https://gen-ethisches-netzwerk.de/node/3853

Gen-ethischer Informationsdienst

Kurz notiert - Mensch und Medizin

AutorIn
GID-Redaktion

Polizeiliche DNA-Analysen

Die Antwort auf eine kleine Anfrage der Bundestagsfraktion der Linken gibt einen Einblick in die Praxis von „Familial Search“, der seit letztem Jahr erlaubten Suche nach Verwandten bei DNA-Reihenuntersuchungen (Massengentests). Bei dieser Methode werden auch Teiltreffer ausgewertet, also DNA-Profile, bei denen nur ein Teil der genetischen Marker mit dem gesuchten Profil übereinstimmt. Die Übereinstimmung deutet auf eine Verwandtschaft mit der gesuchten Person hin, kann aber auch zufällig sein. Laut Antwort der Bundesregierung gibt es keine Richtlinien, wie hoch die genetische Ähnlichkeit für einen Teiltreffer sein muss, um als relevant zu gelten. Die Wissenschaftler*innen entscheiden selbstständig über die Qualität der Ergebnisse und was sie an die Ermittler*innen kommunizieren. Problematisch erscheint ebenfalls, dass die Teiltreffersuche zwar bis zu einer Verwandtschaft dritten Grades erlaubt ist, die Treffergenauigkeit laut Bundesregierung hier jedoch „nur sehr eingeschränkt ist“. Wie viele Menschen aufgrund von solchen Ungenauigkeiten von ungerechtfertigten Ermittlungen betroffen waren, ist jedoch unbekannt. Denn Einsatz und Ergebnis von Familial Search werden nirgendwo registriert. So ist es nicht überprüfbar wie nützlich und wie fehleranfällig der Einsatz der Methode tatsächlich ist. (Bundestag Drucksache 19/4087, 17.09.18, www.kurzlink.de/gid247_b) (ib)

Überwachung durch DNA-Genealogie

Mehr als die Hälfte aller US-Amerikaner*innen könnten von der Polizei mit einer DNA-Spur anhand von öffentlichen DNA-Datenbanken identifiziert werden. Das ist das Ergebnis einer Studie von Wissenschaftler*innen der Columbia University und Mitarbeiter*innen der Gentest-Firma MyHeritage. Sie errechneten, dass die Hälfte der Bevölkerung der USA eine Verwandtschaft mit einem Profil in einer öffentlichen DNA-Datenbank hat. Im Mai dieses Jahres wurde in den USA erstmals ein Kriminalfall durch die Verwendung der öffentlichen Genealogie-DNA-Datenbank GEDmatch gelöst. Die Studienautor*innen schlagen vor, dass Gentestfirmen die Daten ihrer Kund*innen mit einer verschlüsselten Signatur versehen sollten, die den Gebrauch durch die Polizei begrenzen könnte. (siehe GeN-Online Artikel „Gentests unter dem Weihnachtsbaum“, 25.09.18, www.gen-ethisches-netz
werk.de/node/3835; Buzzfeed, 11.10.18, www.buzzfeednews.com; Science, 11.10.18, doi: 10.1126/science.aau4832) (ib)

Datenschutzproblem „Erweiterte DNA-Analysen“

Genetische Merkmale, die von der Polizei für Erweiterte DNA-Analysen verwendet werden sollen, geben möglicherweise auch Aufschluss über persönliche Information von Verdächtigen. Zu diesem Schluss kommt eine Studie von Wissenschaftler*innen der Universität Freiburg, in der 1766 genetische Marker untersucht wurden, die zur Feststellung von äußeren Merkmale und einer vermeintlichen „bioegografischen Herkunft“ von Personen in Frage kommen. 27 davon waren zuvor in anderen Studien mit gesundheitsrelevanten Eigenschaften wie der Anfälligkeit für Krebs, Alkoholismus und Asthma in Verbindung gebracht worden. Erweiterte DNA-Analysen wurden Anfang des Jahres in Bayern legalisiert und sollen bald auch auf Bundesebene eingeführt werden. (FSI Genetics, 15.10.18, doi: 10.1016/j.fsigen.2018.10.010) (ib)

USA: Unzuverlässige DNA-Analysen

In einer Studie haben 74 von 108 Forensiklaboren eine unschuldige Person in einem hypothetischen Banküberfall belastet. Mitarbeiter*innen des US-amerikanischen National Institute of Standards and Technology haben Forensiklabore in den USA und in Kanada eine DNA-Mischprobe mit der DNA von drei hypothetischen Verdächtigen vergleichen lassen. Die DNA von zwei Verdächtigen war tatsächlich Teil der analysierten Mischung und den meisten Laboren gelang die Zuordnung. Doch rund 70 Prozent der Labore behaupteten auch die DNA der dritten Person nachgewiesen zu haben – sie verdächtigten also einen hypothetisch unschuldigen Menschen. Die Ergebnisse sind beunruhigend, da solche Szenarien auch bei realen Fällen vorkommen – laut einem Artikel der New York Times (NYT) sind 15 Prozent aller DNA-Beweise Mischproben. Ein weiteres Ergebnis der Studie ist, dass die Labore die DNA-Proben statistisch alle sehr verschieden auswerten. Ebenfalls bedenklich ist, dass die Studie laut NYT schon vor Jahren durchgeführt und erst jetzt publiziert wurde. (FSI Genetics, 01.08.18, doi: 10.1016/j.fsigen.2018.07.024; NYT, 21.09.18, www.nytimes.com) (ib)

PND: Bluttest nicht sicherer als Fruchtwasseruntersuchung

Eine französische Studie hat gezeigt, dass das Risiko einer Fehlgeburt durch invasive Untersuchungen wie Fruchtwasserpunktion nicht signifikant höher liegt als bei nicht invasiven Bluttests. Die Fehlgeburtsrate war mit 0,8 Prozent gleich hoch, egal ob die als Hochrisiko-Schwanger eingestuften Frauen zuerst einen Bluttest gemacht hatten oder direkt eine invasive Diagnostik durchgeführt worden war. Die angenommene Fehlgeburtsrate aufgrund invasiver Diagnostik scheint mittlerweile niedriger zu sein als allgemein angenommen, sie soll nur noch in einem von 900 Fällen oder bei 0,11 Prozent der Schwangeren vorkommen. Der entscheidende Vorteil der Bluttest gegenüber invasiven Untersuchungen scheint somit wegzufallen. (JAMA, 14.08.18, doi:10.1001/jama.2018.9396; www.prenatalinformation.org, 15.08.18) (ka)

Epigenetische Alterschätzung

Sowohl Firmen als auch akademische Wissenschaftler*innen arbeiten an Analysen, mit denen Altersangaben von Geflüchteten anhand von epigenetischen Markern überprüft werden sollen. Damit sind Marker an der DNA gemeint, die unter anderem die Aktivierung von Genen beeinflussen. Bisher werden für Altersschätzungen vor allem umstrittene Röntgen-Untersuchungen der Handknochen durchgeführt, die von der Bundesärztekammer als Körperverletzung gewertet wird. In einem Fall in Hildesheim wurde ein solcher Test der US-amerikanischen Firma Zymo Research verwendet um den Minderjährigenstatus eines Geflüchteten anzuzweifeln. Für das laut den Behörden „kostenintensive“ Verfahren wurde eine Blutprobe der betroffenen Person in die USA geschickt und dort analysiert. Deutsche Rechtsmediziner*innen warnten daraufhin im Juni dieses Jahres davor, die unausgereiften Analysen für diesen Zweck zu verwenden. Den aktuellen Stand der Technik zeigen Wissenschaftler*innen des King’s College London in einer neuen Studie. Sie identifizierten 12 epigenetische Altersmarker und testeten sie an 33 Proband*innen. Sie schätzten deren Alter mit einem durchschnittlichen Fehler von rund vier Jahren – bei 14 Prozent der Proband*innen irrte sich der Test um 7 Jahre oder mehr. Bei Untersuchung von Speichel- statt Blutproben verdoppelte sich dieser Wert. (FSI Genetics, 08.09.18, doi: 10.1016/j.fsigen.2018.09.003; Nature, 04.09.18, www.nature.com; Stern,

14.01.18, www.stern.de) (ib)

Rückschlag für Car-T-Zell-Therapie

Bei der Behandlung mit der zugelassenen Krebs-Gentherapie Kymriah von Novartis ist es zu einem unerwarteten Todesfall gekommen. Bei einem 20-jährigen Leukämie-Patienten wurden aus Versehen nicht nur Immunzellen aus dem Blut gefiltert und genetisch verändert. Unter den behandelten Zellen war auch eine einzige Leukämiezelle. Nachdem sie wieder in den Patienten eingeführt wurde, vermehrte sie sich und führte zu einem untherapierbaren Leukamie-Rückfall. Bei der so genannten CAR-T-Zell-Therapie werden bestimmte Immunzellen (T-Zellen) aus den Patient*innen entnommen, durch genetische Veränderung mit künstlichen Oberflächenrezeptoren versehen, vermehrt und anschließend zurück in die Patient*innen gegeben. Dort sollen sie gezielt Krebszellen angreifen. Da sie oft eine sehr starke Immunreaktion auslösen, war es in der Vergangenheit schon zu Todesfällen gekommen. Dies ist jedoch der erste bekannte Vorkommnis dieser Art. Laut den Autor*innen des Berichts im Fachmagazin Nature Medicine zeigt der Fall die Notwendigkeit, die Herstellungstechnologien zu verbessern, um Kontaminationen vorzubeugen. (zu CAR-T-Zelltherapien siehe GID 242, S.30; Nature Medicine, 01.10.18, doi: 10.1038/s41591-018-0201-9) (ib)

CRISPR-Cas9-Patente

Ein US-amerikanisches Gericht hat in einem seit fast zwei Jahren andauernden Patentstreit um die Genome Editing Methode CRISPR-Cas9 entschieden: Das zentrale geistige Eigentum der Methode wurde dem Broad-Institut zugesprochen. Es bestätigte so eine bestehende Entscheidung des US-Patentamts. Das Entwickler*innenteam um die Biologin Jennifer Doudna der University of California hat damit den Streit verloren. In seinem Mittelpunkt stand das Recht am kommerziellen Einsatz von CRISPR-Cas9 zur Veränderung von eukaryotischen Genomen, also von Pflanzen und Tieren. Während des ungewöhnlich langen und teuren Streits haben Wissenschaftler*innen die Methode weiterentwickelt, so dass Cas9 auch ersetzt werden kann. (Nature, 10.09.18, www.nature.com) (ib)

Genome Editing in Mitochondrien

Zum ersten Mal wurde mitochondriale DNA in vivo in Mäusen durch Genome Editing verändert. Mitochondrien sind Zellstrukturen, die ein anderes Erbgut als der Zellkern enthalten und daher schwieriger genetisch veränderbar sind. Zwei Studien in der Fachzeitschrift Nature Medicine beschäftigten sich mit einer Miochondrien-Erkrankung, die bei Mäusen durch die gleiche Genvariante ausgelöst wird wie bei Menschen. Da in jeder Zelle mehrere Mitochondrien mit leicht verschiedenem Erbgut vorliegen, ging es nicht darum, die DNA präzise zu verändern, sondern die DNA der Mitochondrien mit der betroffenen Genvariante zu zerstören. Beide Studien benutzten einen Virus als Genfähre für den Genome-Editing-Komplex mit denen sie die Mäuse infizierten. In beiden Studien veränderte die Behandlung die Muskelzellen in der gewünschten Weise. In einer der Studien wurde zusätzlich gezeigt, dass der Stoffwechsel der Herzmuskelzellen sich durch die Behandlung verbesserte. Nach möglichen unerwünschten genetischen Veränderungen wurden nur in einer der Studien an zwei Stellen im Genom gesucht. (Nature, 24.09.18, doi: 10.1038/s41591-018-0165-9 und 10.1038/s41591-018-0166-8; BioNews, 01.10.18, www.bionews.org.uk) (ib)

In vivo Genome Editing

Zum ersten Mal wurde eine Genome Editing-Methode bei Menschen in vivo, also direkt im Körper angewendet. Forscher*innen der US-amerikanischen Firma Sangamo Therapeutics testen die Sicherheit einer Gentherapie für Patient*innen mit Morbus Hunter in einer Phase-I-Studie. Die Stoffwechselerkrankung wird durch eine Inaktivierung des Gens IDS ausgelöst und durch wöchentliche Infusionen mit dem fehlenden IDS-Enzym behandelt. Die nur vier Patient*innen der 16-wöchigen Studie wurden mit Viren behandelt, welche

die Genome Editing-Technik Zinkfingernuklease und eine funktionale Variante des Gens in die Leberzellen transportieren sollte. Die auf einer Konferenz vorgestellte Studie ist nicht ausreichend, um die Wirksamkeit der Therapie zu bewerten – zwei Patient*innen zeigten zwar verringerte Urinwerte der durch IDS abgebauten Zucker, doch sie wurden auch weiterhin mit der Standardtherapie behandelt. Ein Sicherheitsgremium soll nun bewerten, ob diese abgesetzt werden soll, um den alleinigen Effekt der Gentherapie bewerten zu können. (Nature, 05.09.18, www.nature.com) (ib)

CRISPR-Studie in Deutschland

Am Universitätsklinikum Regensburg wird erstmalig in Europa eine klinische Studie mit dem Genome Editing-Verfahren CRISPR-Cas9 durchgeführt. Die von den Biotech-Unternehmen Vertex Pharmaceuticals und CRISPR Therapeutics finanzierte Studie soll die Gentherapie CTX001 für die Bluterkrankung ?-Thalassämie erproben. Bei der Studie mit 30 Patient*innen sollen Blutstammzellen entnommen, genetisch verändert und wieder in die Patient*innen zurückgegeben werden. Die genetische Veränderung soll das Gen BCL11a zerstören, das die Produktion von fetalem Hämoglobin unterdrückt. Dies wird gewöhnlich nur im Kindesalter produziert, soll aber in den Patient*innen die Fähigkeit zum Sauerstofftransport des Bluts verbessern. Dabei müssen ungewollte genetische Veränderungen vermieden werden, da sie bei Blutstammzellen zu Leukämien führen können. Auch die Behandlung von Sichelzellenanämie durch CTX001 ist geplant. In den USA wurde eine solche Studie von der Arzneimittelbehörde FDA zwischenzeitlich wegen offener Fragen gestoppt, hat aber Mitte Oktober grünes Licht bekommen. (transkript, 04.09.18, www.transkript.de; Nasdaq, 10.10.18, www.nasdaq.com) (ib)

Weniger Gene

Menschen haben nur 19.000 Gene, also 20 Prozent weniger als gedacht. Darauf deutet eine Studie von spanischen Wissenschaftler*innen des Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO) hin. Ihre Daten ergeben, dass ein beträchtlicher Teil der als kodierend klassifizierten DNA, also DNA die in Proteine umgeschrieben wird, wahrscheinlich falsch eingeordnet wurde, da sie typische Merkmale von nicht-kodierender DNA enthält. Laut Studienautor David Juan seien einige dieser falschen Gene überraschend intensiv beforscht worden und mehr als 100 Publikationen seien in der Annahme publiziert worden, dass diese DNA-Sequenzen für Proteine kodieren. Schon vor rund 15 Jahren mussten Wissenschaftler*innen ihre Schätzungen herunterkorrigieren: Vor der vollständigen Sequenzierung des menschlichen Genoms war man von 100.000 Genen ausgegangen. (Nucleic Acid Research, 21.08.18, doi: 10.1093/nar/gky587; CNIO, 30.08.18, www.cnio.es) (ib)

Falsche Genklassifikationen

In einer Studie sind fast ein Viertel aller Gene, die in der Vergangenheit mit Krebs in Verbindung gebracht wurden, innerhalb der letzten 10 Jahre als harmlos neu klassifiziert worden. Wissenschaftler*innen der University of Texas werteten 1,67 Millionen Gentests für vererbbares Krebsrisiko aus, die ein Labor zwischen 2006 und 2016 durchgeführt hatte. Rund 25 Prozent der Genvarianten, die zuvor durch das Labor mit „unbekannter Signifikanz“ für ein Krebsrisiko bewertet worden waren, waren später neu klassifiziert worden – die meisten davon als harmlos. Für den Studienautor Theo Ross zeigt die Studie, dass Ärzt*innen sich bewusst sein sollten, „wie schnell das Wissen über Genvarianten wächst und dass Neuklassifizierungen häufig vorkommen.“ (BioNews, 01.10.18, www.bionews.org.uk; JAMA, 25.09.18, doi: 10.1001/jama.2018.13152) (ib)

Heterogene Gentests

Eine Untersuchung von kommerziellen Gentests für Ausprägungen des Autismus-Spektrums zeigt, wie weit die Tests voneinander abweichen. Die kanadischen Autor*innen der Studie schreiben, es sei auffällig wie

variabel die Anzahl der jeweils getesteten Gene (zwischen 11 und 2562) sei und wie wenig Überschneidung es gebe. Nur ein Gen wird in allen 21 untersuchten Gentests untersucht. Zudem sei es bei einem Großteil der Tests nicht nachvollziehbar, nach welchen Kriterien die Gene ausgewählt wurden und welche Methoden von den Firmen zur DNA-Analyse eingesetzt werden. Autismus sei sehr heterogen und möglicherweise seien genetische Prädispositionen in fast jedem Individuum verschieden. Ihre etwas widersprüchliche Empfehlung nach klinisch validierten Listen von Autismus-Genen zur Diagnose mag damit zusammenhängen, dass ein Autor Patente für einen genetischen Autismustest besitzt. (npi genomic Medicine, 19.09.18, doi: 10.1038/s41525-018-0066-3) (ib)

Polygenische Scores

Eine immer beliebter werdende statistische Methode, so genannte Polygenische Scores (PGS), sollen es erlauben, das genetische Risiko für immer mehr Erkrankungen oder Eigenschaften zu bestimmen. Zuvor waren komplexe statistische Auswertungen an der begrenzten Rechenleistung von Computern und zu kleinen Genom-Datenbanken gescheitert. Doch je größer die Datenbanken werden, desto mehr Studien zu PGS werden publiziert. In einer solchen Studie werteten Wissenschaftler*innen die Daten von fast 300.000 Proband*innen der UK Biobank aus und identifizierten bei rund 20 Prozent der Proband*innen ein mindesten 3-fach erhöhtes Risiko für eine der fünf untersuchten Erkrankungen. Laut Studienautor*innen gäben die Ergebnisse beispielsweise die Möglichkeit für präventive Medikamentengabe bei Gesunden die laut PGS ein Risiko für Herzerkrankungen haben. Dass diese Forschung im Interesse der Pharma- und Biotechnikindustrie ist, zeigt die Finanzierung von zwei der Autor*innen durch Förderung von Bayer und dem Broad-Institut, die auf Entwicklungen im Bereich Genetik und Therapie bei Herzerkrankungen zielt. (Nature Genetics, 13.08.18, doi: 10.1038/s41588-018-0183-z) (ib)

Geld schlägt Gene

Dieses Jahr erschienen bereits mehrere Studien, in denen der Bildungserfolg von Menschen anhand von genetischen Eigenschaften (Polygenische Scores, PGS) vorausgesagt wurde. Eine neues Arbeitspapier von Wirtschaftswissenschaftler*innen für das US-amerikanische National Bureau of Economic Research (NBER) widerspricht diesem Ergebnis. Laut ihr haben genetisch vermeintlich unbegabte Kinder aus Familien mit höheren Einkommen wesentlich bessere Chancen auf einen Universitätsabschluss als vermeintlich genetisch begabtere Kinder aus ärmeren Familien. Die Ergebnisse „widersprechen dem Narrativ, dass es bedeutende genetische Unterschiedene zwischen Menschen aus armen und reichen Haushalten gibt“ sagte der Autor Kevin Thom gegenüber der Washington Post (WaPo). Er und seine Kolleg*innen hatten die Ergebnisse einer Umfrage mit 20.000 Senior*innen untersucht, die neben ihrem Lebenslauf eine DNA-Probe zur Verfügung gestellt hatten. Für die Studienautoren stellen die Ergebnisse jedoch nicht die Aussagekraft von PGS in Frage. Sie interpretieren die Ergebnisse so, dass soziale Ungerechtigkeit das genetische Potenzial verdeckt. „Das ist nicht gut für die Wirtschaft“ kommentierte der Autor Nicholas Papageorge die Ergebnisse. (NBER Arbeitspapier Nr. 25114, www.nber.org/papers/w25114; WaPo, 09.10.18, www.washingtonpost.com) (ib)

Datenpannen im Gesundheitssystem

In den letzten acht Jahren haben US-amerikanische Institutionen aus dem Gesundheitssektor 2.149 Datenpannen vermeldet, die insgesamt rund 176 Millionen Patient*innenakten betreffen. Laut einer Studie vom Massachusetts General Hospital hat die Umstellung auf elektronische Patient*innenakten die Situation verschlechtert und die Anzahl an Vorfällen dieser Art nimmt fast jedes Jahr zu. Die meisten Datenpannen passierten bei Gesundheitsdienstleistern wie Krankenhäusern und Ärzt*innen. Die meisten Daten wurden durch Zugriffe auf Netzwerkservern kompromittiert. Laut den Autoren der Publikation in der Fachzeitschrift JAMA zeigen die Ergebnisse, dass digitale Patient*innenakten auf Netzwerkservern trotz ihrer Vorteile eine Gefahr für eine große Anzahl von Patient*innen bergen, wenn ihre Sicherheit nicht verbessert wird. (JAMA, 25.09.18, doi: 10.1001/jama.2018.9222) (ib)

Unzuverlässige Zelllinien

Zelllinien, die im Zentrum von Krebsforschung stehen, sind genetisch stark heterogen und reagieren auf Medikamente verschieden – mit nicht absehbaren Konsequenzen für Forschung und Medikamentenentwicklung. Wissenschaftler*innen des Broad-Instituts untersuchten das Genom von 106 verschiedenen menschlichen Zelllinien, die in zwei Laboren kultiviert wurden. Eigentlich sollten Zellen einer Zelllinie genetische Klone sein, doch eine Untersuchung von 27 Kulturen der viel verwendete Brustkrebszellline MCF7 ergab eine starke genetische Diversität. Die genetischen Abweichungen korrelierten mit veränderter Morphologie und Wachstumsraten der Zelllinien. Auch das Ansprechen auf Medikamente unterschied sich immens – mindestens 75 Prozent von 321 getesteten Krebsmedikamenten wirkten stark in einigen und überhaupt nicht in anderen Varianten von MCF7. Statt einer Katastrophe für die Krebsforschung sehen die Studienautor*innen die Ergebnisse als Chance für die Erforschung der Interaktion verschiedener Zellpopulationen und der genetischen Basis von Medikamentenresistenzen. Kommentierungen der Studie auf der Plattform Twitter zeigen, dass nicht alle aus der Wissenschaftscommunity so positiv auf das Ergebnis blicken. (Nature, 08.08.18, doi: 10.1038/s41586-018-0409-3) (ib)

Lösung für die Reproduzierbarkeitskrise

In einem mathematisches Modell von Wissenschaftler*innen des Bundesamts für Risikobewertung (BfR) ist die Reproduzierbarkeitskrise der Wissenschaft einfach behebbar. In den letzten Jahren hatten mehrere Studien gezeigt, dass viele Forschungsergebnisse sich nicht unabhängig wiederholen lassen. Laut dem Modell könnte eine Veränderung der Anreize für Forscher*innen dazu führen, dass nicht nur die Ergebnisse mit statistischer Signifikanz publiziert werden – und so das Problem behoben werden. Die Wissenschaftler*innen sind Teil eines Projektes des BfR, das sich mit der Reduzierung der Anzahl von Versuchstieren beschäftigt. Sie betonen, dass qualitativ bessere Forschung ressourcensparender ist. (PLOS One, 12.09.18, doi: 10.1371/journal.pone.0202762) (ib)

Vertrauen in Wissenschaft

Eine Umfrage zeigt, dass sich die deutsche Bevölkerung eine gemeinwohlorientierte Wissenschaft wünscht die weniger von Geldgebern, besonders aus der Wirtschaft, beeinflusst ist. In einer repräsentativen Umfrage gaben nur rund die Hälfte der 1.008 Befragten an, dass sie der Wissenschaft und Forschung vertrauen würden. Größter Grund für Misstrauen war für sie die Abhängigkeit von Wissenschaftler*innen von Geldgebern. Knapp 70 Prozent stimmten der Aussage zu, dass der Einfluss der Wirtschaft auf die Wissenschaft eher oder viel zu groß ist. Nur 40 Prozent finden, dass Wissenschaftler*innen für das Wohl der Gemeinschaft arbeiten. Ein Großteil der Befragten erachtet Kontroversen innerhalb der Wissenschaft als nützlich, „weil sie dazu beitragen, dass sich die richtigen Forschungsergebnisse durchsetzen“. Fast 80 Prozent finden, dass Irrtümer und Korrekturen zur Wissenschaft dazu gehören. Die Umfrage zum Wissenschaftsbarometer wird jährlich durch die Organisation Wissenschaft im Dialog (WiD) durchgeführt, die von den deutschen Wissenschaftsorganisationen gegründet wurde. (WiD, 27.09.18, www.wissenschaft-im-dialog.de) (ib)

BGH: Elternschaft anerkennen

Wenn ein ausländisches Gericht die rechtliche Elternschaft anerkannt hat, darf ein Paar, das eine „Leihmutter“ im Ausland beauftragt hat, die rechtliche Elternschaft beanspruchen. Das gilt auch, wenn die Bestellmutter nicht die genetische Mutter des Kindes ist. Der Bundesgerichtshof (BGH) entschied, dass solche Urteile von deutschen Gerichten grundsätzlich als bindend anzusehen seien. Die Kinder hätten Anspruch auf Zuordnung zu ihren Eltern. Da davon auszugehen sei, dass sich die Bestelleltern um die Kinder kümmern wollten, die „Leihmütter“ jedoch nicht, diene die rechtliche Elternschaft dem Kindeswohl. (Bundesgerichtshof Az.: XII ZB 224/17; Ärztezeitung, 16.10.18, www.aerztezeitung.de) (ka)

Kanada: Neuer „Leihmutter“-Hotspot

Nachdem in vielen Ländern des Globalen Südens (Indien, Nepal, Thailand und Mexiko) die Beauftragung von „Leihmüttern“ für ausländische Paare verboten wurde, entwickelt sich Kanada zu einem Hotspot im internationalen Geschäft mit dem Kinderwunsch. Dies liegt zum einen an den verlässlichen gesetzlichen und behördlichen Bedingungen, die es Bestelleltern relativ unkompliziert ermöglichen, die Kinder mitzunehmen und in den Heimatländern als ihre anerkennen zu lassen. Zum anderen liegt es an dem guten öffentlichen Gesundheitssystem, das die Kosten für die Versorgung der „Leihmütter“ und der Babys trägt. Zwar gibt es eine Regelung, dass Leihmütter nicht bezahlt werden dürfen, doch ist das Verbot gegen internationale Bestelleltern nicht durchsetzbar. Wissenschaftler*innen fordern eine statistische Erfassung der von „Leihmüttern“ ausgetragenen Babys und dem Anteil der ausländischen Bestelleltern. Außerdem regen sie eine Debatte um die Rolle der öffentlichen Finanzierung dieses Geschäfts über die Gesundheitsversorgung an. (The Globe and Mail, 07.10.18, www.theglobeandmail.com; zum Hintergrund des internationalen Geschäfts mit dem Kinderwunsch siehe den Artikel von Christa Wichterich in den Blättern für deutsche und internationale Politik, 10/18, www.blaetter.de) (ka)

USA: Klage von „Leihmutter“ abgelehnt

Das US-amerikanische Verfassungsgericht hat die Klage einer „Leihmutter“ abgelehnt. Sie hatte sich während der Schwangerschaft umentschieden und wollte das Kind behalten. Sie vertritt die Position, dass Verträge zwischen „Leihmüttern“ und Bestelleltern gegen die Verfassung verstoßen. Das oberste Gericht von Iowa hatte zuvor entschieden, dass das Verbot von Leihmutterschaftsverträgen Paare mit Kinderwunsch die Möglichkeit, eigene biologische Kinder großzuziehen, vorenthalten würde. (National Post, 03.10.18, www.nationalpost.com) (ka)

Spanien: Kampf gegen Zwangssterilisationen

In Spanien werden weiterhin Menschen mit sogenannter geistiger Behinderung einer zwangsweisen Sterilisierung unterworfen, in der Mehrheit Frauen. Das CERMI, die Interessenvertretung von behinderten Menschen, geht von einer Zahl von rund tausend im letzten Jahrzehnt aus, 2016 seien 140 Fälle registriert worden. Die rechtsliberale Partei Ciudadanos hat Ende Oktober eine Initiative ins Parlament eingebracht, diese Praktik zu verbieten und die Gesetzgebung der UN-Behindertenrechtskonvention anzupassen. Die Regierung hält es für nötig, erstmal eine Expert*innenkommission einzusetzen um die aktuelle Situation zu analysieren. (Europa Press, 21.10.18, www.europapress.es) (ka)

Informationen zur Veröffentlichung

Erschienen in:
GID Ausgabe 247 vom November 2018
Seite 28 - 31