

## **Probenversendung GEDNAP 42 und 43**

Sehr geehrte Kolleginnen und Kollegen,

anbei übersenden wir Ihnen das Untersuchungsmaterial für die Spuren-Ringversuche GEDNAP 42 und 43, sowie einige wichtige Erläuterungen, Anleitungen, und Bedingungen. Bitte lesen Sie sie sorgfältig durch. Diese Informationen werden Sie in Kürze auch auf der GEDNAP-Homepage (<http://www.gednap.de>) finden. Ferner liegt dieser Sendung ein Schreiben der Spurenkommission bezüglich der 'Regeln zum öffentlichen Hinweis auf eine Teilnahme an den GEDNAP-Ringversuchen' und der damit verbundenen und vom autorisierten Teilnehmer zu unterschreibenden Eigenerklärung bei. Weitere Hinweise hierzu finden Sie unter den Punkten V und VIII.

Für etwaige Rückfragen stehen wir Ihnen gerne zur Verfügung.

Mit freundlichen Grüßen



Dr. Carsten Hohoff  
Technischer Leiter der GEDNAP-Ringversuche



Prof. Dr. Bernd Brinkmann  
Leiter der GEDNAP-Ringversuche

## **I. Hinweise zu den Untersuchungsmaterialien**

Der allgemeine Ringversuch besteht aus drei Referenzproben und vier Spuren, d.h.

GEDNAP 42: Person A – C; Spuren 1 – 4

GEDNAP 43: Person A – C; Spuren 1 – 4

Die Spurenkommission hat heuer zwei Sonderproben (GEDNAP 42 Spur5 und GEDNAP 43 Spur5) präparieren lassen, die Minimalspuren simulieren sollen. Die Untersuchung ist fakultativ und dient u.a. der Abschätzung, ob zukünftig Minimalspuren als reguläre Spuren versendet werden. Es wird keine Bescheinigung über eine erfolgreiche Untersuchung geben. Sie werden eine Auswertung Ihrer Resultate in gewohnter Weise (Vergleich Istwert – Sollwert) erhalten. Die Spurenkommission hofft auf eine rege Beteiligung. Die Proben sollen ohne Vortest komplett für eine DNA-Extraktion eingesetzt werden.

Bitte beachten Sie, dass es sich bei den von uns angelegten Spuren um Mischspuren aus maximal drei Personen handeln kann und dass als Spurenarten i.d.R. Speichel-, Blut- und Sperma-Spuren (sowie Mischungen dieser Spurenarten) in Betracht kommen. Die GEDNAP-Spuren können prinzipiell alle in der Fallarbeit auftretenden Spuren simulieren.

**Anmerkung:** Einen Teil des Originalmaterials der Proben muss jedes Labor für eventuelle Nachuntersuchungen zurückstellen.

## II. DNA-Systeme, deren erfolgreiche Untersuchung bescheinigt werden kann

### 1. autosomale Kern-STRs und Amelogenin \*

System	Allel-Bereich*	System	Allel-Bereich*
TH01	2-14.3	D2S1338	9-29
VWA	9-25	D19S433	4.2-19.2
FGA	13-34.2, 41.2-52.2	D12S391	13-28
D21S11	23-39	D2S441	7-18
ACTBP2	3.2-43, 48-50	D10S1248	7-20
D3S1358	8-21	D22S1045	4-21
D8S1179	6-20	D1S1656	8-21.3
D18S51	6-28	Amelogenin	X/X; X/Y
D16S539	3-17		

### 2. ergänzende autosomale STRs \*

System	Allel-Bereich*
TPOX	5-14
CSF1PO	5-16
D5S818	6-17
D13S317	6-16
D7S820	5-15
Penta D	1.2-18
Penta E	4-25

### 3. Y-STRs \*

System	Allel-Bereich*	System	Allel-Bereich*
DYS19	9-20	DYS437	11-19
DYS385	6-26	DYS438	7-17
DYS389I	9-16	DYS439	7-16
DYS389II	23-35	DYS448	16-25
DYS390	17-28	DYS456	12-19
DYS391	5-14	DYS458	13-21
DYS392	6-19	DYS635	19-27
DYS393	7-17	GATAH4	7-14

## 5. zusätzliche autosomale STRs # \*

System	Allel-Bereich*
D2S1360	18-33
D3S1744	12-22
D4S2366	8-16
D5S2500	8-19
D6S474	12-20

System	Allel-Bereich*
D7S1517	15-29
D8S1132	11.1-28
D10S2325	5-20
D21S2055	15.1-40

## 6. X-STRs # \*

System	Allel-Bereich*
DXS8378	8-16
HPRTB	8-18
DXS7423	12-19
DXS7132	9-18
DXS10134	27-45.3
DXS10074	3-22

System	Allel-Bereich*
DXS10101	23-36
DXS10135	12-40.2
DXS10079	13-26
DXS10103	14-22
DXS10148	12.3-32, 37.1-39.1
DXS10146	23-36.2, 38.2-47.2

### Legende zu den Tabellen 1 bis 6

\*: die Zahlenwerte geben den Bereich vor, in dem eine eindeutige Allelzuordnung erfolgen muss. Weitere Erläuterungen s. V.

#: die Auswertung dieser Systeme sowie die spätere Bescheinigung der erfolgreichen Teilnahme erfolgt nicht in Zusammenarbeit mit der Spurenkommission

### **III. Biostatistische Berechnung**

Auch in diesem Jahr kann die biostatistische Berechnung einer Mischspur durchgeführt werden. Die Frage ist, ob eine der Vergleichsproben (Person A - Person C) aus dem zugehörigen Ringversuch als Verursacher einer Mischspur in Betracht kommt. Bitte folgen Sie mindestens einer der beiden Berechnungsmethoden, die in den Empfehlungen der Spurenkommission (P. Schneider et al. (2006) Rechtsmedizin 16:401–404) erläutert werden, und verwenden Sie für die Allelfrequenzen ausschließlich die Daten, die zusammen mit weiteren Informationen in Kürze auf der GEDNAP-Homepage (<http://www.gednap.de>) verfügbar sein werden. Ausgewertet und bescheinigt werden ausschließlich Berechnungen, die die 8 Kern-Systeme der DNA-Analyse-Datei (DAD) oder die 7 europäischen Standard-Systeme (ESS/ISS) umfassen, also TH01, VWA, FGA, D21S11, D3S1358, D8S1179 und D18S51 sowie ACTBP2/SE33. Der Rechenweg muss dokumentiert sein. Die verwendete Software muss benannt werden (ggf. inkl.

Versionsnummer). Bitte beachten Sie, dass die Berechnung ohne den Korrekturfaktor Theta (bzw. mit einem Theta von Null) durchgeführt werden muss.

#### **IV. Hinweise zu den Ergebnis-Übermittlungen**

- Zur Übermittlung Ihrer Befunde hinsichtlich Bestimmung der Spurenart, Extraktionsdetails und Genotypisierung sowie Mischspurenberechnung verwenden Sie bitte ausschließlich die Internetformulare auf der GEDNAP-Homepage (<http://www.gednap.de>), die ab spätestens **Oktober 2011** aktiv sein werden. Die Eingabemöglichkeit wird am **05.12.2011 um 23:59 MEZ** enden. Ausführliche Erklärungen und die erforderlichen Zugangsberechtigungen werden Ihnen in einer gesonderten eMail zugesendet bzw. sind bereits an Sie versendet worden.
- Nach Eingabe Ihrer Ergebnisse bitten wir Sie um einen Ausdruck Ihrer Eingaben als Beleg (auf der Website haben Sie Möglichkeit, Ihre Eingaben in pdf-Format auszugeben), den Sie mit einem Stempel und Ihrer Unterschrift versehen und zusammen mit den originalen Labordaten auf dem Postwege bis zum **05.12.2011** (Datum des Poststempels) zusenden.
- Auch zur Übermittlung der mtDNA-Ergebnisse verwenden Sie bitte ebenfalls ausschließlich das Formular, das ab **Oktober 2011** auf der GEDNAP-Homepage (<http://www.gednap.de>) für Sie freigeschaltet sein wird. Angegeben werden sollen - wie in den Vorjahren - die Abweichungen der Personen A - C von der revidierten Cambridge Referenz Sequenz (rCRS), wobei die verwendete Nomenklatur den einschlägigen internationalen forensischen Empfehlungen folgen soll. Die Minderkomponente an heteroplasmatischen Positionen soll nur angegeben werden, wenn sie mindestens einen Anteil von 20 % ausmacht. Sollten Längenheteroplasmien nachgewiesen werden, so soll dies unter Bemerkungen angegeben werden.

#### **V. Allgemeine Informationen**

- In der Befundtabelle für die DNA-Systeme (vgl. Tab. 1 bis 6) dürfen nur die Allelwerte angegeben werden. Als Fehleingabe gewertet werden alle anderen Zeichen (z.B. OL, F, ?), mit Ausnahme des < bzw. > -Zeichens.
- Liegt ein Allel außerhalb des in den Tabelle 2 bis 6 angegebenen Bereichs kann die Angabe unter Verwendung des < bzw. > -Zeichens in Relation zum kleinsten bzw. größten Allel erfolgen. Zum Beispiel könnte das Allel 15 im System TPOX als ">14" oder "15" angegeben werden, beides wäre nicht falsch. Ansonsten muss die Allelbezeichnung nach den Richtlinien der ISFG (ehem. ISFH) erfolgen. Bitte beachten Sie, dass die Allele mit einer 1bp-Präzision angegeben werden müssen (dies bedeutet allerdings nicht, dass das o.g. Allel als 14.0 bezeichnet werden soll).

Von diesen Ausführungen abweichende Allelbezeichnungen werden als Fehler gewertet.

- Die Einsendung der originalen Labordaten der Ergebnisse ist für die Auswertung und Erstellung der Bescheinigungen unbedingt erforderlich. Hierzu werden die Ausdrücke der Elektropherogramme der Proben **und** der verwendeten Allelleiter(n) benötigt. Die Allelzuordnung muss aus den Originaldaten leicht und eindeutig ersichtlich sein, Amplitonlänge und Peakhöhe müssen erkennbar sein. Die Ausdrücke müssen eindeutig mit dem betreffenden Ringversuch, der Probenbezeichnung und Ihrem Laborcode beschriftet sein. Ausdrücke der Sequenzierielektropherogramme müssen in Analogie beschriftet werden, insbesondere muss der ausgewertete Bereich durch Angabe der Nukleotidpositionen angezeigt werden. Ferner muss der Weg vom Sequenzierielektropherogramm bis zur Angabe der Abweichung von der rCRS dokumentiert sein (u.a. durch Angabe der Software zur Generierung der Konsensus-Sequenz nach Sequenzierung auf beiden Strängen). Exemplarische Ausdrücke für eine GeneMapper-, GeneScan- bzw. Genotyper-Auswertung sowie beispielhafte Ausdrücke von Sequenzierielektropherogrammen sind auf Anfrage erhältlich. Ohne Eingang der Original-Ergebnisse wird die Auswertung der Befundbögen und spätere Erstellung der Teilnahmebescheinigungen nicht erfolgen können.
- Bei digitaler Übermittlung der Originaldaten (z.B. CD-ROM, e-Mail-Anhang) ist eine eindeutige Bezeichnung der Dateien sowie der darin enthaltenen Proben erforderlich.
- Es werden Bescheinigungen für die Module erstellt, für die Sie sich registriert haben (Spurenart-Charakterisierung, allgemeine sowie ergänzende STRs, Y-STRs, Sequenz-analyse der mtDNA-Kontrollregion, Mischspuren-Biostatistik, zusätzliche autosomale STRs sowie X-STRs, wobei die letzteren beiden Module ohne Mitwirkung der Spurenkommission ausgewertet und bescheinigt werden).
- Bescheinigungen können nur auf den Namen derjenigen Institution ausgestellt werden, die die Proben tatsächlich untersucht hat. Eine Untersuchung durch Dritte ist nicht zulässig. Die Teilnehmer müssen nach Beschluss der Spurenkommission eine Eigenerklärung unterschreiben, wonach Ihre GEDNAP-Bescheinigung nicht von Dritten z.B. zu Werbe-Zwecken benutzt werden darf. Sollte diese Eigenerklärung bereits im Vorjahr eingesendet worden sein, kann hierauf in diesem Jahr verzichtet werden. Sollte die Eigenerklärung nicht bis zum 04.12.2010 hier vorliegen, kann eine Auswertung der Ergebnisse und die spätere Ausstellung der Teilnahmebescheinigung nicht erfolgen.
- Die Eingruppierung der Teilnehmer erfolgt wie in den letzten Jahren. Details hierzu sind auf der Homepage (<http://www.gednap.de>) ersichtlich.

## **VII. Spurenworkshop in Hamburg**

Die Präsentation der Ergebnisse der Spurenringversuche GEDNAP 40 und 41 wird im Rahmen des 31. Spurenworkshops in Hamburg erfolgen (25. bis 26. Februar 2011, <http://www.r-km.de/spurenworkshop2011>), organisiert vom Institut für Rechtsmedizin des Universitätsklinikums Hamburg-Eppendorf (Dr. rer. nat. Christa Augustin).

## **VIII. Erfüllung der Bedingungen**

Eine Zusage des von der Spurenkommission benannten Ausrichters der GEDNAP-Ringversuche zu Probenversand, Ergebnisauswertung und Teilnahmebescheinigung (jeweils einmalig) liefert die Spurenkommission dem teilnehmenden Labor dann, wenn die genannten Bedingungen eingehalten werden, die aktuellen Teilnahmegebühr(en) beglichen wird und die anliegende Eigenerklärung durch eine unterschriftsberechtigte Person des teilnehmenden Labors unterschrieben wird und dem Ausrichter der GEDNAP vorliegt. Sollte einer diese Bedingungen nicht eingehalten werden, ist eine Auswertung Ihrer übersandten Ergebnisse und eine Ausstellung der Bescheinigung(en) nicht möglich.