum Teil überlappenden Aktivitäten. Es erscheint wenig wahrscheinlich, dass eine bestimmte chemische Substanz entwickelt werden kann, die ausschließlich von einem bestimmten P450 Enzym mit einer echten Populationspezifität verstoffwechselt wird.

² www.ibisrna.com.

³ Background paper on new scientific and technological developments relevant to the convention on the prohibition of the development, production and stockpiling of bacteriological (biological) and toxin weapons and on their destruction. BWC/CONF.V/4/Add.1, 26. Oktober 2001.

Für eine Entwicklung ethnischer Waffen bedeutet ‚populationsspezifisch‘ jedoch mehr als nur eine gewisse Variation von Allelfrequenzen in verschiedenen Bevölkerungsgruppen – es dürfte wohl kaum eine Waffe entwickelt werden, deren genetische Zielsequenz auch in der Bevölkerung des Aggressors vorhanden ist. Aus einer militärischen Perspektive würde ‚populationsspezifisch‘ deshalb bedeuten, dass die entsprechenden Gensequenzen gar nicht oder nur zu einem sehr geringen Teil in einer Population (der des Aggressors) vertreten sind.⁴

Während es sicherlich optimal wäre, wenn ein sehr hoher Anteil – bis zu 100% – der Zielpopulation die entsprechende genetische Sequenz trägt, ist das keinesfalls eine Grundvoraussetzung für militärisch sinnvolle Waffen. Selbst wenn nur 10% oder 20% einer Bevölkerung davon betroffen wären, hätte dies einen katastrophalen Effekt auf die betroffene Armee bzw. Gesellschaft. Das heißt, dass bei einer Diskussion um geeignete genetische Marker für ethnische Waffen solche Gensequenzen relevant sind, die in einer Population eine Frequenz nahe Null aufweisen und in einer anderen Population eine ausreichend hohe Frequenz aufweisen. Im Rahmen der vorliegenden Untersuchung sind wir davon ausgegangen, dass eine Frequenz von 20% oder höher als ausreichend für militärische Zwecke angesehen werden kann.

Unsere systematische Suche in zwei Datenbanken hat ergeben, dass derartige genetische Sequenzen in unerwartet hoher Zahl tatsächlich existieren. In dieser Analyse haben wir uns auf so genannte Einzelnukleotid-Polymorphismen (*single nucleotide polymorphisms* – SNPs) konzentriert, die die weitaus häufigsten genetischen Variationen im menschlichen Genom darstellen. SNPs sind Variationen in einzelnen Buchstaben der DNA-Sequenz. In den vergangenen Jahren wurden mehrere Millionen SNPs durch verschiedene industrielle oder öffentlich finanzierte Institutionen identifiziert. Das SNP Consortium (TSC), das von mehreren pharmazeutischen Firmen und gemeinnützigen Organisationen getragen wird, unterhält eine öffentlich zugängliche Datenbank mit einer großen Zahl an SNPs. Eine andere Datenbank, die SNP500Cancer Database, wird vom Cancer Genome Anatomy Project der US National Institutes of Health betrieben.

In beiden Datenbanken finden sich für einige SNPs Angaben zu Allelfrequenzen in verschiedenen Populationen. Wir haben fast 300 SNPs (aus kodierenden Regionen oder Genen⁵) aus beiden Datenbanken analysiert. Ein unerwartet hoher Anteil davon war tatsächlich populationsspezifisch: Bei 6,7% der SNPs in der TSC-Datenbank (siehe Tabelle 1) und bei 1,6% der SNPs der SNP500Cancer Database⁶ war ein Allel in einer der untersuchten Populationen überhaupt nicht vertreten während es gleichzeitig eine Frequenz von mindestens 20% in wenigstens einer anderen Population hatte.

⁴ Es stellt sich allerdings die Frage, wie gut diese ‚Null‘-Frequenz auf Seiten des Angreifers tatsächlich sein muss. Das könnte stark vom jeweiligen Effekt der ethnischen Waffen sowie vom politischen System des Aggressors abhängen. So ist es vorstellbar, dass Diktaturen einen gewisser ‚Kollateralschaden‘ in der eigenen Bevölkerung wohl eher in Kauf nehmen würden als andere Gesellschaften. Auch wenn die jeweilige Waffe nicht tödlich wirkt, sondern eher langfristige Effekte wie Sterilität hervorruft, könnten Opfer in den eigenen Reihen eher in Kauf genommen werden. Bei einem Einsatz in Kriegssituationen bzw. Gefechten könnte ein Angreifer auch die eigenen Soldaten entsprechend auswählen bzw. gezielt prophylaktisch behandeln.

⁵ Wie bereits oben diskutiert ist es wohl heute noch eine Grundbedingung ethnischer Waffen, dass die Zielsequenzen nicht in ruhenden Teilen des humanen Genoms liegen, sondern in kodierenden Sequenzen mit einer aktiven Funktion im menschlichen Körper. Solange keine neuen Technologien zur Verfügung stehen, die sogar inaktive genomische Sequenzen in einen gewünschten biologischen Effekt umsetzen können, scheint dies die Voraussetzung dafür zu sein, genetische Variation in Waffeneffekte umzusetzen.

⁶ <http://snp500cancer.nci.nih.gov/snplist.cfm>. In diesem Programm wurde das Genom von insgesamt 102 Individuen untersucht, die nach eigenen Angaben folgender Abstammung waren: Afro-Amerikaner (24 Individuen), Kaukasier (31), Hispanics (23), Pazifik (*pacific rim*, 24). In dieser Datenbank haben wir 193 zufällig ausgewählte SNPs (alle validierten SNPs in den Chromosomen 6 und 10) analysiert. Insgesamt zeigten davon 24 SNPs (12%) eine Frequenz von 0% in einer Population und $\geq 10\%$ in einer anderen Population. Drei davon (1,6%) hatten eine Frequenz von $\geq 20\%$ in einer Population.

Chrom. #	Anzahl der SNPs mit TSC-ID und Frequenzdaten für 2 oder mehr Populationen	0 : ≥ 1% (n)	0 : ≥ 10% (n)	0 : ≥ 20% (n) (pop:pop)	TSC-ID
1	17	5	2	1 (A:K)	1166809
2	18	4	2	1 (A:AA) 1 (A:AA)	0493622 0231219
3	8	1	1	1 (A:AA)	0207612
4	12	1	1		
5	9	1	1		
6	9	3	3	1 (K:AA)	1104025
7	8	2	1		
8	11	2	2	1 (K,A:AA)	0668661
9	7	2	1	1 (A:AA)	0815601
10	6	0			
Total (n) (%)	105 (100%)	21 (20%)	14 (13,3%)	7 (6,7%)	

Table 1: Ethnisch spezifische SNPs in der TSC-Datenbank

SNPs aus der TSC-Datenbank⁷ wurden hinsichtlich ihrer Populationsspezifität untersucht. Die TSC-Datenbank unterscheidet zwischen kaukasischen, asiatischen und afro-amerikanischen Proben.⁸ Von 105 zufällig ausgewählten SNPs⁹ in kodierenden Regionen des menschlichen Genoms hatten 21 ein Allel mit einer Frequenz von 0% in einer Population. 14 davon hatten eine Frequenz von $\geq 10\%$ in mindestens einer anderen Population und von diesen wiederum hatten 7 (6,7% aller untersuchten SNPs) eine Frequenz von über $\geq 20\%$ in einer Population.
 pop – Population; A – asiatisch; K – kaukasisch, AA – afro-amerikanisch (A:K heißt beispielsweise, dass das Allel in der asiatischen Population gar nicht vertreten war und seine höchste Frequenz in der kaukasischen Population hat).

Ein ähnlicher Befund findet sich auch bei Stephens et al. (2001), die insgesamt 1.452 SNPs von insgesamt 3.899 (37,2%) als populationsspezifisch identifiziert haben. Die meisten dieser SNPs waren zwar selten, allerdings bemerkten Stephens et al. (2001): *“not all population-specific alleles were observed at a low frequency. In the African-American and Asian samples, some population-specific alleles were found at frequencies >25%.”*

In einigen Fällen können die Frequenzunterschiede sogar sehr hoch sein. So fand sich unter den 105 SNPs aus der TSC-Datenbank ein SNP (TSC-Codenummer TSC0493622) mit einem 0 : 94% Verhältnis zwischen zwei Populationen (s. Abbildung 1). Das G-Allel dieses SNP hatte eine Frequenz von 94% in der afro-amerikanischen Population, während es in der Gruppe der Asiaten überhaupt nicht zu finden war. Die Funktion des betreffenden Gens ist unbekannt. Ein anderes Beispiel für einen vergleichsweise hohen Frequenzunterschied ist ein Polymorphismus im Gen für den Melanocortin-1 Rezeptor, ein Enzym, das eine Rolle bei der Ausbildung der Hautfarbe spielt. In einer Studie von Rana et al. (1999) war dieser Polymorphismus mit einer Frequenz von 70% in Ost- und Südostasien vertreten, während er bei Afrikanern überhaupt nicht nachweisbar war.

⁷ <http://snp.cshl.org/> as of June 24, 2003.

⁸ Für eine Beschreibung der Populationen siehe http://snp.cshl.org/allele_frequency_project/panels.shtml.

⁹ Alle SNPs in kodierenden (synonyme wie non-synonyme) Regionen mit einer TSC-ID Nummer und mit Angaben zu Allelfrequenzen in mindestens zwei Populationen in den jeweils ersten 100MB der Chromosomen 1-10 wurden analysiert.

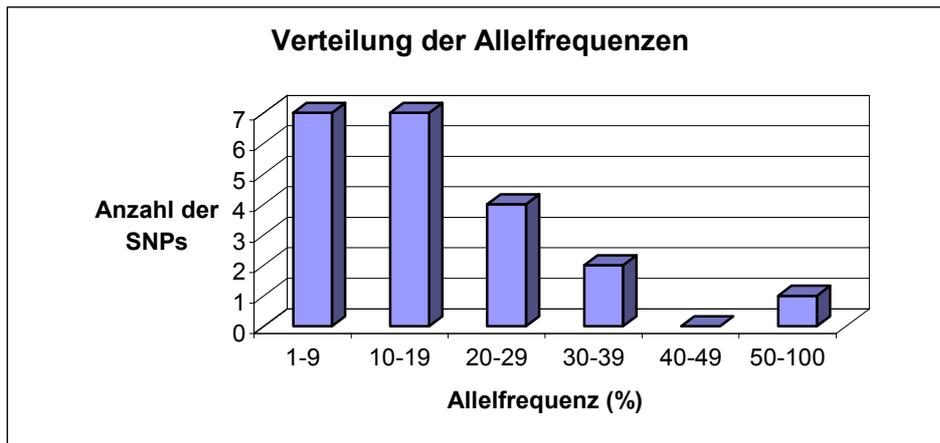


Abbildung 1: Frequenz der 21 populationsspezifischen Allele in der TSC-Datenbank

Ein Großteil der populationsspezifischen Allele hat eine eher geringe Frequenz von meist unter 20%. Bei insgesamt 7 SNPs lag jedoch die Allelfrequenz höher, eines davon hatte sogar eine Frequenz von 94% in einer Population. Lag ein Allel in mehreren Populationen vor, wurde für diese Abbildung die jeweils höchste Frequenz gewählt.

Die hier vorgestellten Zahlen müssen unter einem Gesichtspunkt relativiert und vorsichtig interpretiert werden. Die Zahlen in beiden Datenbanken sowie die in der Arbeit von Stephens et al. (2001) basieren auf der Untersuchung von nur wenigen Individuen in jeder der untersuchten Populationen¹⁰. Dementsprechend könnten Allele mit einer sehr geringen Frequenz in einer Population nicht erfasst worden sein. Es ist deshalb sehr wahrscheinlich, dass einige Allele, die in den Datenbanken mit 0% in einer der untersuchten Populationen gelistet sind, in der Realität eine Frequenz von über 0% aufweist. Das heißt, dass ein gewisser Teil der von als ‚populationsspezifisch‘ identifizierten Allele in der Realität nicht wirklich populationsspezifisch sind.

Andererseits kann jedoch sicher davon ausgegangen werden, dass zumindestens bei einigen dieser Allele eine echte Populationsspezifität vorliegt, selbst wenn weitaus größere Individuenzahlen getestet werden. Dafür gibt es in der Literatur Beispiele. So ist das Allel *3A der Thiopurin Methyltransferase – ein Enzym, das im Stoffwechsel einiger Medikamente eine Rolle spielt – bislang nicht in ostasiatischen Bevölkerungsgruppen gefunden wurden, obwohl insgesamt 1068 Individuen im Rahmen von fünf unabhängigen Studien daraufhin untersucht wurden (van Aken et al. 2003). Das Allel *3A ist das bei weitem häufigste mutierte Allel dieses Enzyms in europäischen Bevölkerungsgruppen.

Zusammenfassend kann man festhalten, dass eine signifikante Anzahl populationsspezifischer SNPs existiert. Es wird heute davon ausgegangen, dass beim Menschen ein SNP auf ca. 200 Basenpaare kommt (Schneider et al. 2003). Bei insgesamt 3 Milliarden Basenpaaren würden also insgesamt 15 Millionen SNPs im menschlichen Genom liegen. Wenn in einer vorsichtigen Schätzung davon ausgegangen wird, dass nur 0,1% (im Vergleich zu den 6,7% bzw. 1,6% in unserer Analyse) populationsspezifisch sind, könnten insgesamt 15.000 genetische Zielsequenzen für künftige Ethnowaffen existieren.

Von einigen der hier identifizierten populationsspezifischen SNPs ist die natürliche Funktion bekannt. So liegt der SNP mit der Codenummer rs2894804 aus der SNP500Cancer Datenbank in einem Gen namens GSTA1, das für Glutathione S-Transferase kodiert. Dieses Enzym hat eine wichtige Funktion in der Entgiftung von toxischen Substanzen wie Karzinogenen, pharmazeutischen Wirkstoffen oder

¹⁰ Die SNP500Cancer Database basiert auf 23-31 Individuen je Bevölkerungsgruppe; die Zahlen in der TSC-Datenbank basieren auf verschiedenen Untersuchungsgruppen, von denen die meisten zwischen 12 und 42 Individuen je Population umfassen; Stephens et al. (2001) haben in jeder Gruppe 18-21 Individuen erfasst.

Umweltgiften. Eines der Allele in GSTA1 war in einer afroamerikanischen Population mit einer Frequenz von 23% vertreten während es in keiner der anderen drei Populationen gefunden wurde.

Fazit

Es kann als sicher gelten, dass ethnische Waffen heute noch nicht existieren und wohl auch kaum innerhalb der kommenden Jahre realisiert werden. Der Glaube jedoch, dass sie grundsätzlich und schon theoretisch gar nicht machbar wären, muss als überholt gelten. Es ist nur noch eine Frage der Zeit, bis die entsprechenden Techniken zur Verfügung stehen – und es spricht heute nichts, wirklich gar nichts dagegen, dass sie dann auch eingesetzt werden. Eine effektive Kontrolle biologischer Waffen existiert derzeit praktisch nicht. Deshalb müssen jetzt und heute konkrete Schritte eingeleitet werden, um derartige Waffen in der Zukunft zu verhindern.

Ein wichtiger Schritt liegt darin, ethnisch spezifische genetische Daten auf ein absolutes Minimum zu begrenzen. Tatsächlich sind wir heute jedoch mit einer gegenläufigen Entwicklung konfrontiert. In verschiedenen Bereichen werden zur Zeit umfangreiche genetische Daten von verschiedenen Bevölkerungsgruppen analysiert und gesammelt:

- **Pharmakogenetik und Pharmkogenomik:** Zunehmend werden klinische Studien an pharmakogenetisch relevanten Genen durchgeführt, die möglicherweise einen Einfluss auf die (Neben-)Wirkung von Medikamenten haben. Darunter fallen zum Beispiel Gene für Enzyme im Stoffwechsel von Medikamenten wie das Cytochrom P450-System, aber auch Gene für Transportproteine oder für Zielstrukturen (*targets*) von Medikamenten (für eine Übersicht siehe Kollek et al. 2003). Um pharmakogenetische Tests weltweit oder in multikulturellen Gesellschaften sicher implementieren zu können, müssen verlässliche Daten zu den Frequenzen der entsprechenden Allele in allen relevanten Bevölkerungsgruppen vorliegen. Dementsprechend werden derzeit in vielen pharmakogenetischen Studien im großen Maßstab ethnisch spezifische genetische Daten erhoben – eine mögliche Fundgrube für künftige Biowaffen-Konstrukteure. Dieses Problem könnte jedoch vermieden werden, da heute bereits Techniken existieren, um Allelfrequenzen in Mischproben von mehreren 100 Individuen zu bestimmen. Es könnten also Proben von allen betroffenen Bevölkerungsgruppen in einer Mischprobe zusammengefasst werden, so dass einerseits keine ethnisch spezifischen genetischen Daten erhoben werden müssten, andererseits jedoch die Forderung der Pharmkogenetik nach einer lückenlosen Erfassung aller relevanten Allele in allen relevanten Populationen erfüllt werden könnte. Die Pharmakogenetik ist aus Sicht der ethnischen Waffen ein besonders heikles Feld, da hier insbesondere solche Gene untersucht werden, die eine Rolle im Stoffwechsel von Medikamenten – und anderen Giftstoffen – spielen und deshalb möglicherweise besonders leicht als Auslöser für einen biologischen (Waffen-)Effekt benutzt werden könnten.
- **Das HapMap Projekt:** Im Oktober 2002 wurde ein internationales Projekt zur Kartierung von so genannten Haplotypen¹¹ im menschlichen Genom initiiert.¹² Das 100 Millionen US-Dollar schwere Projekt wird von öffentlichen und privatwirtschaftlichen Institutionen getragen. Im Rahmen des HapMap Projektes wird die genetische Variation von vier Populationen untersucht: Han-Chinesen, Japaner, Yorubas in Nigeria und US-Bürger europäischer Abstammung. Es kann davon ausgegangen werden, dass das HapMap Projekt umfangreiche genetische Marker generieren wird, die für jede der vier Populationen spezifisch sind.
- **Forensische Genetik:** Der genetische Fingerabdruck zum Abgleich der DNA eines Verdächtigen mit einer Spur vom Tatort ist bereits fest in der Kriminaltechnik etabliert. Mittlerweile geht die Entwicklung jedoch bereits einen Schritt weiter. Vor allem in den USA wird versucht, aus einer DNA-Spur vom Tatort zusätzliche Information über den Täter herauszuholen. Erste Ansätze zur

¹¹ Haplotypen sind Blöcke miteinander gekoppelter SNPs in einem Genom. Sie gelten heute als eines der besten Werkzeuge für die Untersuchung genetischer Variation im menschlichen Genom.

¹² Mehr Details unter <http://hapmap.cshl.org>.

Abschätzung der ethnischen Zugehörigkeit eines Täters aufgrund der hinterlassenen DNA-Spuren gibt es bereits (Shriver et al. 1997). Erst kürzlich hat das US National Institute of Justice der University of Arizona einen Auftrag über 496.000 US-Dollar erteilt, um Techniken zur Vorhersage der Hautfarbe anhand einer DNA-Probe zu entwickeln¹³. Die US Firma DNAPrint Genomics Inc. bietet kommerzielle Tests zur Bestimmung der „race proportions“ anhand von DNA-Proben an, obwohl diese Techniken noch als umstritten gelten (Brenner 1998). Diese Entwicklungen – so sie denn überhaupt erfolgreich sind – müssen nicht unbedingt für ethnische Waffen relevant sein, da sie in der Regel wohl eher auf Variationen in Allelfrequenzen basieren und weniger auf populationspezifischen Gensequenzen im oben erläuterten Sinne (0% : \geq 20% Allelfrequenz). Wenn allerdings im Rahmen der forensischen Genetik systematisch nach ethnisch spezifischen Gensequenzen gefahndet wird, kann nicht ausgeschlossen werden, dass hier auch der eine oder andere Marker identifiziert wird, der für eine ethnische Waffe nutzbar wäre.

Literatur

- Aldhous P (2002) Geneticist fears ‘race neutral’ studies will fail ethnic groups. *Nature* 418: 355-356.
- Arrieta MI, Martinez B, Millan JM, Gil A, Monros E, Nunez T, Telez M, Martinez F (1997) Study of trimeric tandem repeat locus (SBMA) in the Basque population: comparison with other populations. *Gene Geogr.* 11:61-72
- Bamshad M, Kivisild T, Watkins WS, Dixon ME, Ricker CE, Rao BB, Naidu JM, Prasad BV, Reddy PG, Rasanayagam A, Papiha SS, Villems R, Redd AJ, Hammer MF, Nguyen SV, Carroll ML, Batzer MA, Jorde LB (2001) Genetic evidence on the origins of Indian caste populations. *Genome Res* 11:994-1004
- Bhattacharyya NP, Basu P, Das M, Pramanik S, Banerjee R, Roy B, Roychoudhoury S, Majumder PP (1999) Negligible male gene flow across ethnic boundaries in India, revealed by analysis of Y-chromosomal DNA polymorphisms. *Genome Res* 9:711-719
- Brenner CH (1998) Difficulties in the estimation of ethnic affiliation. *Am J Hum Genet* 62:1558-1560
- Cerutti H (2003) RNA interference: traveling in the cell and gaining functions? *Trends Genet* 19:39-46
- Kollek R, Feuerstein G, Schmedders M, van Aken J (2003) Pharmakogenetik: Implikationen für Patienten und Gesundheitswesen. Nomos-Verlag, Baden-Baden (im Druck).
- Lin M, Tseng HK, Trejaut JA, Lee HL, Loo JH, Chu CC, Chen PJ, Su YW, Lim KH, Tsai ZU, Lin RY, Lin RS, Huang CH (2003) Association of HLA class I with severe acute respiratory syndrome coronavirus infection. *BMC Medical Genetics* 2003 4:9
- Rana BK, Hewett-Emmett D, Jin L, Chang BH, Sambuughin N, Lin M, Watkins S, Bamshad M, Jorde LB, Ramsay M, Jenkins T, Li WH (1999) High polymorphism at the human melanocortin 1 receptor locus. *Genetics* 151:1547-1557
- Sankar P, Cho MK (2002) Toward a new vocabulary of human genetic variation. *Science* 298: 1337-1338.
- Schneider JA, Pungliya MS, Choi JY, Jiang R, Sun XJ, Salisbury BA, Stephens JC (2003) DNA variability of human genes. *Mechanisms of Ageing and Development* 124:17-25
- Schwartz RS (2001) Racial profiling in medical research. *NEJM* 344: 1392-1393.
- Shriver MD, Smith MW, Jin L, Marcini A, Akey JM, Deka R, Ferrell RE (1997) Ethnic-affiliation estimation by use of population-specific DNA markers. *Am J Hum Genet* 60:957-964
- Stephens JC, Schneider JA, Tanguay DA et al. (2001) Haplotype variation and linkage disequilibrium in 313 human genes. *Science* 293:489-493
- van Aken JP, Schmedders M, Feuerstein G, Kollek R (2003) Prospects and Limits of Pharmacogenetics: the TPMT Experience. *Am J Pharmacogenomics* 3:149-155
- Wood AJJ (2001) Racial differences in the response to drugs – pointers to genetic differences. *NEJM* 344: 1393-1395.

¹³ NIH grant number 2002IJCXK010.