



Deutschen Gesellschaft
für Abstammungsbegutachtung

Deutschsprachige Arbeitsgruppe
der ISFG



Gemeinsame Jahrestagung in Köln, 13. – 14. Juni 2008

KURZFASSUNGEN DER VORTRÄGE

Freitag, 13. Juni 2008

DNA-Analytik für den Artenschutz

Olek K., Maurer U.

Labor für Abstammungsbegutachtungen,
Gelsenkirchen

Seit einigen Jahren sind im EU-Raum und in vielen außereuropäischen Ländern Gesetze in Kraft, die den illegalen Handel mit geschützten Tieren und Pflanzen unter Strafe stellen. Das erschien zum Schutze von Fauna und Flora notwendig, zumal international betrachtet der illegale Handel fast die Ausmaße des Drogenhandels erreicht. Auch dieses Geschäft ist ein Betätigungsfeld internationaler organisierter Kriminalität. Entdeckt werden meistens kleine Händler. Die Ermittlungsarbeit wird in Deutschland von den Landesumweltbehörden, der Polizei, dem Zollkriminalamt, den Zollämtern der Flugplätze und meist spezialisierten Staatsanwaltschaften geführt. Die immer wieder nötige fachliche biologische Beratung der Ermittler liegt in Händen des Bundesamtes für Naturschutz. Im Augenblick stehen im Mittelpunkt des Interesses Reptilien, Papageien und Greifvögel. Manche von deren Unterarten sind bereits massiv vom Aussterben bedroht. In den meisten Fällen reduziert sich in konkreten Verdachtsfällen das Problem der Ermittler auf das Beantworten der Frage: Sind bestimmte geschützte Tiere Teil der legalen Nachzucht eines Züchters, wie von diesem behauptet oder handelt es sich in Wirklichkeit um Wildfänge oder anders illegal zugeführte Tiere. Es handelt sich also um eine Abstammungsanalyse, die schon seit 10 Jahren meist mit Hilfe entsprechender DNA-Techniken bewerkstelligt wird. Das Problem des Analytikers sind die Vielfalt der zu prüfenden Arten, die Probenbeschaffenheit und die gelegentlich hochkomplexen Abstammungsfragen. Im Vortrag werden praktische Fall-Beispiele vorgestellt.

Paterniplex, ein hochauflösendes STR-Dekaplex-System für Defizienzfälle bei Abstammungsbegutachtungen

Immel U.-D., Beetz T., Kleiber M., Klintschar M.

Institut für Rechtsmedizin, Halle

Short Tandem Repeat Systeme (STRs) sind die wichtigsten Marker für Vaterschaftstests und spurenkundliche Untersuchungen. Mit kommerziell erhältlichen Reaktionen (z.B. dem Identifiler Kit von ABI) können bis zu 15 STRs gleichzeitig typisiert werden. Trotzdem gibt es, insbesondere in der Abstammungsbegutachtung, Fälle (Defizienzfälle, Fälle mit Mutationen), bei denen mit diesen Reaktionen kein befriedigendes Ergebnis erzielt werden kann. Auch die Typisierung mehrerer kommerzieller Kits ist in diesen Fällen wenig sinnvoll, da die meisten Genorte in mehreren Kits vorkommen. Wir haben daher 9 STRs gewählt, die eine sinnvolle Ergänzung zum Identifiler Kit darstellen, da nur ein einziger dieser Loci (FGA) geteilt wird und alle Genorte effizient in einer gemeinsamen PCR amplifiziert werden können. Ziel des Projektes war es, populationsgenetische Daten für die 9 Loci D8S1132, D7S1517, D10S2325, D12S391, Se33, D17S976, Penta E, Penta D und FGA im Raum Halle zu ermitteln. Es handelt sich dabei um eine Untersuchung, die vor der Verwendung in der Praxis unbedingt erforderlich ist.

Genotypisierung der ABO Blutgruppe als ergänzende Untersuchung bei Abstammungsgutachten

Bugert P., Rink G., Janetzko K., Klüter H.

Institut für Transfusionsmedizin und Immunologie,
Mannheim

Die serologische Bestimmung der ABO-Blutgruppenmerkmale ist Bestandteil der Laboruntersuchungen im Rahmen der Abstammungsbegutachtung an unserem Institut. Aus biostatistischer Sicht sind jedoch diese Laborwerte im Vergleich zu den STR-Daten nur von geringer Bedeutung. Da die Genetik des ABO Systems gut untersucht ist und das ABO-Gen sich durch zahlreiche Polymorphismen auszeichnet, stellt sich die Frage, ob der ABO-Genotyp bei den biostatistischen Berechnungen von

Abstammungsfragen einen relevanten Beitrag leisten könnte? Wichtige Voraussetzungen zur Beantwortung dieser Frage sind die Etablierung eines einfachen PCR-basierten Verfahrens zum Nachweis der häufigsten Allele am ABO-Lokus und die Bestimmung der Allelfrequenzen in einer repräsentativen Stichprobe. Im Rahmen der hier vorgestellten Studie wurde ein PCR-System bestehend aus 8 allelspezifischen Reaktionen zur ABO-Genotypisierung eingesetzt, das die Unterscheidung der Allele *O01, *O03, *A2 und *B ermöglicht. Zusätzlich wird das *A1 Allel (Wildtyp) über den Ausschluss der genannten Allele diagnostiziert. Eine randomisierte Stichprobe von 1.335 Blutspendern wurde mit Hilfe dieses PCR-Systems analysiert und die Genotypdaten mit den Spenderdaten verglichen. Bei 1.329 von 1.335 Proben (99,6 %) konnte eine korrekte Korrelation von ABO-Genotyp und Phänotyp festgestellt werden. Bei 6 Proben lagen Diskrepanzen vor, die vermutlich durch seltenere ABO-Genvarianten verursacht werden und vom PCR-System nicht erfasst werden. Auf der Basis der ermittelten Allelfrequenzen konnten statistische Kennzahlen für die ABO-Genotypisierung errechnet werden: Informationsgehalt = 0,538; Diskriminationsrate = 0,7803; Ausschlussrate = 0,2648. Diese Werte sind höher im Vergleich zu den Kennzahlen für den ABO-Phänotyp, jedoch niedriger als Werte, die bei einem STR-Marker üblicherweise erzielt werden. Anhand einiger Fallbeispiele konnten wir zeigen, dass der ABO-Genotyp einen relevanten Beitrag bei der Abstammungsbegutachtung leisten kann. Auf der Grundlage der in dieser Studie ermittelten Allelfrequenzen für den ABO-Lokus in der deutschen Population kann der ABO-Genotyp nun auch bei der biostatistischen Berechnung der AVACH in Abstammungsgutachten berücksichtigt werden.

DNA-Analysen an in Paraffinblöcken eingelegten Gewebeproben

Haas S., Grasse A.V., Scholda G.

Confidence DNA-Analysen GmbH, Wien

Da ein Verdacht auf Probenverwechslung vorlag, sollte geprüft werden, ob das DNA-Profil aus dem Prostatagewebe 331 oder 332, mit dem Profil aus einem Mundschleimhautabrieb des Auftraggebers übereinstimmt. Aufgrund nicht aussagekräftiger Ergebnisse konnte die Fragestellung weder durch Analyse der autosomalen noch durch Analyse Y-spezifischer STR-Marker eindeutig geklärt werden. Grund dafür war die schlechte Qualität der vorliegenden DNA, die durch die Lagerung im Paraffin abgebaut zu sein schien bzw. mehrdeutige Signale aufwies, obwohl Mischspuren auszuschließen waren. Daraufhin sequenzierten wir jeweils die Control Region der mitochondrialen DNA

(mtDNA), und zwar die hypervariablen Regionen HVI und HVII mithilfe verschiedener Primer. Die DNA wurde jeweils *forward* und *reverse* sequenziert und die Sequenzen gegeneinander mehrfach kontrolliert. Anhand des Vergleiches der sequenzierten Bereiche mit der revised Cambridge Reference Sequence (rCRS) stellten wir eindeutige Unterschiede zwischen den Proben 331 und 332 an 4 Positionen innerhalb der Control Region fest, und es stellte sich heraus, dass dieselben Variationen, die bei 332 auftraten, auch bei der mtDNA unseres Auftraggebers vorkamen. Aus diesen Ergebnissen ließ sich das DNA Profil des Auftraggebers dem des Prostatagewebes 332 zuordnen. Das Gewebe 331 stammt daher nicht vom Auftraggeber, sondern von einem anderen Mann.

Kindstötung - Findelkinder – Babyklappe: Zum Umgang mit ungewollten Kindern im Wandel der Zeiten

Szibor R., Krause D., Plate I., Hundertmark T.

Institut für Rechtsmedizin, Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg

Berichte von Kindstötungen und Findelkindern werden in vielen Werken der Kulturgeschichte thematisiert. Dieser Vortrag spannt den Bogen aus kulturhistorischer Sicht angefangen vom biblischen Bericht um Moses bis hin zu modernen Erscheinungen wie die Babyklappe und geht auf aktuelle Fälle aus der eigenen Praxis ein.

Vom Bruder zum Vater zum Onkel – Eine Kasuistik mit und ohne Mutter

Proff C., Josephi E., Henke J.

Institut für Blutgruppenforschung LGC GmbH, Köln

Der Titel spricht für sich ...

Sieben Kinder suchen eine Großmutter – Möglichkeiten und Grenzen der STR-Analyse

Schmitt C., Rothschild M.A., Schneider P.M.

Institut für Rechtsmedizin der Uniklinik Köln

In einem Immigrationsfall muss der Nachweis erbracht werden, dass eine in Deutschland lebende Frau als Großmutter von sieben Kindern in Betracht kommt, deren Eltern bei einem Anschlag im Irak ihr Leben verloren haben. Da nur Speichelproben als Untersuchungsmaterial vorliegen, muss eine Verwandtschaftsanalyse auf STR-Basis erfolgen, die schließlich trotz einiger unerwarteter Ergebnisse zum Ziel führt.

Dünnes Eis – Immigrationssache ohne Untersuchung der Kindesmutter

Hirtz S.¹, Muche M.²

¹Institut für Forensische Untersuchungen und Abstammungsgutachten, Oldenburg; ²Institut für Blutgruppenserologie und Genetik, Hamburg

In einem Immigrationsverfahren soll der Antragsteller die Abstammung des Kindes nachweisen, das mutmaßlich von ihm abstammt. Die Untersuchung mit den Kits Powerplex 16 und MPX-3 führt zu einer isolierten Ausschließung am D5-Locus, die mit einer Einschnittmutation erklärbar wäre. Der W-Wert – soweit wie möglich unter Berücksichtigung lokaler Häufigkeitsverteilungen – wird mit $W > 99,9\%$ berechnet. Die anschließende Untersuchung des Humantype Chimera Kits liefert fünf weitere Ausschließungen. Befinden wir uns überhaupt noch in der Familie? Was „sagen“ die Y-Profile? Dazu der dringende Appell, auf die Einbeziehung der Kindesmutter – wo irgend möglich – nicht zu verzichten.

Zufallsdiagnose bei Abstammungsbegutachtung: Testikuläre Feminisierung

Schulz I., Henke J.

Institut für Blutgruppenforschung LGC GmbH, Köln

Im Rahmen einer Vaterschaftsanalyse wurden von einem Mädchen, deren Mutter und dem Putativvater Blutproben entnommen und mittels VNTR- und STR-Systemen analysiert. Das phänotypisch weibliche Kind zeigte im System Amelogenin jedoch einen deutlichen XY-Befund. Die anschließende Y-STR-Typisierung lieferte einen vollständigen und zudem mit dem untersuchten Mann identischen Y-Haplotyp. Möglicherweise handelt es sich bei diesem Kind um einen männlichen Pseudohermaphroditen mit weiblichen äußeren Sexualorganen (46,XY-Karyotyp, weiblicher Phänotyp, Syndrom testikuläre Feminisierung).

SNPs in der Abstammungsbegutachtung

Schneider P.M., gemeinsam mit dem SNPforID Konsortium

Institut für Rechtsmedizin der Uniklinik Köln;
<http://www.snpforid.org>

Single Nucleotide Polymorphismen (SNPs) können eine sinnvolle Ergänzung zu den bereits etablierten Systemkategorien in der Abstammungsbegutachtung darstellen. Im Rahmen des SNPforID-Projektes wurde eine autosomale 52-Plex entwickelt, der sich ausschließlich aus unabhängig vererbten und mit den etablierten STR-Markern nicht gekoppelten zusammensetzt. Alle SNPs wurden zudem nach ihren ausgewogenen populationsgenetischen Daten ausgewählt (minimale Allelfrequenz $> 0,28$ in den Hauptpopulationen, Sanchez et al., Electrophoresis 2006, 27:1713-1724; vgl. SNPforID Frequenz-Browser unter <http://spsmart.cesga.es/snpforid.php>). Mittlerweile liegen umfangreiche Validierungsdaten vor, die die Leistungsfähigkeit dieses Multiplexes für Abstammungsanalysen belegen. Als Typisierungsverfahren wurde gemeinsam mit der Fa. Applied Biosystems in Ergänzung zu der ursprünglich eingesetzten Minisequenzierung mittels SNaPshot-Kit auf der Basis des aus der Genomforschung stammenden SNPlex-Assays ein auch für forensische Fragestellungen geeigneter sog. GenPlex-Assay entwickelt, mit dem 48 der 52 SNPforID Loci in einem einzigen Multiplex im 96er Plattenformat typisiert werden können. Details zu beiden methodischen Ansätzen sowie zu den vorliegenden Validierungsdaten werden vorgestellt.

Samstag, 14. Juni 2008

The Forensic Evidence Value of a Y-Haplotype

Brenner C.H.

DNA-VIEW, Oakland, California, USA

What is the probability that an innocent suspect will accidentally match a rare trait found at a crime scene? This is the fundamental question to answer in deciding the evidential strength of Y-chromosomal or mtDNA evidence. Answering the question certainly consists at least in part of consulting a relevant reference population sample. Most crime scene haplotypes have a sample frequency of zero; obviously the sample frequency is an unsatisfactory underestimate for the matching probability. Perhaps surprisingly, a useful statistic is the fraction κ of the population sample that is singletons – types that occur just once in the sample. A simple argument suggests that the matching probability for a new trait is $(1-\kappa)/n$ where n is the sample size. Computer simulations as well as various theoretical analyses confirm that this formula is about right. A typical Y-haplotype sample of $n=1000$ based on 17 loci has $\kappa > 0.9$. Therefore the matching probability is less than $1/10n$ – the evidence linking suspect to crime is ten times stronger than a simple counting estimate, 30 times stronger than the arbitrary “95% confidence” rule sometimes used in the U.S.

Grundlagen und Potential der X-chromosomalen Haplotypisierung

Edelmann J., Lessig R., Szibor R.

Institute für Rechtsmedizin der Universitäten Leipzig und Magdeburg

Abstammungsuntersuchungen und Identitätsfeststellungen erfordern bei komplizierten und ungewöhnlichen Stammbaumkonstellationen spezielle Lösungsansätze, wobei X-chromosomale Marker aufgrund ihres besonderen Erbganges geeignet sein können. Durch die geschlechtsspezifische Transmission des X-Chromosoms von Müttern auf Söhne und Töchter sowie von Vätern ausschließlich auf Töchter ergeben sich einerseits eine eingeschränkte Anwendbarkeit und andererseits ein besonderes Potential der ChrX-Marker. Mit der komplexen Validierung zahlreicher X-chromosomaler DNA-Polymorphismen für die forensische Fallarbeit ist das X-Chromosom heute engmaschig durch geeignete Marker kartiert. Die Grundprinzipien der Anwendung von ChrX-STRs sowie die Möglichkeiten der Nutzung stabiler Haplotypen unabhängiger Kopplungsgruppen für die Lösung komplexer forensisch-genetischer Fragestellungen werden dargestellt.

Ahnenforschung mit Hilfe von DNA-Analysen: Ein Fallbericht

Henke J., Winkler C., Henke L.

Institut für Blutgruppenforschung LGC GmbH, Köln

Es wird ein Fall geschildert, in dem zwei putative Vettern feststellen lassen wollten, ob sie in der männlichen Linie miteinander verwandt sind. Die Besonderheit des Falles ergibt sich aus dem Umstand, dass der mögliche gemeinsame männliche Vorfahre vor 11 bzw. 12 Generationen gelebt hat (gemeinsamer Vorfahre; verst. 1633). Zur Klärung der Fragestellung wurden Y-chromosomale DNA-Merkmale typisiert.

Zur Populationsgenetik Y-chromosomaler SNPs

Lessig R., Edelmann J., Kozhemyako V., Dobosz, T., Jonkisz A.

Institut für Rechtsmedizin der Universität Leipzig

Die Zahl der beschriebenen Y-STRs hat in den letzten Jahren erheblich zugenommen und weitere Untersuchungen zur Populationsgenetik werden durchgeführt. Sie gehören zum Goldstandard der Routine. In der molekularen Anthropologie wurden SNPs zur Ermittlung der Haplogruppenhäufigkeiten untersucht. Diese sind auch in den Fokus der forensischen Molekulargenetik gerückt, da sie für die Detektion der Y-Haplogruppenzugehörigkeit eingesetzt werden können. Für diese Untersuchung existiert mittlerweile ebenfalls eine ausreichend hohe Anzahl von SNPs. Im phylogenetischen Stammbaum sind über 200 dieser Marker aufgeführt. Das Potential besteht in der Zusatzinformation der Haplogruppenzugehörigkeit und damit der möglichen geografischen Herkunft der männlichen Linie. Dazu wurden drei Populationen aus Leipzig, Wrocław und Wladiwostok mit einem Set von 29 SNPs nach Brion et al. (2005) untersucht, welche zuvor bereits mit Y-STRs analysiert wurden. Die Häufigkeiten der Haplogruppen und der Haplogruppen-Diversity-Indizes wurden ermittelt. Die Ergebnisse zeigen das Potential dieser Polymorphismen für populationsgenetische Untersuchungen.

"Drei Ausschlusskonstellationen erlauben die Aussage, dass der Putativvater ausgeschlossen ist." Oder nicht? – Biostatistik zwischen Ausschluss und Mutation

Grobe O.¹, Martin R.², Mucbe M.2

¹Labor für Abstammungsgenetik, Kiel; ²Institut für Blutgruppenserologie und Genetik, Hamburg

Es wird ein Abstammungsfall vorgestellt, bei dem sich nach drastischer Ausweitung des Untersuchungsumfanges drei Ausschlusskonstellationen finden, die alle durch Einschnittmutationen erklärbar wären. Handelt es sich tatsächlich um einen Fall mit

drei Mutationen oder doch um die Vaterschaft eines nahen Verwandten, die von allen Prozessbeteiligten verneint wird? Welche Weiterungen ergeben sich hieraus für die Formulierung in den Richtlinien für die Erstattung von Abstammungsgutachten?

Ergebnisse der DGAB-Ringversuche 2007/08

Fimmers R., Baur M.P. und Mitarbeiter
Institut für Medizinische Biometrie, Informatik und Epidemiologie, Universitätsklinik Bonn

STR-Fehlerraten der GEDNAP-Ringversuche 2002-2006

Schneider P.M., Hohoff C.
Institut für Rechtsmedizin der Uniklinik Köln,
Forensische Genetik Münster

Die Ergebnisse der GEDNAP-Ringversuche im Zeitraum der letzten 5 Jahre wurden in Bezug auf die in Europa im Bereich der nationalen DNA-Analyse-Dateien generell eingesetzten STRs ausgewertet. Dabei sollte vor allem geklärt werden, ob es Unterschiede in den Fehlerraten zwischen den einzelnen STR-Systemen gibt, die einen Rückschluss auf die Zuverlässigkeit dieser Systeme in der Spurenanalytik gibt.

Mutationsraten bei mitochondrialen DNA-Merkmalen: Ein Erklärungsansatz auf Basis einer Evolutionshypothese

Winkler C.
Institut für Blutgruppenforschung LGC GmbH, Köln

Single Nucleotide Polymorphismen (SNPs) können das Rüstzeug der Forensiker und Abstammungsbegutachter hervorragend ergänzen. Inter alia sind es maternal vererbte SNPs, die in phylogenetischer bzw. phylogeographischer Hinsicht von Interesse sind. Ein entscheidendes Kriterium für den Einsatz dieser Polymorphismen ist eine geringe Mutationsrate. Es wird in letzter Zeit jedoch öfter publiziert, dass aus dem Mitochondrium vererbte DNA (mtDNA) einer höheren Mutationsrate unterliegt, als die im Zellkern lokalisierten Nukleinsäuren. Solche abgeleiteten Mutationsraten haben einen entscheidenden Einfluss auf zeitliche Skalierungsmodelle in der Frage unserer Herkunft. Um den Unterschied in den Mutationsraten zu verstehen, ist es ratsam, zuerst die Frage des Ursprungs unserer Mitochondrien und deren Evolution zu klären, um dann ein grundlegendes Verständnis für die unterschiedliche Entwicklung von Zellkern- und mitochondrialer DNA zu schaffen. In diesem Ansatz werden einige Kernhypothesen zusammengefasst, die den Hintergrund für die

unterschiedlichen Mutationsraten verständlich machen sollen.

Analyse von mitochondrialer DNA mittels MALDI-TOF MS

Schubbert R., Brendel T., Hell W., Rittler S., Schneider S.

Abteilung für Angewandte Genetik, Eurofins Medigenomix GmbH, Martinsried

Bei forensischen, verwandtschaftlichen und genealogischen Fragestellungen ist die Analytik von mitochondrialen Haplotypen ein nützliches Instrument. mtDNA enthält Informationen über die mütterliche Linie, kann bspw. in Haaren lange überdauern und selbst in archäologischen Proben zur Verfügung stehen. Zur Analyse von mtDNA werden meist die Loci HV I und II sequenziert und die enthaltenen SNPs erfasst. Diese Methode liefert einen Überblick über die komplette Sequenz unter Erfassung auch vorher unbekannter Polymorphismen. Enthält die Sequenz jedoch INDEL-Polymorphismen oder lange C-Stretche, kann die Überlagerung von Signalen zu Problemen bei der Sequenzauswertung führen. Bei degradiertem DNA, das bspw. in Spurenproben oft auftritt, müssen zudem mit hohem Aufwand mehrere PCR Produkte analysiert und die Ergebnisse assembliert werden. Für die effiziente Analytik von SNPs wurde im Labor von Eurofins Medigenomix die MALDI-TOF Massenspektroskopie (Matrix-Assisted Laser Desorption / Ionisation Time of Flight) implementiert (Firma Sequenom). Die Methode nutzt die Massenunterschiede von allelspezifischen Extensionsprodukten und ist mit einem hohen Plexing-Grad sowie der schnellen, chip-basierten Analyse von 376 parallelen Proben hochdurchsatzfähig und günstig. Zudem wird die Analyse der SNPs bei entsprechender Auswahl der Primer nicht von benachbarten Sequenzpolymorphismen behindert. Auf der anderen Seite können jedoch nur bereits bekannte SNPs analysiert werden. Hier präsentieren wir die Ergebnisse einer vergleichenden Analyse von verschiedenen mitochondrialen SNPs mit der klassischen Sequenzierung und der MALDI-TOF Massenspektroskopie hinsichtlich der Reproduzierbarkeit und der Übereinstimmung der Genotypen. Zudem wurden beide Methoden mit degradiertem DNA und gemischten Proben getestet und die Ergebnisse verglichen. Die Ergebnisse sind auch auf die Analytik von Y- und X-Chromosomalen SNPs übertragbar.

Erhöhte forensische mtDNA Unterscheidung durch kombinierte HVI-Sequenzierung und SNP-Typisierung

Köhnemann S.¹, Pfeiffer H.¹, Hohoff C.^{1,2}

¹Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Münster; ²Forensische Genetik Prof. B. Brinkmann

Mit einem neu entwickelten Nachweisverfahren für 31 mitochondriale (mt) Einzelnukleotid Polymorphismen (SNPs) wurden 102 kaukasoide Speichelproben untersucht, welche die revidierte Cambridge Referenzsequenz (rCRS) in der hypervariablen Region I (HVI) aufweisen. Die PCR-basierte Amplifikation und die Einzelbasenverlängerung (single base extension) mit anschließendem SNaPshot Nachweis (Applied Biosystems) wird ebenfalls in einer einzigen Multiplexreaktion durchgeführt. Haplogruppe H ist die gängigste in ganz Europa, auch die rCRS gehört zu Haplogruppe H. Mit dem neuen Nachweisverfahren konnten die Speichelproben in detailliertere Subhaplogruppen von Haplogruppe H eingeordnet werden, folglich kann unser SNP Nachweisverfahren die Diskriminierung der gängigen HVI-Sequenzierung erhöhen. Das Nachweisverfahren kann auch für populationsgenetische Studien eingesetzt werden: 146 zufällig ausgewählte Speichelproben aus einem Dorf in Niedersachsen konnten jeweils einer der weltweit vorkommenden Haplogruppen eindeutig zugeordnet werden. Neben der möglichen Anwendung zur Klärung genealogischer Fragen eignet sich das Verfahren offenbar auch für forensische Problem-spuren, wie exemplarisch an telogenen Haarwurzeln gezeigt werden konnte.

GeneMapper® ID-X 1.0 Software – die STR-Analyse Software der nächsten Generation

Weichhold G., Simon T.

Applied Biosystems, Darmstadt

Die GeneMapper® ID-X 1.0 Software von Applied Biosystems ist ein leistungsfähiges, neues Datenanalyse Tool, welches die Sicherheit bei der Auswertung und Analyse von forensischen Proben sowie bei Referenzproben, wie sie bei der Vaterschaftsanalyse verwendet werden, deutlich verbessert. Die neu entwickelnde Software integriert neue und verbesserte Möglichkeiten Proben zu qualifizieren und mittels eines ausgefeilten Qualitätsbewertungssystems sicher der Begutachtung zuzuführen. Dabei unterstützt GeneMapper® ID-X sowohl automatisierte Auswertungen wie auch die manuelle Bearbeitung von Einzelprofilen. Neben vielfältigen Möglichkeiten eigene Reports zu definieren unterstützt die GeneMapper® ID-X Software eine Multiuserumgebung in der verschiedene Anwender auf eine zentrale Datenbank zugreifen können. Abgerundet wird die Systemlösung durch ein implementiertes Sicherheitssystem welches die Zugriffsberechtigung auf verschiedenen Ebenen regelt. Auch werden Auditierung und elektronische Signatur unterstützt, so dass sich die Software für den Einsatz in zertifizierten Umgebungen anbietet.