

# Ich und 23

Fingerabdrücke der DNA

Chaos Communication Camp 2011

Mirko Swillus

mechko (ät) mk0.eu

11.08.2011



genetics just got personal.

Search 23andMe Go

Log in Register Your Kit Blog Help Cart

welcome

ancestry

health

how it works

store

# Start filling in the gaps with your DNA



“Because I had given my doctor information from 23andme, he got to a diagnosis much faster. 23andme saved my life.” Kirk C.

\$99\*

Our new low price for all!  
Was \$199

**Order Now »**

\*Requires a 1-year commitment to the Personal Genome Service® at \$9/mo. Order for \$399 without commitment.

1 Get Your Kit



2 Provide Saliva



3 Learn About Yourself

**Type 2 Diabetes**

AS LOW AS 8% AS HIGH AS 52% What's your genetic risk? [see more](#)

4 Get Monthly DNA Discoveries



Gain insight into your traits, from baldness to muscle performance. Discover risk factors for 97 diseases. Know your predicted response to drugs, from blood thinners to coffee. And uncover your ancestral origins. [start tour »](#)

Overview

Discover Health & Ancestry

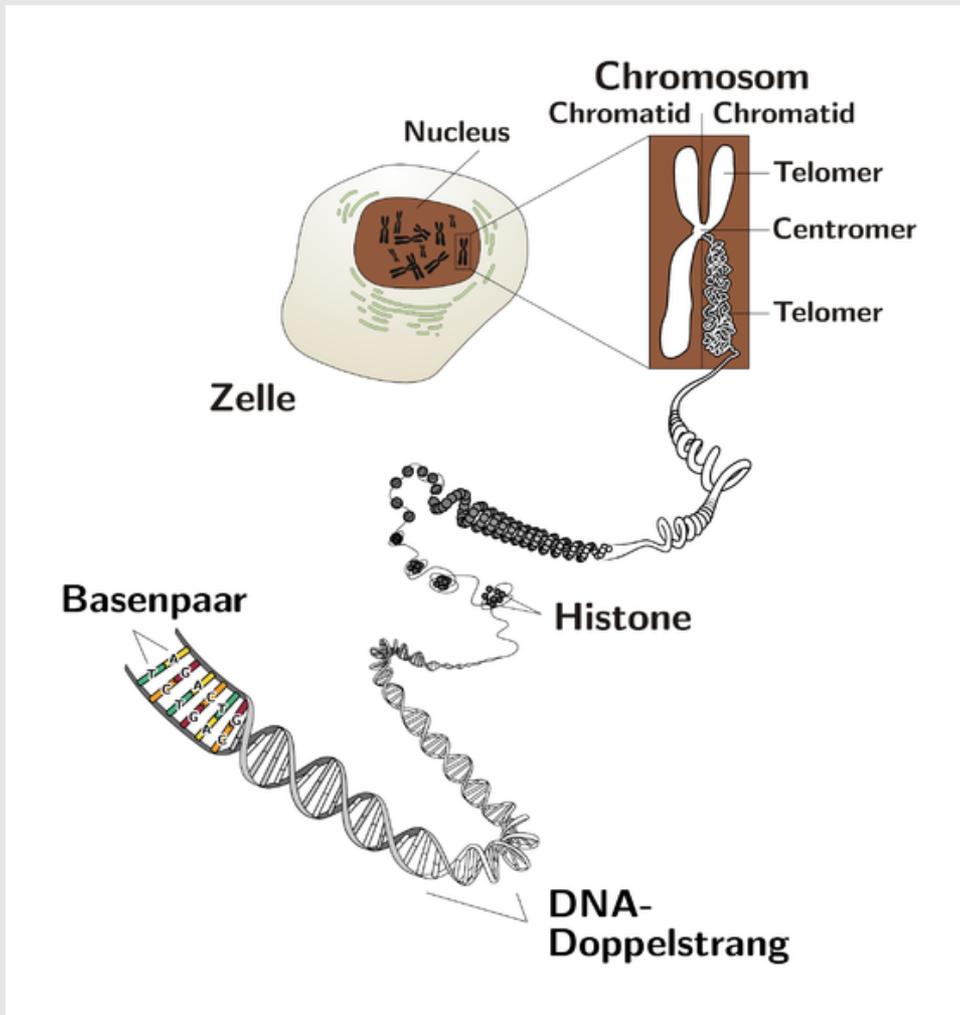
Keep Your Doctor Informed

Participate In Research

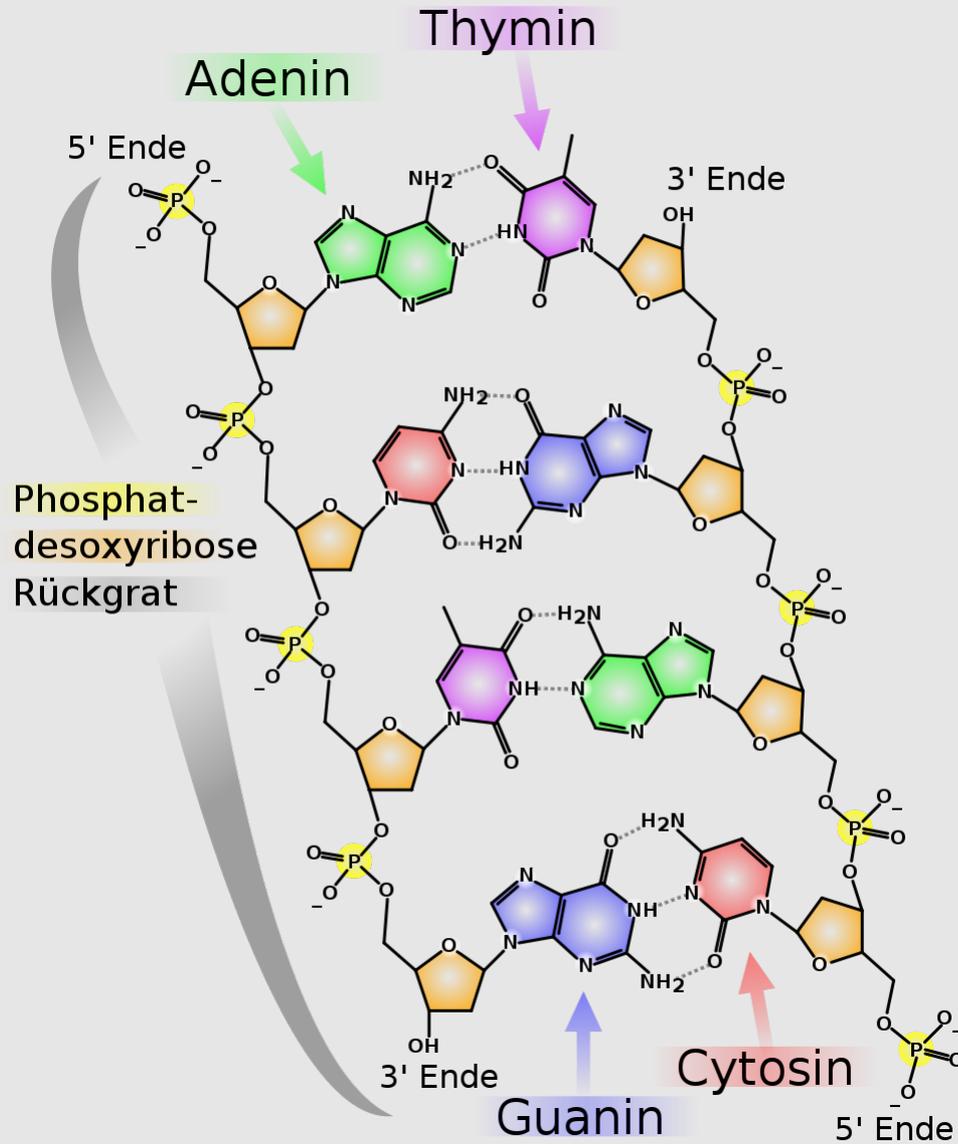
# Ich und 23

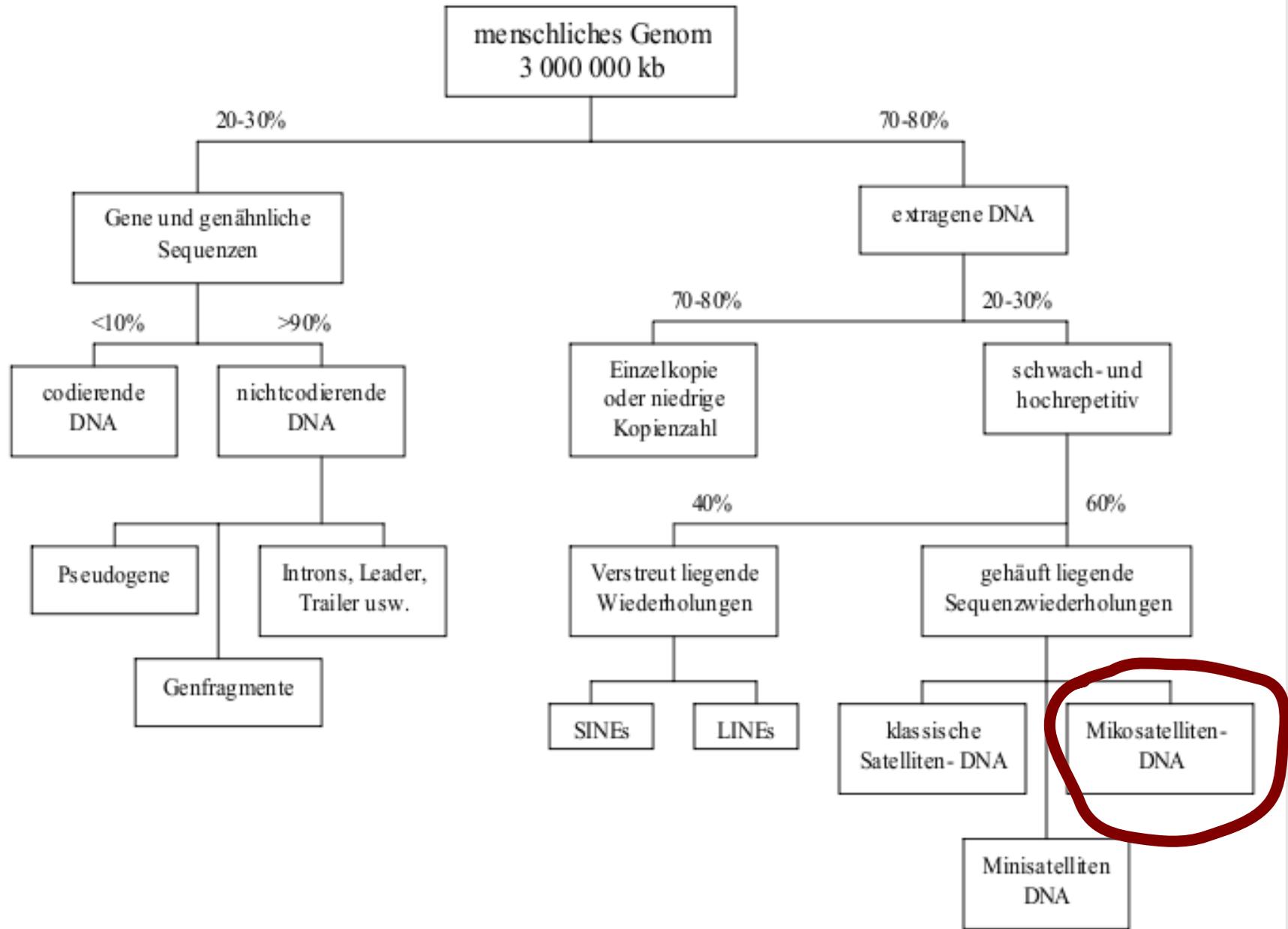
- DNA und Gene
- Short Tandem Repeats
- Kettenreaktionen und Leitern
- Testkit und Marker
- Allele und Genotyp
- Populationen und Wahrscheinlichkeiten
- DNA Analyse Datei und Deliktsformen
- SOKO Heller und Ultima Ratio

# DNA und Gene



- 3,2 Milliarden Basenpaare
- $23 * 2$  Chromosomen
- Pro Chromosom:  $\approx$  140 Millionen bp
- Gen: Kopiervorlage für Proteine
- Genlocus: Ort des Gens auf der DNA
- 24.800 Gene
- Allele: Varianten eines Gens (Blütenfarbe weiß / rot)





# Short Tandem Repeats

- Wiederholungen von kurzen Sequenzen auf der DNA
- ...GAGATCATGAC TACTACTACTAC CAGTCTACTGTC...
  - Im Beispiel: Vier Wiederholungen von TAC (dann zB Allel „A“)
  - Weitere Allele / Fragmentlängen: Fünf Wiederholungen, Sechs, Sieben etc.
    - Sieben: ...GAGATCATGAC TACTACTACTACTACTACTAC CAGTCTACTGTC...
  - Die Sequenzen vor und nach der Wiederholung (im Beispiel grau) sind bei jedem Menschen gleich (Mutationen ausgeschlossen)

# Marker

- Bezeichnen einen Ort im Genom
- Zum Beispiel: D3S1358
  - Repeat: [AGAT]
- Die Nachweise zu mehreren Markern werden zu einem Testkit zusammengefasst (kommerzielle Verwertung)

Allel	Basenpaare
8	99
9	103
10	107
11	111
12	115
13	119
14	123
15	127
..	..
20	147

# Beispiel Testkit:

Biotype Mentype Nonaplex I  
([www.biotype.de](http://www.biotype.de))

## Mentype<sup>®</sup> Nonaplex I

Das Mentype<sup>®</sup> **Nonaplex I** PCR Amplification Kit ist eine Multiplex-Anwendung für die acht zu erfassenden Short Tandem Repeat (STR) Loci der deutschen DNA-Analyse-Datei (DAD). Die Primer sind mit den Fluoreszenzfarbstoffen **6-FAM** (Amelogenin, D3S1358, TH01 und SE33), **HEX** (vWA, FGA und D18S51) bzw. **NED** (D8S1179 und D21S11) markiert.

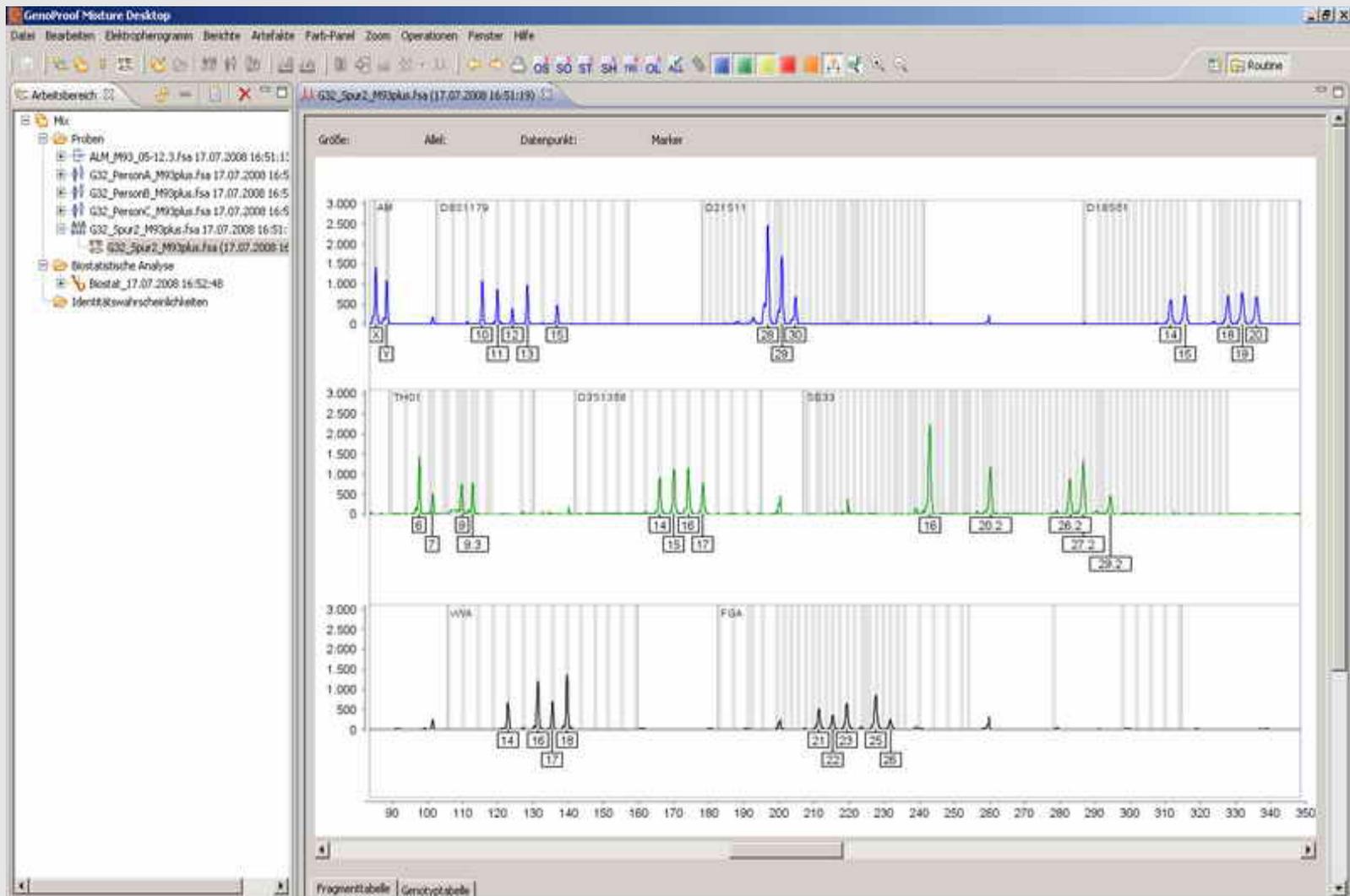
Mentype<sup>®</sup> **Nonaplex I** wurde speziell für die schnelle und zuverlässige Erstellung von DNA-Befunden aus Blutproben bzw. Abstrichen der Wangenschleimhaut von Vergleichspersonen sowie aus Spuren entwickelt. Die Nachweisgrenze für das Mentype<sup>®</sup> **Nonaplex I** Testkit liegt bei weniger als 500 pg genomischer DNA.

Für die Untersuchung seltener, großer FGA Allele (42.2-51.2) empfehlen wir die Verwendung des Mentype<sup>®</sup> **Nonaplex<sup>QS</sup>**.

Bestellinformation	Artikelnummer
100 Reaktionen	41-09113-0100
400 Reaktionen	41-09113-0400
1000 Reaktionen	41-09113-1000

# Nachweis der Fragmentlängen (Allele)

- 1) DNA Extraktion (Richtige Konzentrationen)
- 2) Polymerase Kettenreaktion (PCR)
  - 1) Isolierung des Fragments und farbliche Markierung (Primer)
  - 2) Vervielfältigung
- 3) Elektrophorese (Gel / Kapillar)
  - 1) Fragmentlängenbestimmung (Welches Allel?)
  - 2) Auswertung durch Software (Elektropherogramm)



# Genotyp

- Beschreibt das spezifische Genom eines Menschen
- Hier: die individuellen Allele bezüglich der getesteten Marker
- Genetischer Fingerabdruck: STR-Profil
- Beispielhaft ein STR-Profil bezüglich der Marker der DNA Analyse Datei

Marker	Allele
Amelogenin	X, Y
D3S1358	12, 12
TH01	10, 9
SE33	23, 42
vWA	8.3, 14
FGA	21, 19
D18S51	8, 17
D8S1179	34, 27.3
D21S11	14, 32

# Populationen und Wahrscheinlichkeiten

- Das Auftreten eines Allels innerhalb eines Markers besitzt für eine Gruppe von Menschen eine bestimmte Häufigkeit
- Diese Häufigkeit ist abhängig von der Population („Deutsche“, „Thüringer“, „Europäer“)
- Meine Identitätswahrscheinlichkeit: Wie wahrscheinlich ist es, dass es innerhalb meiner Population keinen zweiten Menschen mit meinem STR-Profil gibt?
- → im gutachterlichen Prozess wird immer genau diese Wahrscheinlichkeit mit betrachtet

# Beispiel Spurenfall

**Tabelle 1:** Biostatistische Häufigkeitsberechnung in einem Spurenfall.

Die drei gezeigten STR-Systeme konnten in einem Abrieb von einem Hammergriff erfolgreich dargestellt werden.

	FGA		VWA		ACTBP2		
Allele	20	22	14	16	19	24.2	
Synonyme	a	b	a	b	a	b	
Häufigkeit [%]	14	19	10	20	7	3	
2 x a x b	5,3%	x	3,7%	x	0,4%		=0,001% ( $\cong$ 1/100.000)

# Keine Informationen „Zwischen den Zeilen“?

- Es gibt genetische Marker, die in Nachbarschaft mit einem Krankheitsgen liegen
- Durch die Nachbarschaft werden diese beiden Orte gerne „zusammen vererbt“
- Beispiel: TH01 und Typ1-Diabetis

# Beispiel TH01 und Diabetis Typ 1

- Es gibt eine Verbindung, aber diese ist mehr als schwach:
- 4 von 1000 Europäern entwickeln Diabetis-1 (0,4 %)
- Mit einem Risiko-Allel innerhalb TH01: 13 von 1000 Europäern (1,3 %)
- Das allgemeine Risiko hat sich also von 0,4 % auf  $(0,4 \times 1,3) = 0,52$  % erhöht (0,12 %)
- „Der Umkehrschluss, dass sie auf Grund eines Risikoallels an Typ1-Diabetis leiden, ist statistisch demnach nicht möglich“
- Quelle: Prof.Dr.med.Brinkmann, Direktor des Instituts für Rechtsmedizin Universitätsklinikum Münster „Grundlagen der DNA-Analytik“

# DNA Analyse Datei (am 30.06.2011)

- 921.657 Datensätze gesamt
  - 729.690 Personendatensätze
  - 191.967 Spurendatensätze
- 8.200 neue Datensätze jeden Monat (Juni 2012: Eine Million)
- ~ 1000 Datensätze gelöscht pro Monat
- 93.181 Spur-Personen-Treffer
- Ohne Richtervorbehalt: Verurteilte, Beschuldigte, Freiwillige (§81g StPO)
- Ausland: UK sechs Millionen, USA zehn Millionen Datensätze

# Top Sieben Deliktsformen

Spur-Person und Person-Spur Treffer durch die DAD nach Deliktsformen seit 1998

#	Deliktsbereich	Anzahl
1	Diebstahlsdelikte	73.589
2	Raub und Erpressung	6.397
3	Strafgesetzbuch	3.846
4	Straftaten gegen die sexuelle Selbstbestimmung	1.963
5	Nebengesetze (BtmG, WaffG etc.)	1.895
6	Straftaten gegen die körperliche Unversehrtheit	1.422
7	Straftaten gegen das Leben	1.079

# Datenbank Statistiken BRD, UK, USA

- DAD Statistik des BKA (BRD):
  - [http://www.bka.de/DE/ThemenABisZ/DnaAnalyse/Statistik/dnaStatistik\\_\\_node.html](http://www.bka.de/DE/ThemenABisZ/DnaAnalyse/Statistik/dnaStatistik__node.html)
- CODIS / NDIS Statistics (USA):
  - <http://www.fbi.gov/about-us/lab/codis/ndis-statistics>
- NDNAD Statistics (England and Wales)
  - <http://www.npia.police.uk/en/13338.htm>

# SOKO Heller

- Vergewaltigung von zwei Mädchen 2005/2006 aus Dresden Hellerau
- Größte DNA-Reihenuntersuchung in Deutschland (§81h StPO)
  - 14.000- Speichelproben / 250.000 EUR
- 2008: Täter wurde über klassische Ermittlungsarbeit gefunden
- Abnahme von weiteren 100.000 Speichelproben war geplant
- 57 Männer verweigerten die Abnahme der Speichelprobe
- Sächsischer Datenschutzbeauftragte Schurig: „muss ultima Ratio bleiben“
  - Kritik: Verweigerung > Überprüfung Alibi > Kein Alibi > Anfangsverdacht > Beschuldigter > §81g StPO
  - Umkehrung der Beweispflicht, informationelle Selbstbestimmung

# Zukunftsvisionen

- Erweiterung der Marker auf solche, die unseren Phänotyp bestimmen (Hautfarbe, Augenfarbe, Haarfarbe, ...)?
- Komplette Sequenzierung auch für die Forensik?
- Typisierung der gesamten Bevölkerung (z.B. bei der Geburt)

# Danke.

## Ich und 23

Fingerabdrücke der DNA

Chaos Communication Camp

Mirko Swillus

mechko (ät) mk0.eu

11.08.2011