

Institut für Rechtsmedizin der
Julius-Maximilians-Universität

Vorstand: Prof. Dr. med. Michael Bohnert

Forensische Molekularbiologie

Dr. rer. medic. Daniel Zaumsegel
Forensische Molekularbiologie

31.10.2023

Disclaimer - Dringender Hinweis

- **Vorlesungsinhalte** und deren Abfolge genießen urheberrechtlichen Schutz (§ 2 Abs. 1 Nr. 1 UrhG).
- **Abbildungen von Patienten inkl. Röntgenbilder** sowie auch **Fotos/Film- und Audioaufnahmen mit den Dozierenden** unterliegen dem Persönlichkeitsrecht (§ 823 Abs.1 BGB, Art. 2 Abs.1 GG und § 22 KUG).
- Eine **Vervielfältigung, Weitergabe an Dritte oder Veröffentlichungen** jeglicher Art, insbesondere im Internet, ohne vorherige Einwilligung des Urhebers, sind **verboten** und können rechtliche Ansprüche (Unterlassungs- und Schadensersatzansprüche) oder strafrechtliche Konsequenzen nach sich ziehen.

Aufgabenbereiche

- **Spurenuntersuchung im Strafverfahren**
 - Spurensuche und –sicherung
 - Bestimmung der Spurenart
 - DNA-Analyse
- **Abstammungsuntersuchung**
- **Identifizierung unbekannter Verstorbener**
 - Abstammung
 - Direktvergleich

Strafprozeßordnung (StPO)

- 1990:** BGH bestätigt Zulässigkeit der Analyse von genetisch informationslosen Abschnitten der DNA zu Beweis Zwecken im Strafverfahren
- 1997:** Strafverfahrensänderungsgesetz Ergänzungen (§ 81 a Abs. 3, § 81 e-f)
- 1998:** DNA-Identitätsfeststellungsgesetz (§ 81 g)
- 2005:** Gesetz zur Novellierung der forensischen DNA-Analyse
- 2019:** Gesetz zur Modernisierung des Strafverfahrens

§ § 81 a-g Strafprozeßordnung (StPO)

§ 81 a [Körperliche Untersuchung von Beschuldigten]

§ 81 b [Erkennungsdienstliche Maßnahmen]

§ 81 c [Körperl. Unters. von Beschuldigten u.a. Personen, Verweigerung]

§ 81 d [Untersuchung weiblicher Personen]

§ 81 e [Molekulargenetische Untersuchungen]

§ 81 f [Anordnung und Durchführung molekulargenet. Untersuchungen]

§ 81 g [Zusatzbestimmung zur DNA-Identitätsfeststellung]**

§ 81 h [DNA-Reihenuntersuchung]

* Ergänzungen (§ 81a Abs. 3, § 81 e-f) im Strafverfahrens-Änderungsgesetz DNA-Analyse vom 21.03.1997 und im Gesetz zur Modernisierung des Strafverfahrens vom 10.12.2019

** durch DNA-Identitätsfeststellungsgesetz vom 7.09.1998 angefügt

Zweckbestimmung: Verwendung der (Blut)-proben vom TV nur im zugrundeliegenden oder anderem „anhängigem“ Verfahren

Vernichtung: Vernichtung aller entnommenen Vergleichsproben, wenn diese für Verfahren nicht mehr erforderlich sind (§ 81a, Abs.3); keine Asservierung erlaubt

Festlegung des Untersuchungszieles: molekulargenet.
Untersuchungen zur Feststellung der Abstammung oder Zuordnung zu einer Spur zum TV oder GES sind zulässig, darüber hinausgehende Untersuchungen (z.B. Offenlegung von Anlagen einer Erbkrankheit) sind unzulässig (§ 81e)
Seit 2019: „Ist unbekannt von welcher Person das Spurenmaterial stammt, dürfen zusätzlich Feststellungen über Augen-, Haar- und Hautfarbe, sowie das Alter der Person getroffen werden.“

Organisatorische und sachliche Trennung: der ermittlungsführenden Dienststelle von Einrichtung, die die DNA-Analyse durchführt

Anonymisierung: Weitergabe der Proben an Sachverständigen ohne Nennung des Namens, der Anschrift und des Geburtsdatums (Tag und Monat) des Betroffenen; Schutz vor Manipulation

Überwachung durch Datenschutzbeauftragten: auch wenn der Sachverständigende die Ergebnisse nicht in Dateien verarbeitet (§ 81f, Abs. 2)

Kein Einsatz der DNA-Analyse **bei Ordnungswidrigkeiten**

Spurensuche und -sicherung

- **Überwiegend durch die Polizei**
- **Bei Originalspurenträgern Sicherung gemäß Auftrag/Sachverhalt**
 - Fallzusammenhang bzw. Zielrichtung im Antrag
 - Rücksprache
- **Gute Lichtverhältnisse**
- **Unterstützende Technik**
 - **Tatortleuchte (Lumatec Superlite 410)**
 - **Vortests**

Tatortleuchte

- Ausleuchtung des Spurenrägers
- Unterschiedliche Wellenlängen
- Unterschiedliche Filter

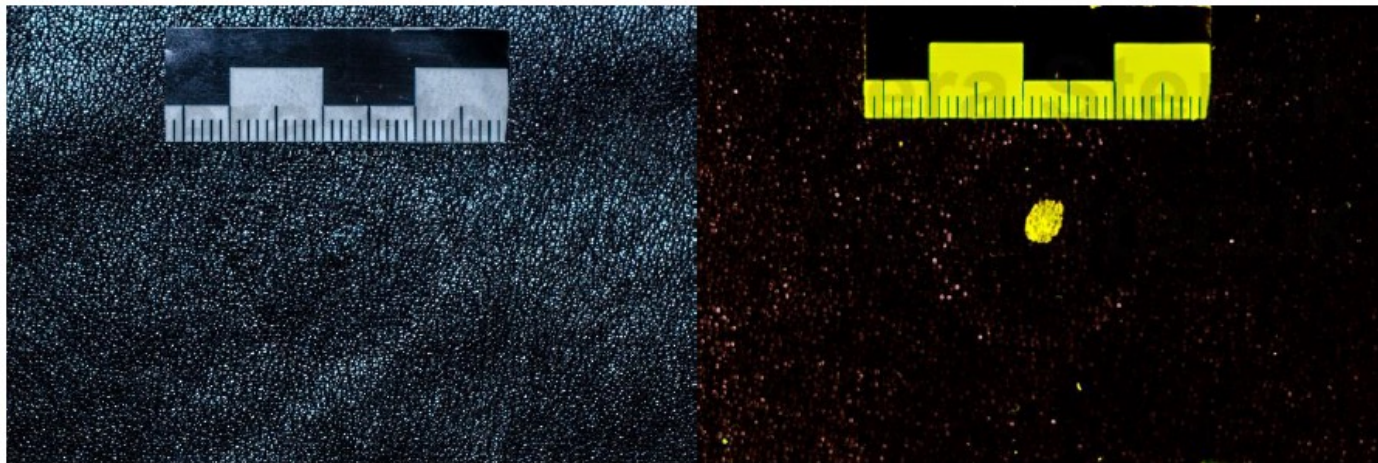


Abb.10: Urin unverdünnt. 10µl auf dunkelbraunem Kunstleder (Träger 11) **links:** ohne Tatortleuchte; **rechts:** mit Bestrahlung durch Superlite 410; orangener Filter, Wellenlänge 440nm.

Vortests

- **Hilfe bei der Spurensuche**
 - **Welche Antragung ist zu sichern?**
- **Eigenständiger Sachbeweis**
 - **Bestimmung der Spurensart**
 - **Blutspur? Wenn ja – menschlich?**
 - **Sperma oder Speichel?**

Vortests

- **Biochemisch**
 - **Blut**
 - **Speichel**
 - **Sperma**
- **Immunologisch / Immunchromatographisch**
 - **Menschliches Blut**
 - **Peripheres Blut**
 - **Menstruationsblut**
 - **Menschlicher Speichel**
 - **Menschliche Samenflüssigkeit**
 - **Menschlicher Urin**

Vortests

- **RNA-Analytisch**
 - **Diverse Körperflüssigkeiten und Gewebe**
 - **Vaginalsekret, Nasensekret**
 - **Unterscheidung von Organgeweben**

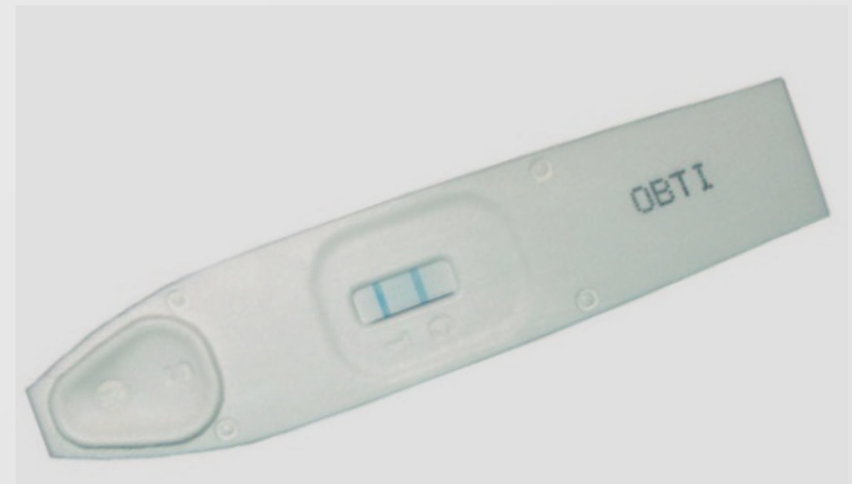
**Technisch aufwändig, nicht kommerziell
verfügbar**

Vortest: Blut



Hemastix:
Pseudoperoxidasereaktivität
von Hämoglobin
unspezifisch

humanspezifisch



Antikörperreaktion
humanspezifisch

Vortest: Sperma / Samenflüssigkeit

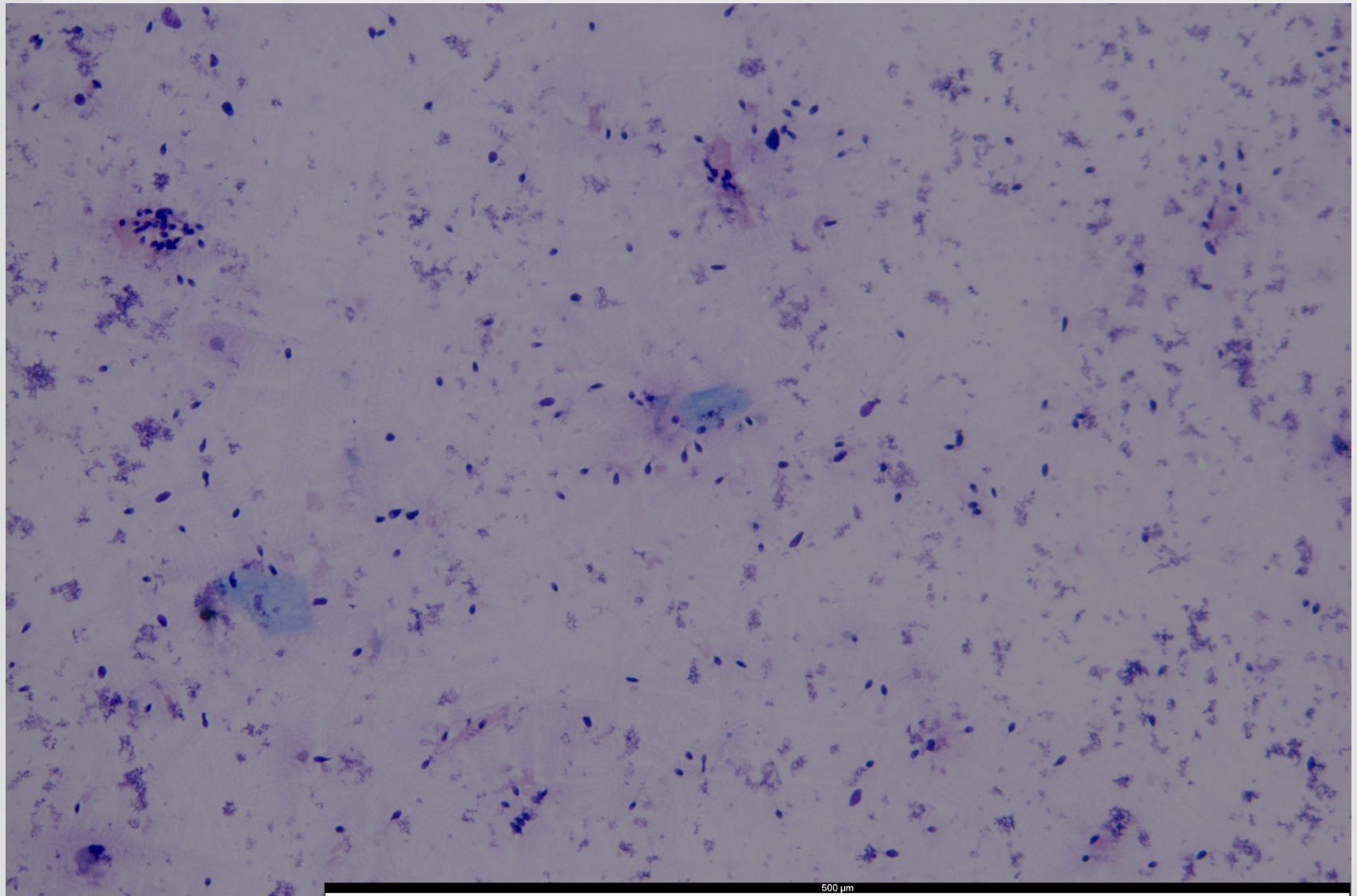
Immunchromatographische Testverfahren:
Proteinbestandteile der Samenflüssigkeit:

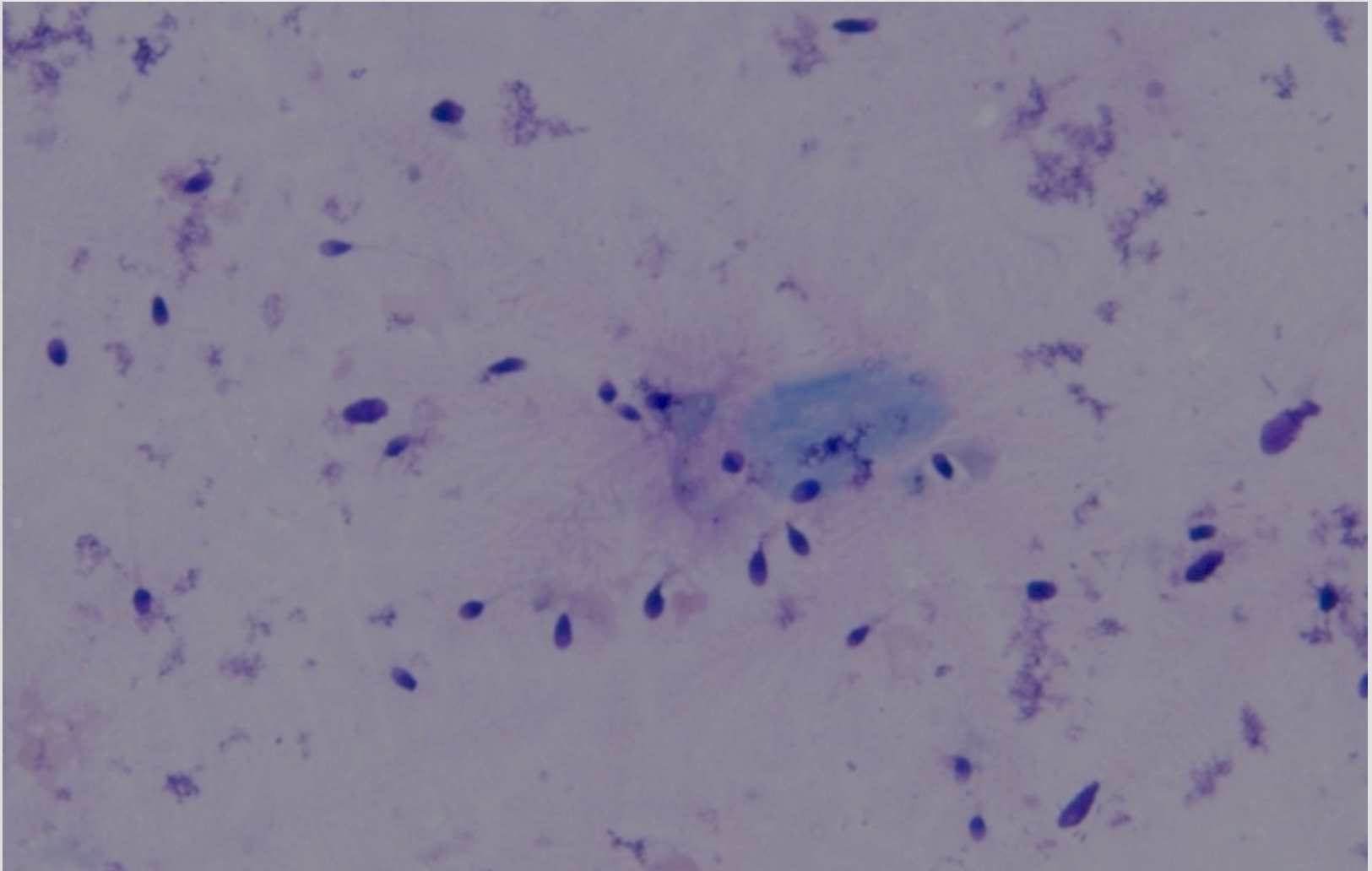
➔ Saure Phosphatase

➔ Prostataspezifisches Antigen



Schnelltests kein Ersatz für Spermennachweis!



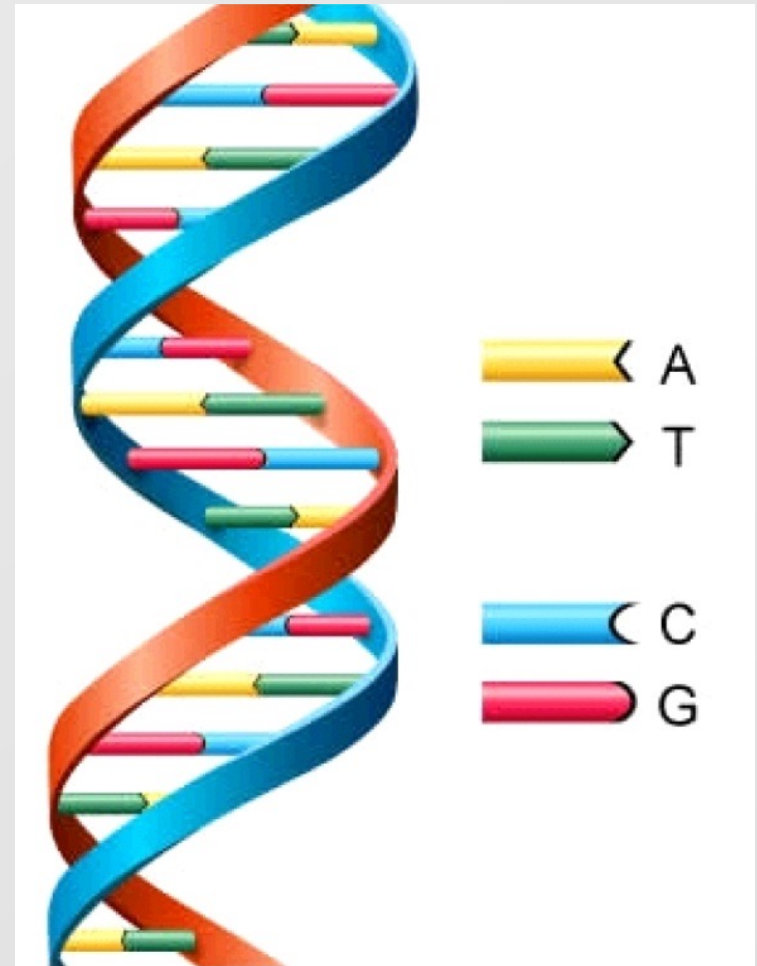




DNA: Grundlagen

DNA (engl.; = DNS) Desoxyribonukleinsäure

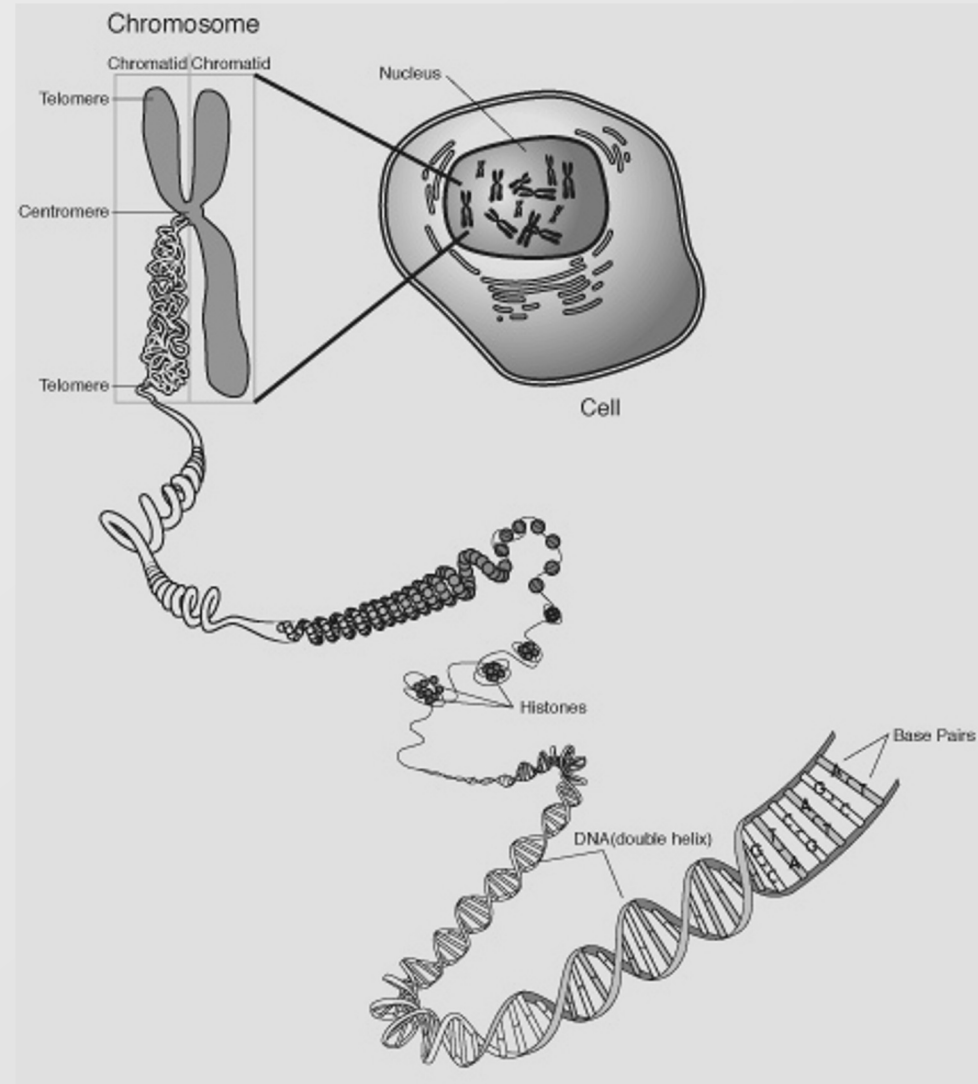
- in den meisten Organismen vorkommendes Biomolekül
- Träger der Erbinformation (= Gene)
- Struktur: Doppelhelix aus zwei polymeren Einzelsträngen
- Größe: 3,3 Mia bp (ca. 25.000 Gene)
- ca. 98 % der DNA sind nicht (protein-)codierend



DNA: Grundlagen

DNA-Organisation

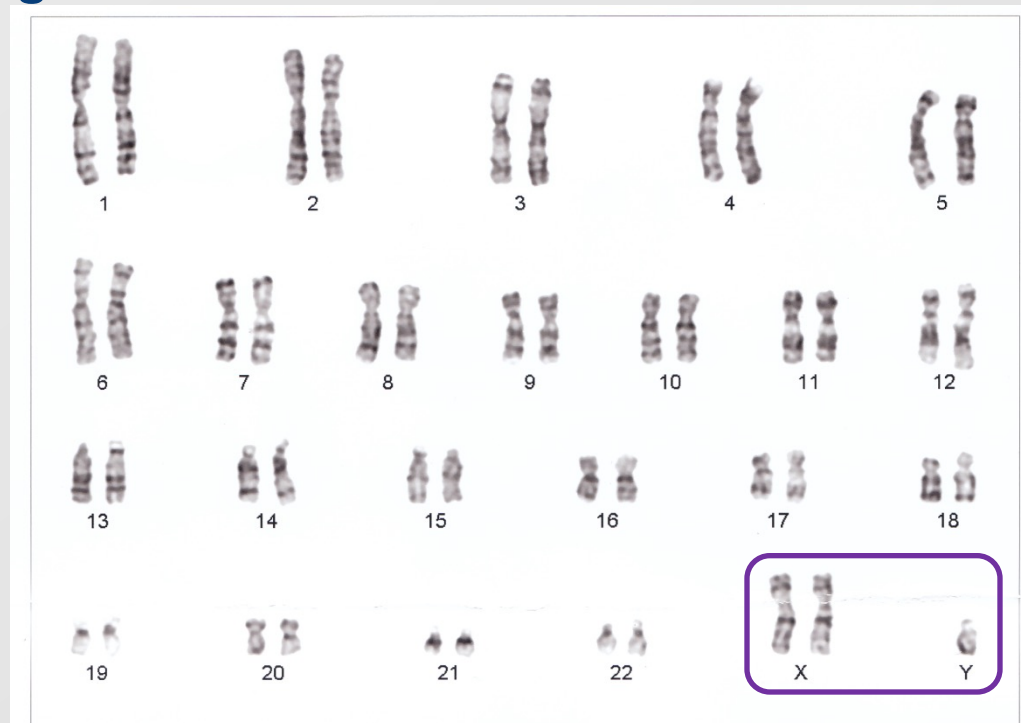
- lineare Molekülstruktur im Zellkern
- durch Interaktion mit Proteinen Organisation von Chromosomen
- ringförmige Struktur in Mitochondrien



DNA: Grundlagen

Das humane Genom

- normalerweise enthalten alle kernhaltigen Zellen eines Organismus die gleiche genetische Information
- verteilt auf diploiden Chromosomensatz mit insgesamt 46 Chromosomen:
 - ✓ 22 Autosomenpaare (Chromosom 1-22)
 - ✓ 1 Gonosomenpaar (XX oder XY)



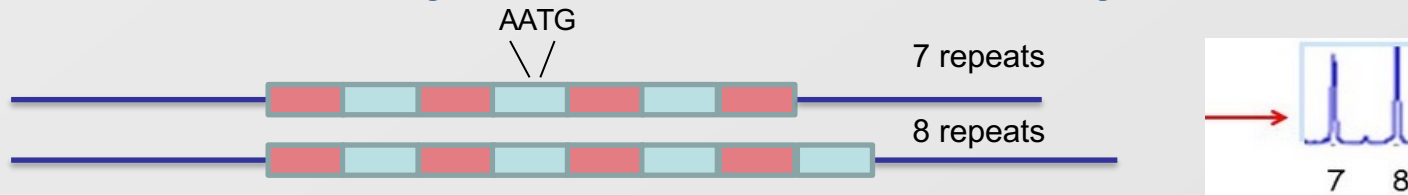
Klassen von DNA-Polymorphismen

- **Copy number variations (CNV)**
 - Betrifft ganze Gene
 - Mehrere Kopien eines Gens vorhanden
- **Sequenz-Polymorphismus**
 - Single Nucleotide Polymorphismen (SNP)
 - Austausch eines einzelnen Basenpaars
z.B.: ACTGCGATCTAGTCATGTA
ACTGCGATATAGTCATGTA
- **Fragmentlängen-Polymorphismus**
 - Insertions-Deletions Polymorphismen (Indel, DIP)
 - Nur 2 Allele, daher mit SNPs vergleichbar
 - Insertion oder Deletion eines DNA-Abschnitts
z.B.: GTTAGCAGA[GTGGA]CTAGACCAGG
GTTAGCAGA[.....]CTAGACCAGG
 - Mikrosatelliten-DNA: Short Tandem Repeats (STR)

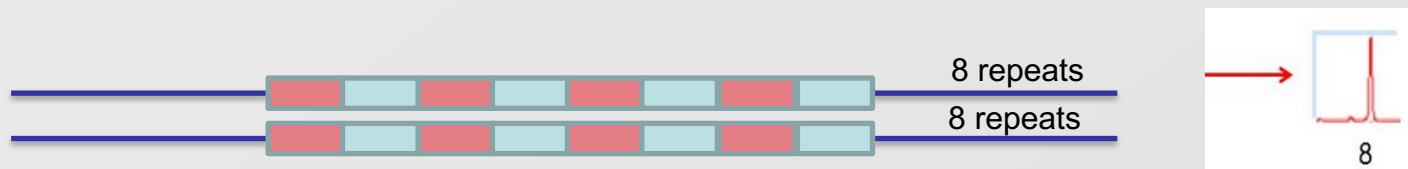
DNA Analyse

Mikrosatelliten-DNA (STRs; short tandem repeats)

- Wiederholungssequenzen im **nicht-codierenden** Bereich
- Unterscheidung in Anzahl der Wiederholungseinheiten



Heterozygot= Allele unterschiedlicher Fragmentlänge

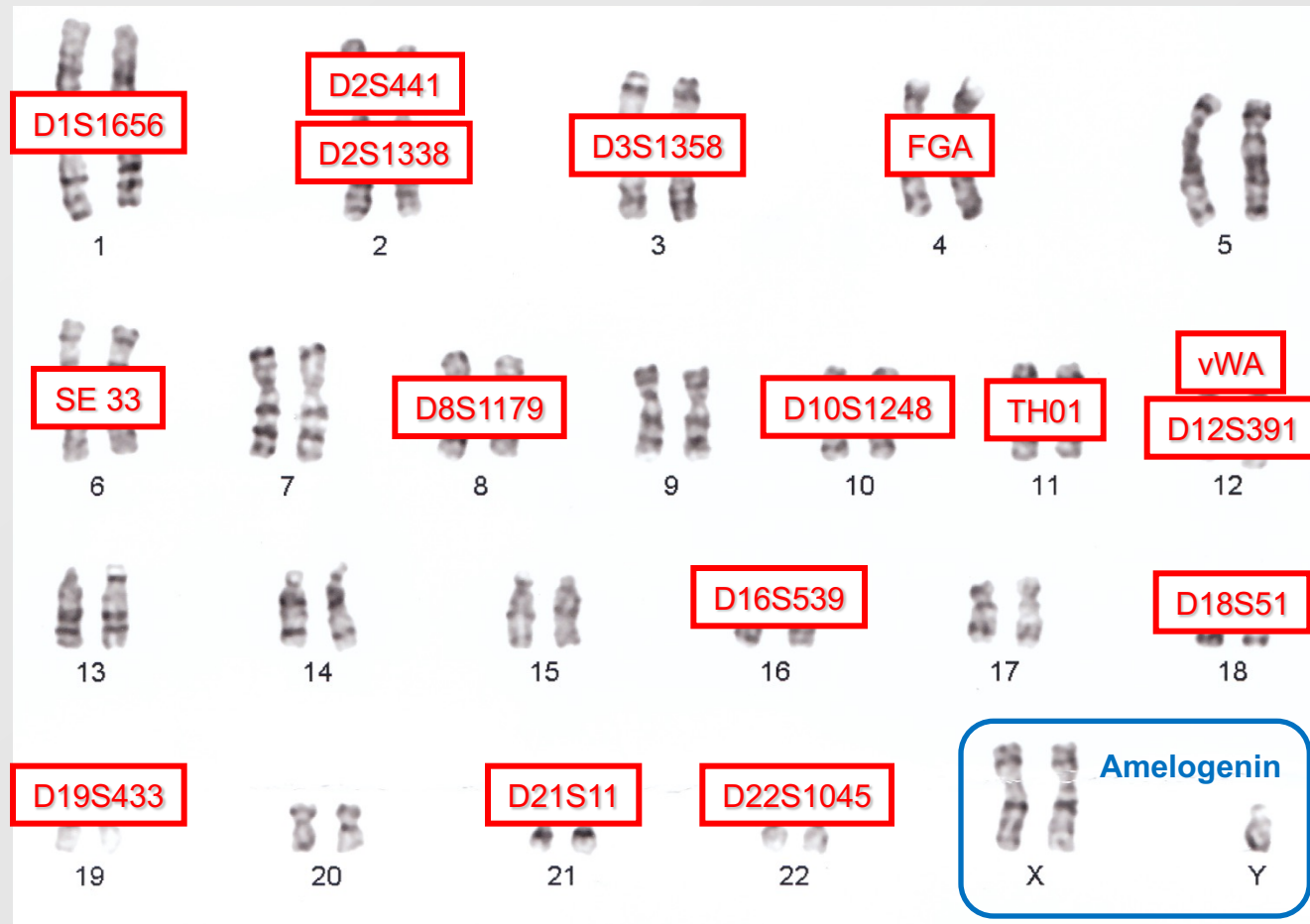


Homozygot= Beide Allele haben die gleiche Fragmentlänge

Verwendete STR-Merkmalssysteme

Standardanalyse: 17 Merkmalssysteme (Europäischer Standard)

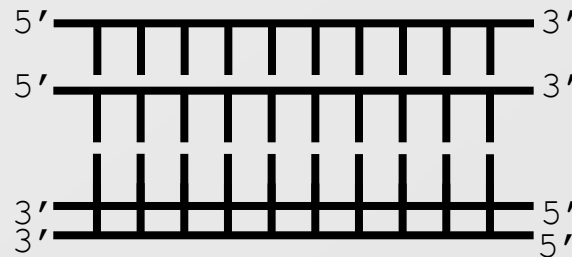
- **16 STR-Systeme**
- Voneinander unabhängige, ungekoppelte Vererbung der einzelnen STR-Marker
- Amelogenin zur Geschlechtsbestimmung



Ablauf einer DNA-Analyse im Labor

- **Dokumentation des Asservates**
- **Nachweis der Spurenart**
 - Blut, Speichel, Spermasekret, Urin
- **Extraktion der DNA**
- **Quantifizierung des Anteils humaner DNA**
 - Weitere Informationen: Anteil männlicher DNA, DNA-Degradation
- **DNA-Typisierung (bis zu 16 STR-Systeme)**
 - Möglichst im Doppelansatz mit zwei unabhängigen Analysen
 - Erst die Spur, dann die Person
 - Ergänzende Analysen, falls angezeigt (z.B. Y-STR-Systeme)
- **Befunderstellung**
 - DAD-Meldebogen (bei Spuren ohne Vergleichspersonen)
 - Vergleiche mit Berechtigten und Beschuldigten
 - Biostatistische Interpretation bei Nicht-Ausschluss

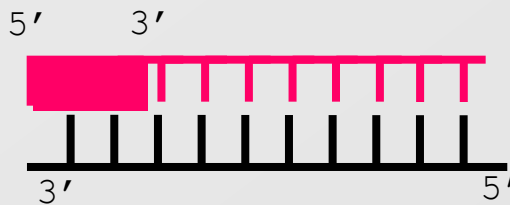
DNA Amplifikation mit der Polymerase Ketten Reaktion (PCR)



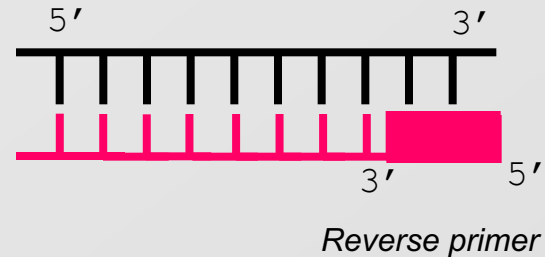
*Starting DNA
Template*

Strangtrennung
(Denaturierung)

Forward primer

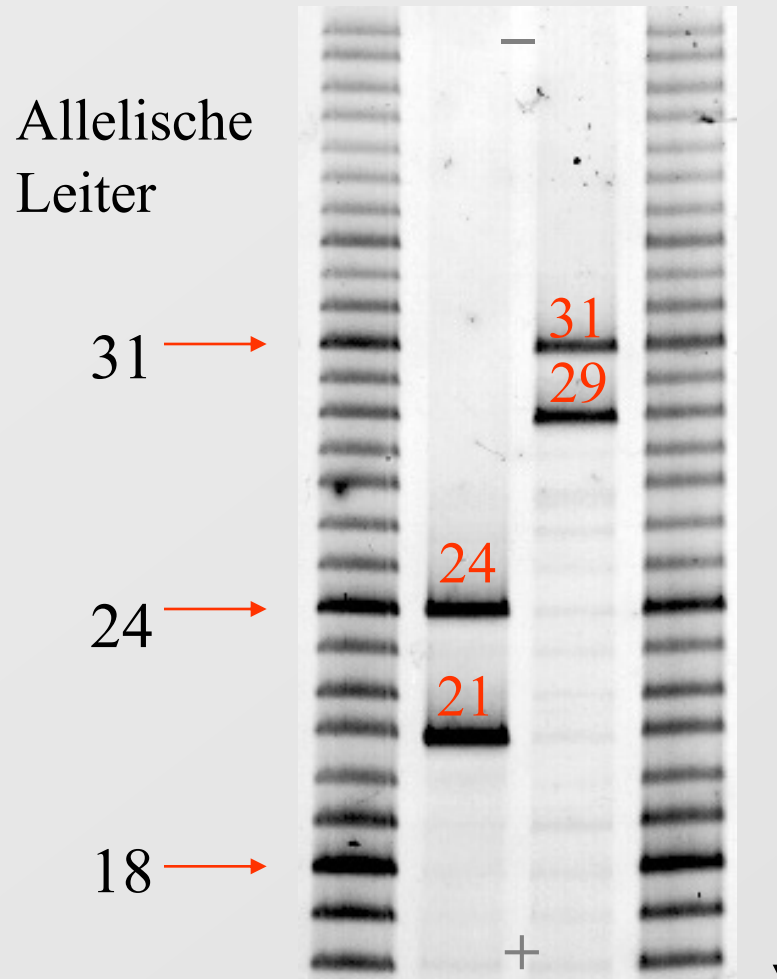


kopieren
(Primerzugabe
(Annealing)
verlängerung)



Reverse primer

Direkter Nachweis der PCR-Fragmente



DNA-Analyse: Durchführung

- **Multiplex-PCR: simultane Amplifikation von 17 unterschiedlichen (STR)-Markern/Reaktion**
- **Verwendung von fluoreszenzmarkierten Primern**
- **Auftrennung in der Kapillarelektrophorese**

DNA-Analyse: Kapillarelektrophorese

Amplifizierte DNA-Fragmente
(PCR-Produkte) mit
Fluoreszenzmarkierung



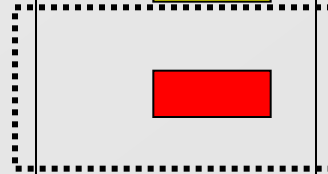
Elektrophoretische
Größenauffrennung
der markierten
PCR-Produkte



Kapillare

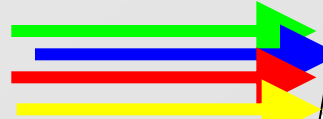
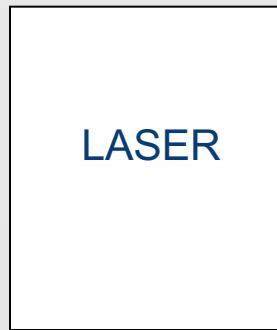


Detektions-
fenster



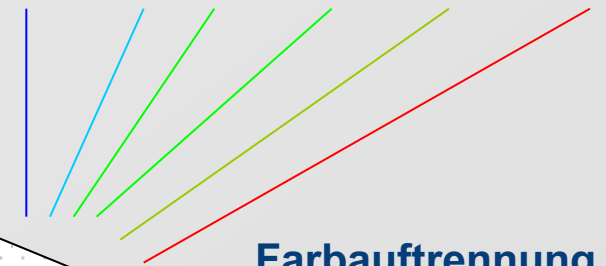
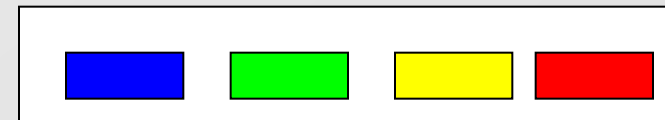
LASER

Fluoreszenzsignal



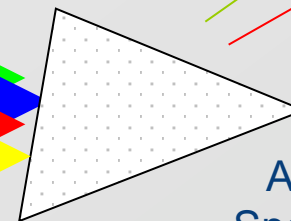
Probenerkennung

CCD Panel



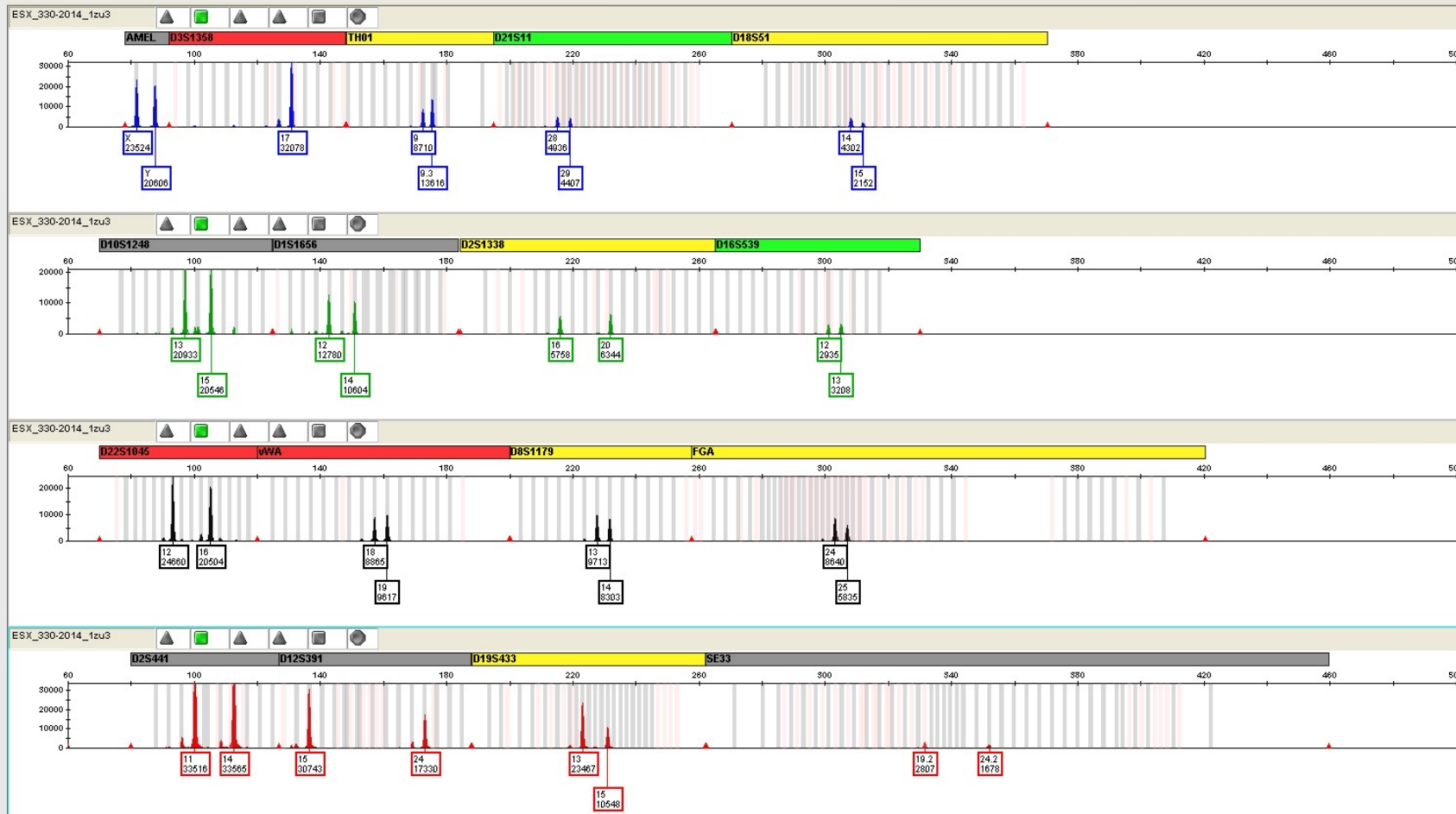
Farbauffrennung

ABI Prism
Spektrograph



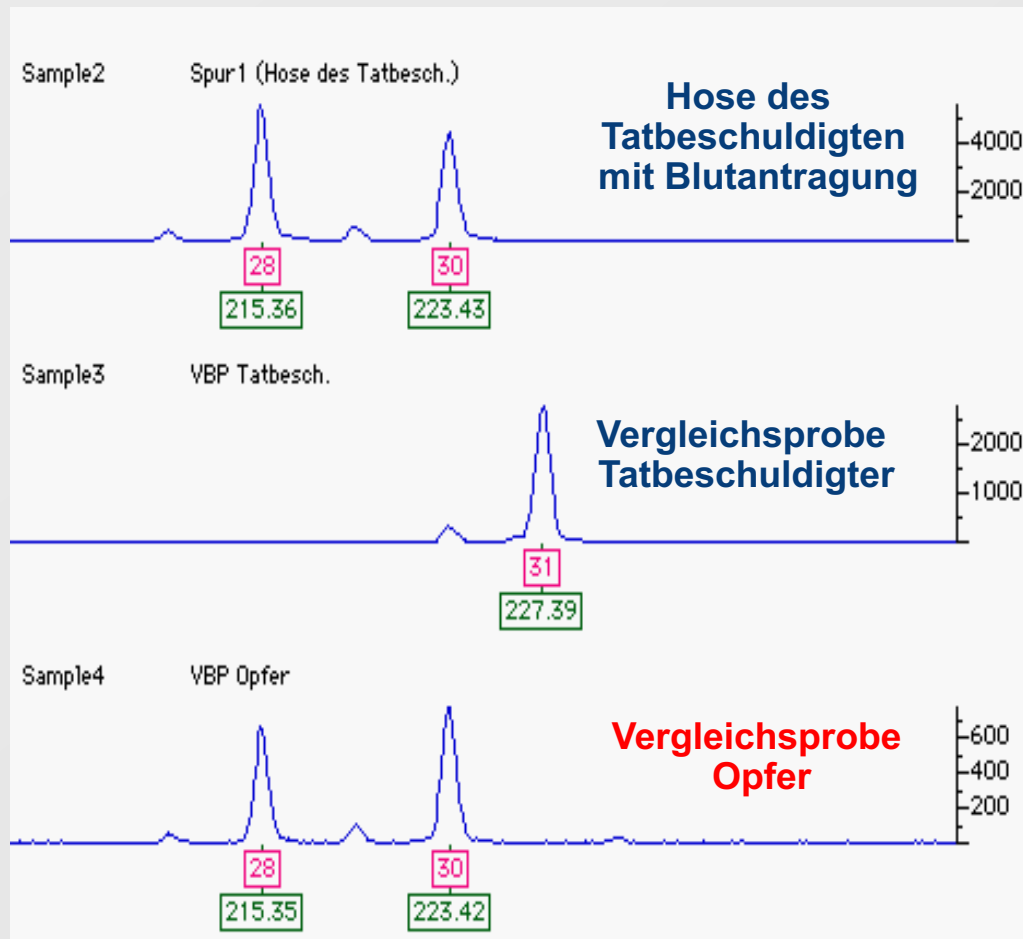
DNA-Analyse: Ergebnis = DNA-Profil

Auswertung aller untersuchter STR-Marker ergibt den
„genetischen Fingerabdruck“



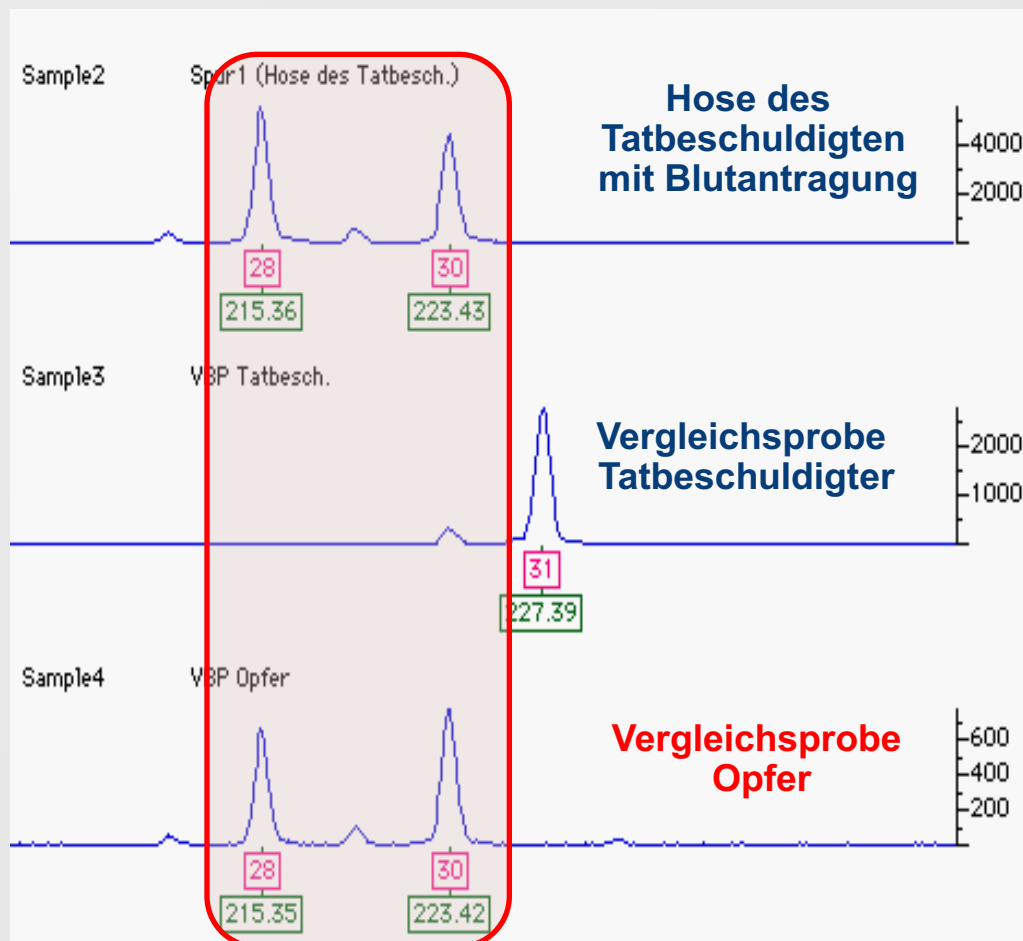
DNA-Analyse: Beispiele

Ermittlungsverfahren: Körperverletzung



DNA-Analyse: Beispiele

Ermittlungsverfahren: Körperverletzung



Begutachtung:

An dem untersuchten Genort stimmen die DNA-Merkmale des Opfers mit den auf der Hose des Tatbeschuldigten sichergestellten DNA-Merkmalen überein.

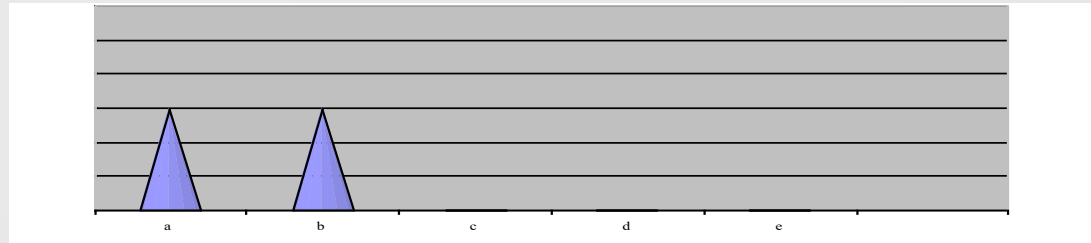
Tatbeschuldigten kann somit als Täter nicht ausgeschlossen werden.

Grenzen der STR-Analyse

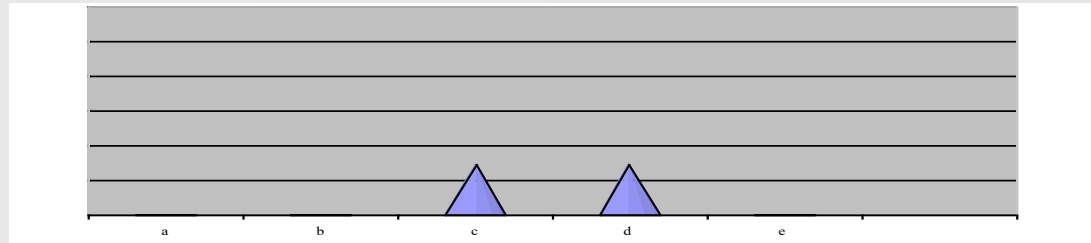
- **Nachweisgrenze**
500 pg DNA für Vollprofil; mind. 100 pg DNA, dann Teilprofile
Bsp. Kontaktsuren (Diebstahl)
- **Qualität der DNA**
Degradation, Inhibitoren
Bsp. DNA aus Knochen, Haare, Abstrich Schuh, Teppich
- **Mischspuren**
mehr als 1 Person (Bsp. Sexualdelikte) oder Kontaminationen
Ableitung von DNA-Profilen nur begrenzt möglich
- **Haare**
nur mit Wurzel erfolgreiche Typisierung möglich

Entstehung einer Mischspur

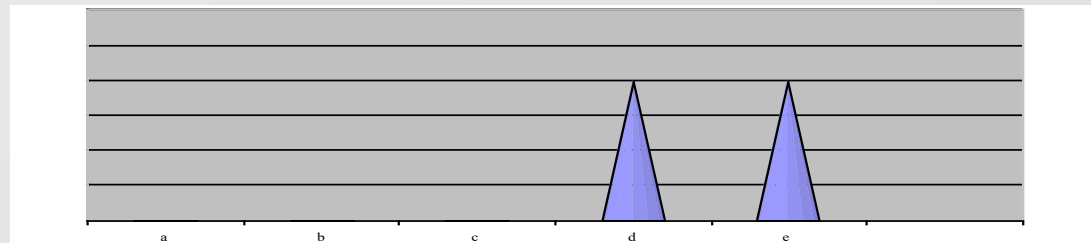
Person 1 (a, b)



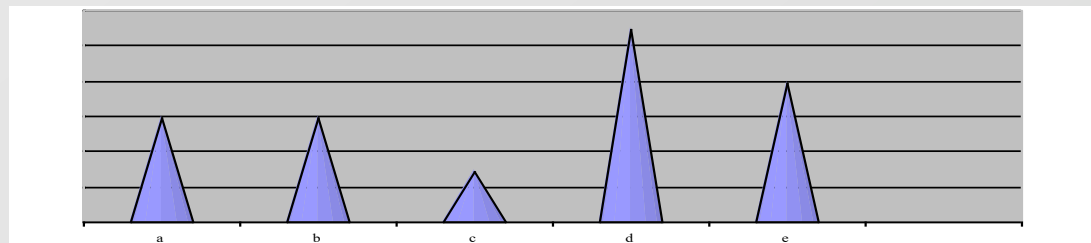
+ Person 2 (c, d)



+ Person 3 (d, e)



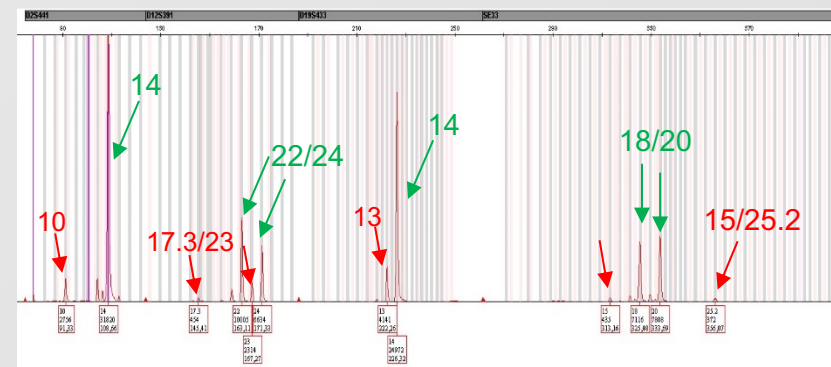
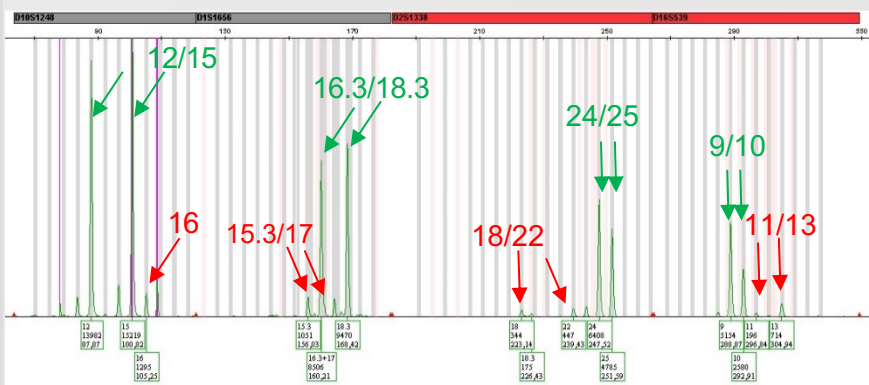
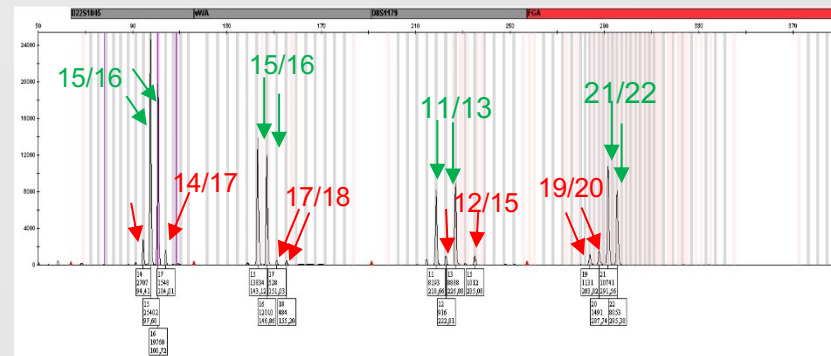
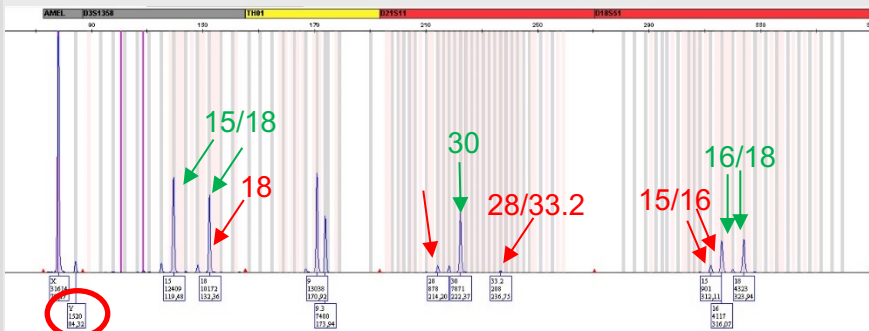
= Mischspur
(a, b, c, d, e)



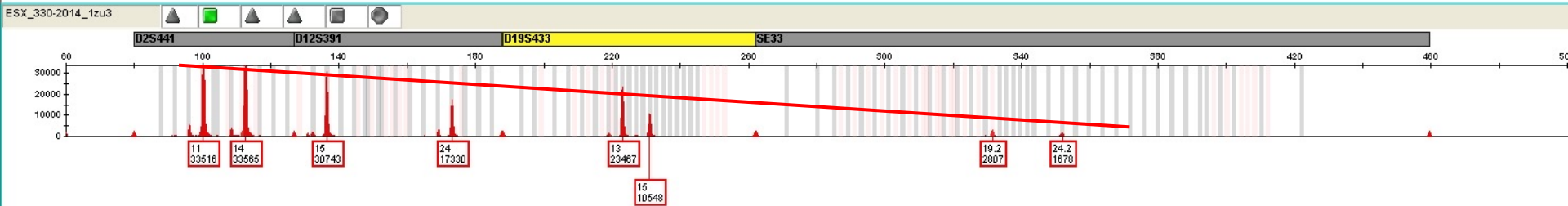
Fallbeispiel: Vergewaltigung

- Asservat: Vaginalabstrich

Opfer-Tatverdächtiger Mischprofil

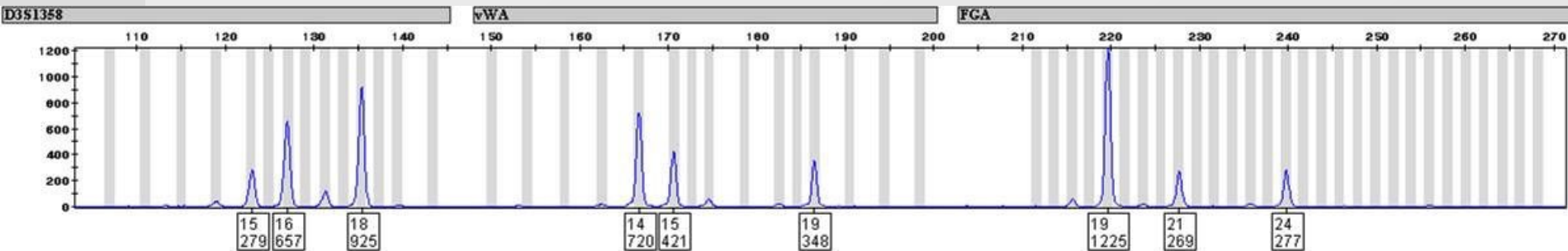


DNA-Qualität



- **Effekt von Degradation und Inhibition**
 - „Ski Slope Effect“
 - Abfallende Signalstärke abhängig von der Fragmentlänge
- **Bei Inhibition evtl. behebbar**
 - Verdünnung der Probe
 - Aufreinigung der Probe
- **Bei Degradation nicht behebbar**

Stochastische Phänomene

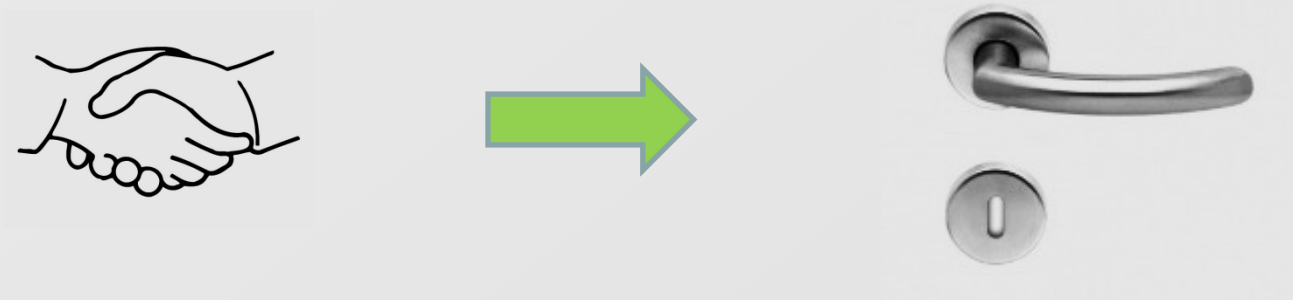


- Führen zu Allel und Locus Drop-out und Drop-in Effekten
 - Einzelne Merkmale oder alle Merkmale eines Systems werden nicht nachgewiesen
 - wenn das Analyseverfahren die Nachweisgrenze erreicht hat!

Sekundärer Transfer

- Übertragung von Körperzellen durch einen Unbeteiligten auf eine dritte Person oder einen Gegenstand am Tatort

z.B. durch Händeschütteln und Anfassen einer Türklinke



- Minimalspuren oftmals mit kurzer „Halbwertszeit“

Das Kontaminationsproblem

- **keine Kontamination:** Normaler Gebrauch von Gegenständen durch Berechtigte kann Tatortspur verändern
- **Kontamination:** Durch unsachgemäße Asservierung am Tatort oder falsche Behandlung im Labor unabsichtlich gelegte Spuren, sind vermeidbar

„Phantom von Heilbronn“

- weibliches DNA-Profil
- über 40 Tatorte in Europa (D, A, F)
- unterschiedlichste Schwerverbrechen
- Spuren ab 1993
- massive Zunahme ab 2007
- Aufklärung 2009



Steril ≠ DNA-Frei!

Neuer Standard für Reagenzien- und Verbrauchsmaterial-
Hersteller:

ISO 18385 – „Minimizing the risk of human DNA
contamination in products used to collect, store and
analyze biological material for forensic purposes
-- Requirements”

Gültig seit Februar 2016

Schwierigkeiten bei DNA-Analyse



Familiäre Täter-Opfer-Konstellation

	Spur	Kind	Mutter	Vater	Onkel/Opa
SE 33	22 / 23 / 30.2	22 / 30.2	22 / 28.2	23 / 30.2	22 / 23
TH01	6 / 9.3	6 / 9.3	6 / 6	6 / 9.3	9.3 / 9.3
FGA	21 / 23	21 / 23	21 / 23	21 / 21	21 / 23
vWA	14 / 15	14 / 15	15 / 15	14 / 15	14 / 14
D2S441	10 / 11 / 14	10 / 14	10 / 11	11 / 14	11 / 14

Schwierigkeiten bei DNA-Analyse



DNA-Merkmale des Opfers (Kind)

	Spur	Kind	Mutter	Vater	Onkel/Opa
SE 33	22 / 23 / 30.2	22 / 30.2	22 / 28.2	23 / 30.2	22 / 23
TH01	6 / 9.3	6 / 9.3	6 / 6	6 / 9.3	9.3 / 9.3
FGA	21 / 23	21 / 23	21 / 23	21 / 21	21 / 23
vWA	14 / 15	14 / 15	15 / 15	14 / 15	14 / 14
D2S441	10 / 11 / 14	10 / 14	10 / 11	11 / 14	11 / 14

Schwierigkeiten bei DNA-Analyse



sichere DNA-Merkmale des Täters

	Spur	Kind	Mutter	Vater	Onkel/Opa
SE 33	22 / 23 / 30.2	22 / 30.2	22 / 28.2	23 / 30.2	22 / 23
TH01	6 / 9.3	6 / 9.3	6 / 6	6 / 9.3	9.3 / 9.3
FGA	21 / 23	21 / 23	21 / 23	21 / 21	21 / 23
vWA	14 / 15	14 / 15	15 / 15	14 / 15	14 / 14
D2S441	10 / 11 / 14	10 / 14	10 / 11	11 / 14	11 / 14

Schwierigkeiten bei DNA-Analyse



Schwierigkeiten der Zuordnung der DNA-Merkmale bei familiärer Täter-Opfer-Konstellation möglich!

	Spur	Kind	Mutter	Vater	Onkel/Opa
SE 33	22 / 23 / 30.2	22 / 30.2	22 / 28.2	23 / 30.2	22 / 23
TH01	6 / 9.3	6 / 9.3	6 / 6	6 / 9.3	9.3 / 9.3
FGA	21 / 23	21 / 23	21 / 23	21 / 21	21 / 23
vWA	14 / 15	14 / 15	15 / 15	14 / 15	14 / 14
D2S441	10 / 11 / 14	10 / 14	10 / 11	11 / 14	11 / 14

Fallbeispiel

- Informationen:
- Schwangerschaft nach Vergewaltigung
 - Täter unbekannt
 - Schwangerschaftsabbruch

- ✓ **Untersuchung von trophoblastärem Gewebe;**
Ziel: Teilprofil des unbekanntes Täters

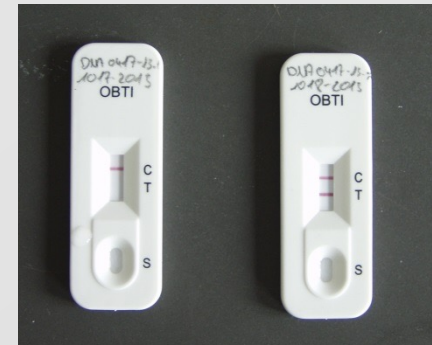
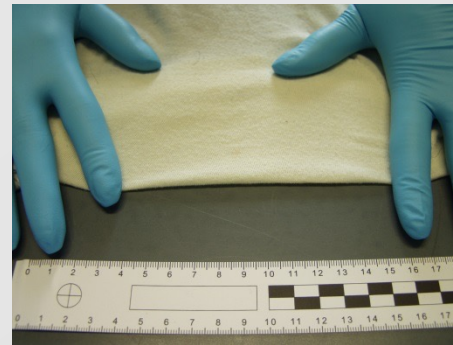
DNA-Loci Probe	SE33	D21S11	vWA	TH01	FGA	D3S1358	D8S1179	D18S51	D1S1656	D2S441	D10S1248	D12S391	D22S1045	D16S539	D2S1338	D19S433	Amelogenin
Proben-Nr. 658-2013; trophoblastäres Gewebe	17/27.2	28/32.2	16/17	6/10	21/24	15/17	11/11	13/14	12/17.3	10/15	14/15	18/18	11/11	9/11	20/25	13/14	X/X
Proben-Nr. 58-2013_VP; Vgl.-Probe GES V. K., geb. 1995; MSHA	17/20	30/32.2	16/17	8/10	21/25	17/18	11/16	13/14	12/12	14/15	15/16	15/18	11/16	9/9	18/25	14/14	X/X



Teilprofil des Täters erfolgreich ermittelt!

Fallbeispiel „Taxifahrer“

- Informationen:
- ☒ Vermutung einer jungen Frau:
im wehrlosen Zustand Opfer sexueller
Handlungen geworden zu sein
 - ☒ mutmaßlicher Täter bekannt (Taxifahrer)
 - ☒ Spurensicherung durch Polizei und
Rechtsmedizin



Fallbeispiel „Taxifahrer“

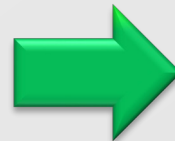
- Schnelltests/Samenflüssigkeit: negativ
- Spermiennachweis: negativ
- DNA-Standardanalyse: Ergebnis nicht eindeutig;
DNA-Mischprofil mit zu
vielen Spurenverursachern
- ✓ **Y-chromosomales DNA-Profil:** erfolgreich,
Y-STR-Profil des Taxifahrers
an unterem Teil des Tampons
sowie an gynäkologischem
Abrieb nachweisbar

DNA-Analyse

Spezialuntersuchung: Y-Chromosom-spezifische Merkmalsysteme

Voraussetzungen:

- männlicher Täter
- weibliches Opfer



23 Y-STR-Marker



- ✓ keine Beeinträchtigung durch DNA-Merkmale des weiblichen Opfers
- ✓ Haplotyp-Vererbung in männlicher Linie: kein individualspezifisches Merkmalsmuster!

DNA-Analyse

Spezialuntersuchung: mtDNA

- **Vorteile:**

- **Hohe Kopienzahl je Zelle (mehrere hundert mt-DNA-Moleküle)**
 - **Sensitivität**
- **DNA-Stabilität durch Ringstruktur**
 - **Analyse auch bei schwierigen / alten Proben noch möglich**

- **Nachteile:**

- **Komplexe Analyse**
 - **Sequenzierung der Kontrollregion bzw. des gesamten mt-Genoms erforderlich**
- **Haplotypische Vererbung in mütterlicher Linie**
 - **Alle Nachkommen einer Frau haben identische mtDNA**

Phänotypisierung

(Forensic DNA Phenotyping, FDP)

- In Deutschland: Hautfarbe, Augenfarbe, Haarfarbe, Alter
- Möglich:
 - Biogeographische Herkunft
 - In Y-chromosomaler und mt-DNA-Analyse bereits enthalten
 - Hilfreich für die Phänotypisierung
 - Haartyp (glatt, gewellt, kraus)
 - Sommersprossen
 - ...
- VISAGE Projekt
 - EU-Projekt im Rahmen von HORIZON 2020:
 - <https://www.visage-h2020.eu/>

Phänotypisierung

(Forensic DNA Phenotyping, FDP)

Hautfarbe, Augenfarbe, Haarfarbe

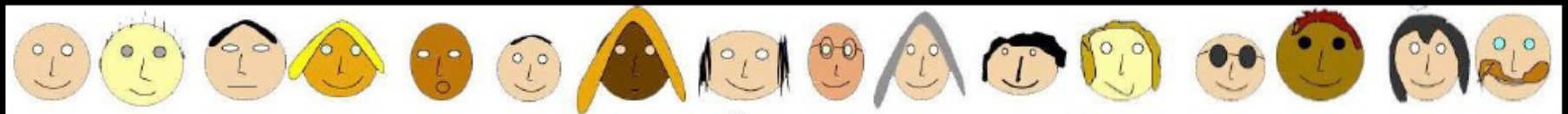
- Publizierte Methode als Gold Standard:
 - IrisPlex (S. Walsh et. al., 2011, Augenfarbe)
 - HirisPlex (S. Walsh et. al., 2013, Augenfarbe, Haarfarbe)
 - HirisPlex-S (Chaitanaya et. al., 2018, Augenfarbe, Haarfarbe, Hautfarbe)
- **SNP-Analyse**
 - In oder in der Nähe von codierenden Sequenzen
 - Sequenzierung
 - Minisequenzierung (SNaPshot®, Single Base Extension)
 - Massive Parallel Sequencing (kommerzielle Anwendung)

Forensische Altersschätzung

- Differenzielle DNA-Methylierung
 - Unterschiedliche Marker bekannt
 - Statistische Modelle zur Altersschätzung
 - Abhängig von:
 - Markersset
 - Gewebe
 - Einflussfaktoren
 - Biogeographische Herkunft
 - Lebensumstände
 - Krankheiten?

Biostatistik:Theorie

VWA-System: 10 Merkmale



12/12 12/13 12/14 12/15 12/16 12/17 12/18 12/19 12/20 12/21 13/13 13/14 13/15 13/16 13/17 13/18



13/19 13/20 13/21 14/14 14/15 14/16 14/17 14/18 14/19 14/20 14/21 15/15 15/16 15/17 15/18 15/19



15/20 15/21 16/16 16/17 16/18 16/19 16/20 16/21 17/17 17/18 17/19 17/20 17/21 18/18 18/19 18/20



18/21 19/19 19/20 19/21 20/20 20/21 21/21



55 Kombinationen !!

Biostatistik:Theorie

Kombination von 2 STR-Systemen



➔ **3025
Kombinationen !!**

Kombination von 8 STR-Systemen für Differenzierung (DAD)



➔ **83 Billionen
Kombinationen !!**

**individuelles
Muster!**

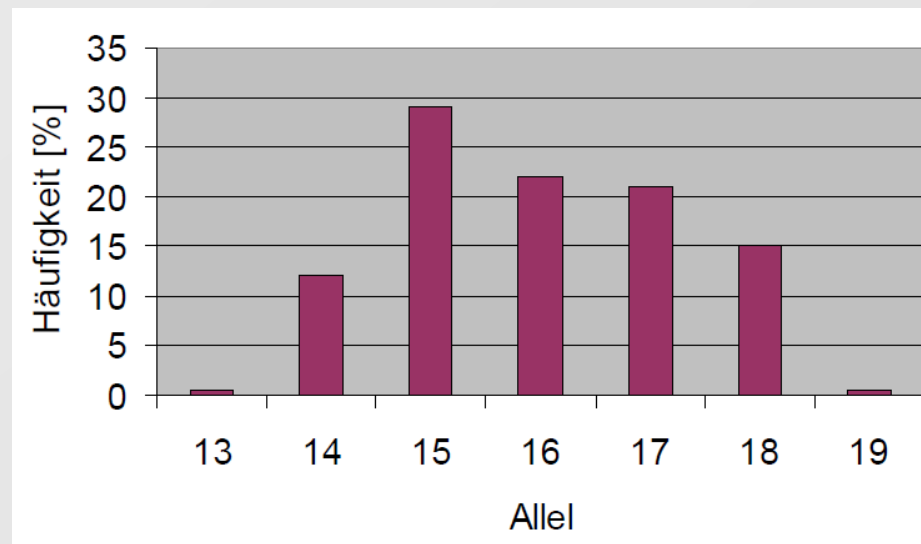
Biostatistik: Grundlagen

Allelfrequenz:

- Häufigkeit, mit der ein bestimmtes Allel in einer definierten Population auftritt

Genotypfrequenz:

- Häufigkeit, mit der eine bestimmte Allelkombination in einer definierten Population auftritt



Biostatistik: Grundlagen

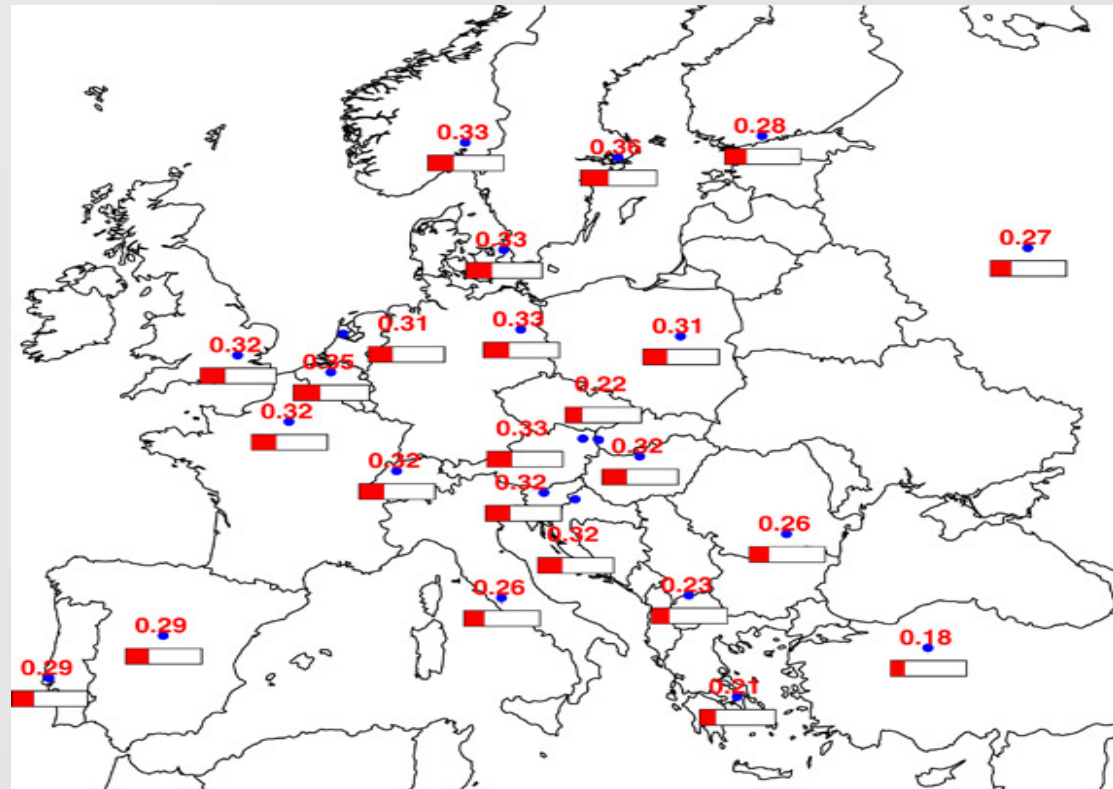
Bedeutung für forensische Spurenuntersuchungen:

Allele weisen innerhalb einer Population und zwischen verschiedenen Populationen unterschiedliche Häufigkeiten (=Frequenzen) auf

Beispiel:
Häufigkeit des TH01-
Allels 9.3 in Europa



Verwendung von
Datenbanken mit
populationsspezifischen
Allelfrequenzen



Biostatistische Aussagen

Zwei alternative Ansätze:

- Berechnung der **Ausschlusschance** für einen beliebigen Spurenleger [$P(E)$]
(*RMNE - "random man not excluded")
- Berechnung des **Likelihood-Quotienten** [LQ] auf Basis konkret formulierter Hypothesen für das Zustandekommen der Spur

Ausschlusschance - P(E)

- Gibt an, mit welcher Chance eine beliebige Person als Spurenleger ausgeschlossen werden kann:

$$P(E) = 1 - P(I)$$

- P(I) entspricht der Wahrscheinlichkeit (relative Häufigkeit in der Population) für alle Genotypkombinationen, die nicht von der Beteiligung an der Spur ausgeschlossen werden können

Beispiel: $P(E) = 1 - 0,01 = 0,99$

- Die Berechnung ist unabhängig vom Genotyp eines konkret beschuldigten Spurenlegers

Likelihood-Quotient

- Beruht auf der Annahme von zwei sich gegenseitig ausschließenden Hypothesen (H_A , H_V)
- Zwingt zur Beschreibung eines eindeutigen Szenarios für den Spurenfall, d.h. die Anzahl der beteiligten Spurenleger muss für jede Hypothese klar festgelegt werden.
- Erlaubt die Angabe des Beweiswertes einer Spur in Bezug auf die Beteiligung eines konkret beschuldigten Spurenlegers

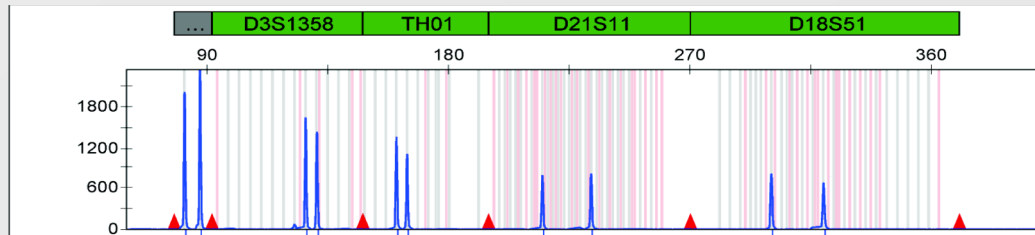
$$LQ \square \frac{L \square Spur \mid H_A \square}{L \square Spur \mid H_V \square}$$

Welcher Ansatz ist sinnvoll?

- Likelihood-Quotient, wenn die Voraussetzungen für die Festlegung eindeutiger Hypothesen gegeben sind:
 - die Anzahl der beteiligten Personen ist eindeutig bestimmbar
 - eindeutige DNA-Profile über alle DNA-Systeme
- Ausschlusschance, wenn keine konkreten DNA-Profile ableitbar sind oder die Zahl der beteiligten Personen nicht bestimmbar ist

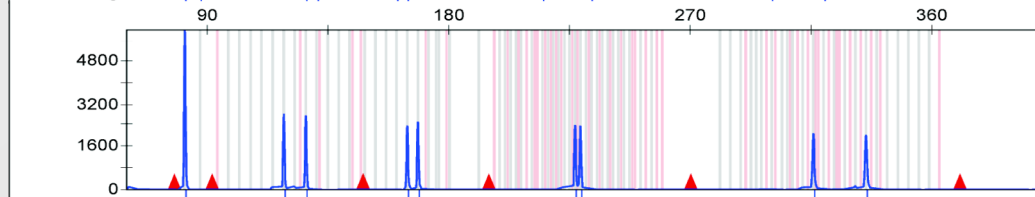
Biostatistik – Beispiel

Beschuldigter



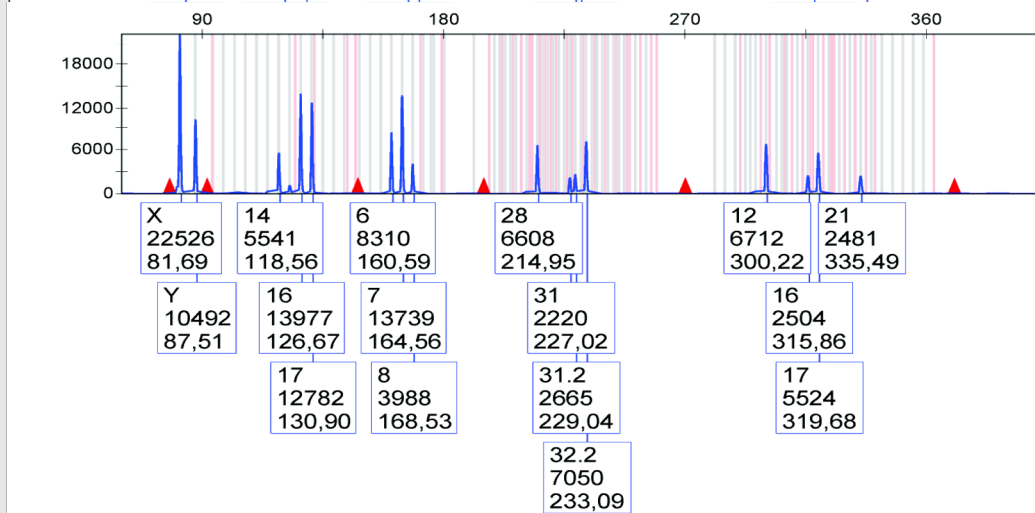
1:133.700

Opfer



1:12,5 Mio

Mischspur



RMNE: 1:343

Biostatistik – Beispiel

- Bei einer 2-Personen Mischspur M, in der sich alle beobachteten Allele durch die Genotypen des Opfers O und die Genotypen des Beschuldigten B erklären lassen, können die Hypothesen wie folgt formuliert werden:
 - Hypothese H_A (Sichtweise der Anklage): Die Spur M stammt vom Opfer O und vom Beschuldigten B.
 - Hypothese H_V (Sichtweise der Verteidigung): Die Spur M stammt vom Opfer O und von einer unbekannt Person.

Biostatistik – Beispiel

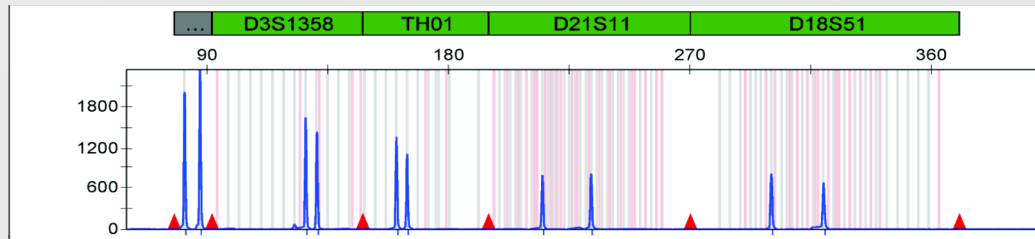
- Der resultierende LQ gibt an, um wie viel wahrscheinlicher das beobachtete DNA-Profil der Spur M bei Annahme der Hypothese H_A in Verhältnis zur Hypothese H_V ist.
 - Die Merkmale des Beschuldigten werden in die Analyse mit einbezogen
 - Möglichkeit der Formulierung unterschiedlicher Hypothesen je nach vermutetem Szenario

Biostatistik – Alternatives Szenario

- Hypothese H_A (Sichtweise der Anklage): Die Spur M stammt vom Opfer O und vom Beschuldigten B.
- Hypothese H_V (Sichtweise der Verteidigung): Die Spur M stammt von zwei unbekanntem Personen, sowohl Beschuldigte, als auch Opfer sind unbeteiligt.

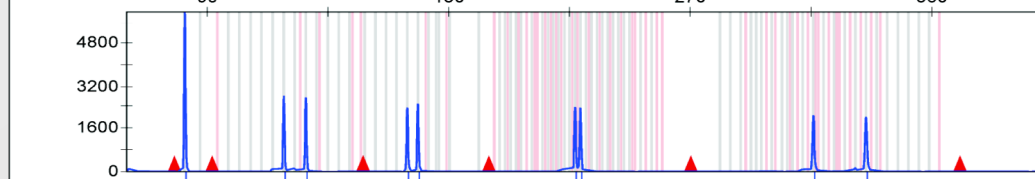
Biostatistik – Beispiel

Beschuldigter



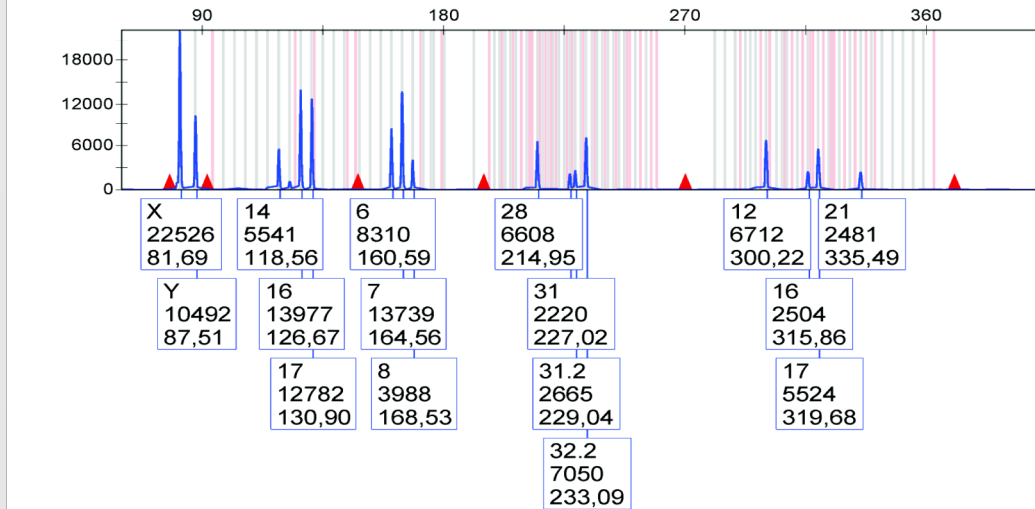
1:133.700

Opfer



1:11,8 Mio

Mischspur

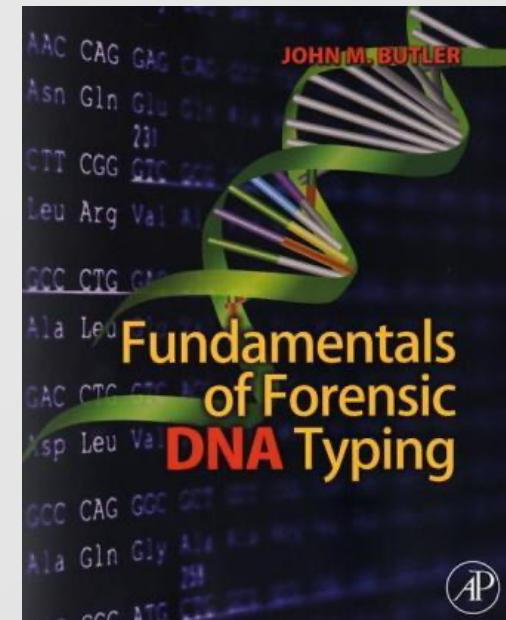


RMNE: 1:343

LQ: 24.900

LQ: 574,7 Millionen

Weiterführende Literatur



<http://senseaboutscience.org/activities/making-sense-of-forensic-genetics>