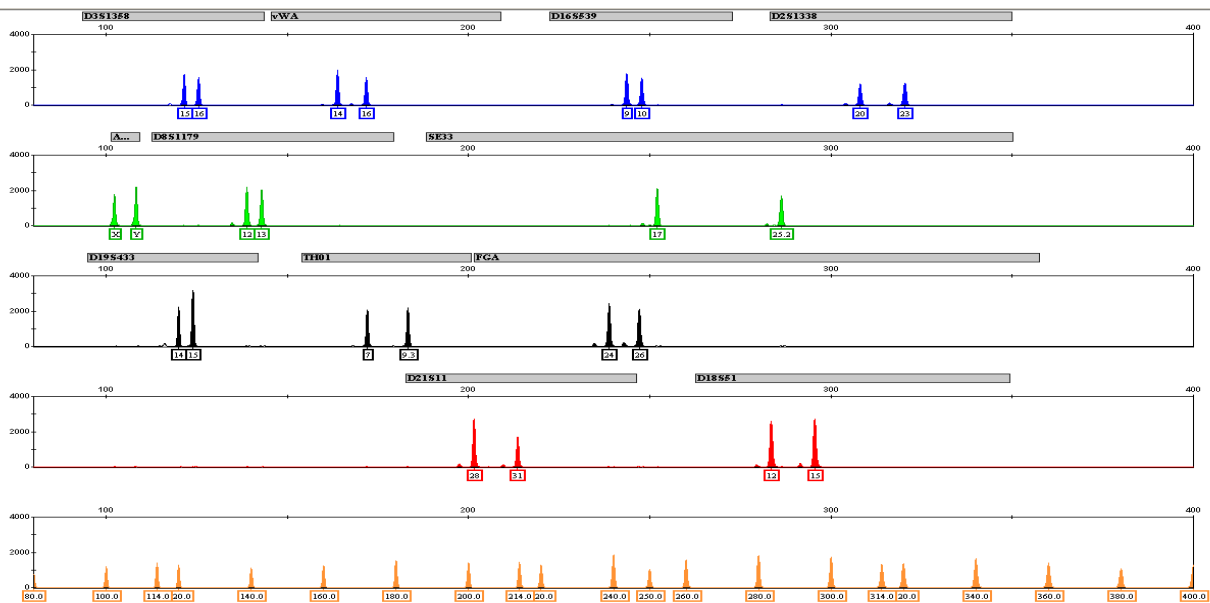


DNA-PROFIL

Zur Erstellung eines DNA-Profiles werden im IRM Basel standardmässig 11 autosomale \Rightarrow STR (Short Tandem Repeat)-Systeme, nämlich die 10 Datenbank-Systeme und das System SE33, sowie die gonosomalen Merkmale X und Y untersucht. Die DNA-Fragmente aus der \Rightarrow PCR werden durch Kapillarelektrophorese entsprechend ihrer Länge aufgetrennt. Anhand der Fragmentlängen wird die Anzahl der repetitiven (sich wiederholenden) Einheiten bestimmt. Von den autosomalen Chromosomen besitzt jeder Mensch einen doppelten Satz, einen vom Vater und einen von der Mutter. Folglich gibt es in jedem System zwei Ausprägungen (Allele). Die Allele können identisch (homozygot) oder verschieden (heterozygot) sein. (Bild 1). Mit Ausnahme von eineiigen Zwillingen können Personen anhand von 11 Systeme eindeutig unterschieden werden. Für Abstammungsuntersuchungen werden im IRM Basel bis zu 19 verschiedene autosomale Systeme untersucht.



DNA-Profil einer Person mit den 11 standardmässig untersuchten STR- Systemen und dem Geschlechtssystem (Amelogenin: XY). Graue Balken: Bezeichnung des STR-Systems. Die Signale (Peaks) zeigen die vorhandenen Allele an, die Zahl bei jedem Peak bezeichnet die Anzahl repetitiver Einheiten. Orange Peaks unterste Linie: Grössenstandard, Fragmentlänge in Basenpaaren.

Sind bei einem System mehr als zwei Allele vorhanden, handelt es sich um ein Mischprofil, d.h. die Spur stammt von zwei oder mehreren Spurengabern. Als komplettes Profil wird ein Profil bezeichnet, bei dem alle 10 Datenbanksysteme typisiert werden konnten. Das DNA-Profil wird als Zahlencode in die \Rightarrow **DNA-Datenbank (EDNA-IS)** eingelesen (Bild 2). Mindestanforderungen zur Aufnahme im EDNA-IS: Einzelperson-Profil: 6 Systeme typisiert. Mischprofil: Maximal 2 Personen im Profil enthalten, mindestens 8 Systeme typisiert. Profile, die diese Anforderungen nicht erfüllen, können lokal verglichen werden. Inkomplette Profile, bei denen ein Grossteil der Allele nicht reproduzierbar dargestellt werden kann, oder Profile, die mehr als 3 Spurengaber enthalten, sind nicht interpretierbar. Bei inkompletten Profilen und bei Mischprofilen kann der \Rightarrow **Beweiswert** reduziert sein.

Einpersonen-Profil

System	Allel 1	Allel 2
D3S1358	15	16
vWA	14	16
D16S539	9	10
D2S1338	20	23
Amelogenin	X	Y
D8S1179	12	13
SE33	17	25.2
D19S433	14	15
THO1	7	9.3
FGA	24	26
D21S11	28	31
D18S51	12	15

Mischprofil, wahrscheinlich 2 Personen

System	Allel 1	Allel 2	Allel 3	Allel 4
D3S1358	14	15	16	17
vWA	14	16		
D16S539	9	10	11	12
D2S1338	20	22	23	24
Amelogenin	X	Y		
D8S1179	12	13	14	
SE33	17	22	23	
D19S433	14	15	17	18
THO1	7	9.3	10	
FGA	24	25	26	27
D21S11	28	29	31	
D18S51	12	13	15	