

## Zur Berechnung der Wahrscheinlichkeit einer Vaterschaft

Vor 20 Jahren war die Chance, mittels Blutgruppenuntersuchung einen zu Unrecht der Vaterschaft beschuldigten Mann auszuschließen, in den deutschsprachigen Ländern ungefähr 35 %/o, d. h. von 100 zu Unrecht in Anspruch genommenen Männern konnten nur 35 mittels serologischer Methoden erkannt und als „offenbar unmöglich“ bezeichnet werden. Vor 10 Jahren war die Quote nach Einführung des Rh-Systems und Keil-Systems schon 50 %. Sie liegt jetzt bei etwa 90 % und läge, würden alle diagnostischen Reagenzien zur Verfügung stehen, noch weit darüber, obgleich der Zuwachs der Ausschlußchance jetzt aus mathematisch-statistischen Gründen immer langsamer erfolgen muß.

Es wird rein statistisch nicht möglich sein, 100 % zu erreichen. Wohl aber dürfte kein Zweifel daran sein, daß eines Tages 99,999% erreicht werden wird. Mit anderen Worten: Der Zeitpunkt muß kommen, da wir jeden zu Unrecht in Anspruch genommenen Mann herausfinden. Ein Mann, der nicht ausgeschlossen wird, ist dann eben der Vater, es sei denn, daß ein eineiiger Zwillingbruder konkurrierend in Frage kommt. Hier aber wird voraussichtlich nie der wahre Erzeuger von beiden herauszufinden sein: Eineiige männliche Zwillinge können sich gegenseitig als Väter vertreten.

Betrachten wir diese Entwicklung, dann kann auch vorausgesagt werden, daß Zeugungsfähigkeitsgutachten, Tragezeitgutachten und anthropologische Gutachten eines Tages überflüssig sein werden, und ein klares naturwissenschaftliches Gutachten, das auf den Blutfund Serumgruppen aufbaut, jeden Fall entscheiden wird.

Bis zu diesem Zeitpunkt werden die Gerichte anfragen, wie groß die Wahrscheinlichkeit eines Mannes ist, wahrer Vater eines Kindes zu sein, wenn er mittels serologischer Tests nicht ausgeschlossen wurde. Hier kann man vorerst allgemein sagen: Seine Vaterschaft zu einem Kind ist um so größer, je seltener das Merkmal ist, das er mit einem Kind gemeinsam hat, während es die Mutter nicht trägt. Hat das Kind ein Merkmal, das in der Bevölkerung eine Häufigkeit von 1 % hat, und ist dieses Merkmal bei Untersuchung der Mutter nicht, wohl aber beim fraglichen Erzeuger vorhanden, und ist dominanter Erbgang gesichert, so ist die Vermutung, daß beide (Kind und Mann) nicht rein zufällig in einem Verfahren Zusammenkommen, sehr groß, da ein solches Zusammentreffen bei willkürlicher Paarung  $1/100 \times 1/100$  oder  $1:10\ 000$  zu erwarten ist. Diese grobe Einschätzung stimmt aber bei näherer Betrachtung nicht. Außerdem gibt es von diesen idealen Faktoren, die solche Schlüsse anklingen lassen, nicht viele, und sie kommen auch so selten vor, daß sie uns in der Routinepraxis nicht viel nützen werden.

Ist ein Faktor in einer Population aber 90%ig, so können wir bei einem Kind, das diesen Faktor trägt, nicht viel anfangen, da ja 9 von 10 Männern diesen Faktor haben. Das Indiz, das daraus herzuleiten ist, wird also schlecht sein. Um aber auch mit den Gruppeneigenschaften operieren zu können, die eine Frequenz besitzen, die zwischen beiden genannten Häufigkeiten liegt, wenden wir das Verfahren von ESSEN-MÖLLER an, das mehrere Faktoren kombiniert. Dieses Verfahren geht davon aus, daß ein bestimmtes Erbmerkmal, das auch das Kind trägt, bei „wahren“ Vätern, also bei Männern, welche auf Grund der genetischen Komposition aller Merkmale als Erzeuger in Frage kommen könnten, mit einer größeren Häufigkeit auftritt als bei „falschen“ Vätern. Daraus leitet sich die ESSEN-MÖL-

LER-Formel ab, deren Grundprinzip hier erläutert werden soll.

Ein Gerichtsmediziner bekomme zur Untersuchung 100 „wahre“ Väter und 100 „falsche“ Väter. Unter den „wahren“ Vätern sei die Häufigkeit eines bestimmten Erbmerkmals 70 %, unter den „falschen“ Vätern 10 %/o. Unter den 200 „Vätern“ ist nun die Wahrscheinlichkeit für einen „wahren“ Vater zu errechnen.

100 „wahre“ Väter ... 70mal Merkmalsträger (X-Väter)  
 100 „falsche“ Väter ... 10mal Merkmalsträger (Y-Väter)

Unter insgesamt 200 Männern 80 Merkmalsträger (X+Y)

Die Wahrscheinlichkeit (W), daß wir einen von uns näher untersuchten Probanden als den „wahren“ Vater auffinden, beträgt dann

$$W = \frac{X}{X+Y} \quad \text{oder Zähler und Nenner des Bruches}$$

durch X dividiert:

$$W = \frac{1}{1 + \frac{Y}{X}} \quad \text{In unserem Fall} \quad \frac{1}{1 + \frac{10}{80}} \quad \text{oder:}$$

$$W = \frac{1}{1 + 0,125} = \frac{1}{1,125} = 88 \%$$

Für jeden einzelnen Faktor ist es jetzt nur noch wichtig, festzustellen, wie groß seine Häufigkeit bei „wahren“ und „falschen“ Vätern ist. Für die Y-Väter ist das leicht, da man sagen kann, daß ihre Häufigkeit durch die des Merkmals unter der gesamten männlichen Bevölkerung gegeben ist. Für die X-Väter kann man den Wert aber einfach errechnen.

Beispiel: Das MN-System. Hier gibt es zwei Gene, die sich kombinieren M und N. Die Häufigkeit der durch sie bewirkten Typen beträgt  $(M+N)^2$  oder  $M^2 + 2MN + N^2$ .

$M^2$  gibt dann die Häufigkeit des Typs M,  $2MN$  die Häufigkeit des Typs MN und  $N^2$  die Häufigkeit des Typs N in der Bevölkerung an.

Oder wir können auch sagen, die Häufigkeiten (Frequenzen) unter der männlichen Bevölkerung sind durch diese Daten gegeben (Y-Väter). Die X-Werte lassen sich nun an einem Beispiel demonstrieren:

Eine Mutter habe	M	(also genotypisch	MM)
Ihr Kind habe	MN	(also genotypisch	MN)
Verklagter habe	N	(also genotypisch	NN)
Der Zeuge habe	MN	(also genotypisch	MN)

Man sieht beim bloßen Hinsehen, daß der Verklagte wohl eine größere Wahrscheinlichkeit haben dürfte (zweimal N) als der Zeuge (einmal N).

Die Y-Werte betragen: für den Verklagten  $N^2$   
 für den Zeugen  $2MN$

Die X-Werte betragen: Hier fragen wir uns, wie häufig ein Mann vom Typ N Vorkommen muß, um N zu vererben. Die Antwort lautet: N mal! Wie häufig aber muß ein MW-Mann Vorkommen, um N zu vererben? Die Antwort lautet: M mal.

Das Y/X-Verhältnis beträgt also

$$\begin{aligned} \text{für den Verklagten: } &= \frac{N^2}{N} \\ \text{für den Zeugen: } &= \frac{2MN}{M} = 2N \end{aligned}$$

Durch Einsetzen in die Formel ergibt sich dann in der Tat für den Verklagten ein höherer Wert, wie auch immer die Häufigkeit der Gene für M und N sein mag.