

Münster, 15. Juni 2018

Probenversendung GEDNAP 56 und 57

Sehr geehrte Kolleginnen und Kollegen,

anbei übersenden wir Ihnen das Untersuchungsmaterial für die Spuren-Ringversuche GEDNAP 56 und 57 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:

GEDNAP 56: Person A – C; Spuren 1 – 4

GEDNAP 57: Person A – C; Spuren 1 – 4

GEDNAP-Teilnehmer, die sich für das Modul *Extraktionseffizienz* angemeldet haben, erhalten zusätzlich Spur 5 (s. VI.).

Bitte beachten Sie, dass die von uns angelegten Spuren die DNA einer einzigen Person („Reinspur“) oder die DNA von maximal drei Personen („Mischspur“) enthalten 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 (Ausnahme= Spur 5).

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

Bitte beachten Sie, dass im Vergleich zu den Vorjahren Änderungen der Allel-Bereiche aufgrund der Einführung neuer Kits auftreten können.

1. autosomale Kern-STRs und Amelogenin *

System	TH01	VWA	FGA	D21S11	ACTBP2	D3S1358	D8S1179	D18S51	D16S539
Allel-Bereich*	2-14.3	9-25	12-34.2, 41.2-52.2	23-39	3.2-43, 48-50	8-21	4-20	6-28	3-17

System	D2S1338	D19S433	D12S391	D2S441	D10S1248	D22S1045	D1S1656	Amelogenin
Allel-Bereich*	9-29	4.2-20.2	13-28	7-18	7-20	6-21	8-21.3	X/X; X/Y

2. ergänzende autosomale STRs *

System	TPOX	CSF1PO	D5S818	D13S317	D7S820	Penta D	Penta E	D6S1043
Allel-Bereich*	3-17	4-17	5-19	4-18	4-17	1.2-18	4-25	6-26

3. Y-STRs *

System	DYS19	DYS385	DYS389I	DYS389II	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS437
Allel-Bereich*	8-20	5-29	8-18	23-36	16-30	4-17	3-21	6-19	9-19

System	DYS438	DYS439	DYS448	DYS449	DYS456	DYS458	DYS460	DYS481	DYS518
Allel-Bereich*	5-17	5-18	13-25	21-41	9-25	9-25	6-15	16-33	31-50

System	DYS533	DYS549	DYS570	DYS576	DYS627	DYS635	DYS643	GATAH4	DYS387S1
Allel-Bereich*	6-18	6-18	9-27	9-26	10-28	14-31	5-18	7-19	29-45

4. zusätzliche autosomale STRs #*

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

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

5. X-STRs # *

System	DXS8378	HPRTB	DXS7423	DXS7132	DXS10134	DXS10074	DXS10101
Allel-Bereich*	7-16	7-18	11-19	9-18	27-45.3	3-22	20-36

System	DXS10135	DXS10079	DXS10103	DXS10148	DXS10146
Allel-Bereich*	12-40.2	13-26	14-23	12.3-34.1, 37.1-39.1	20-48.2

Legende zu den Tabellen 1 bis 5

*: 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

Im Rahmen beider Ringversuche GEDNAP 56 und 57 wird jeweils eine biostatistische Berechnung als paper challenge durchgeführt. Dies bedeutet, dass Ihnen die Befunde für die Berechnung per eMail zur Verfügung gestellt werden. Bei einer Mischspur sollen **beide** Berechnungsmethoden angewendet werden, die in den Empfehlungen der Spurenkommission (P. Schneider et al. (2006) Rechtsmedizin 16:401–404) erläutert werden. Verwenden Sie für die Allelfrequenzen ausschließlich die von der Spurenkommission empfohlenen Daten, die im Rahmen einer ENFSI-Populationsstudie erhoben wurden (STRidER_frequencies_2015-02-09.xml, <http://www.strider.online>, abgerufen am 17.09.2015] und die zusammen mit weiteren Informationen im Download-Bereich auf der GEDNAP-Homepage (<http://www.gednap.de>) verfügbar sind. Bitte folgen Sie bei seltenen Allelen den aktuellen Empfehlungen (W. Ulbrich et al. (2016) Rechtsmedizin 26: 291-298).

Die verwendete Software muss benannt werden (inkl. Versionsnummer, sofern verfügbar). Ein Ausdruck des Rechenwegs muss beigelegt werden. Bitte beachten Sie, dass die Berechnung ohne den Korrekturfaktor Theta (bzw. mit einem Theta-Wert 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 Eingabemöglichkeit wird am **04.12.2018 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 die Möglichkeit, Ihre Eingaben als PDF-Datei auszugeben), den Sie uns mit einem Stempel und Ihrer Unterschrift versehen und zusammen mit den Original-Labordaten auf dem Postwege bis zum **04.12.2018** (Datum des Poststempels) zusenden.
- Auch zur Übermittlung der mtDNA-Ergebnisse verwenden Sie bitte ebenfalls ausschließlich das Formular, das auf der GEDNAP-Homepage (<https://gednap.qualitytype.de>) für Sie freigeschaltet sein wird. Angegeben werden sollen - wie in den Vorjahren - die Abweichungen der **Personen A - C** sowie **der Reinspuren** von der revidierten Cambridge Referenz Sequenz (rCRS), wobei die verwendete Nomenklatur den Empfehlungen der DNA-Kommission der ISFG (W. Parson et al. 2014, PMID: 25117402) folgen soll. Bei Punktheteroplasmie soll die Angabe nach IUPAC-Code erfolgen, sofern die Minderkomponente mindestens einen Anteil von 20 % ausmacht. Bei Nachweis von Längenheteroplasmie soll „LHP“ als Bemerkung angegeben werden; bei zwei dominanten Typen soll die kürzere Variante genannt werden. Die zweite dominante Variante soll unter ‘Bemerkungen’ angegeben werden.

V. Allgemeine Informationen

- In der Befundtabelle für die DNA-Systeme (vgl. Tab. 1 bis 5) dürfen nur die Allelwerte angegeben werden. Als Fehleingabe gewertet werden alle anderen Zeichen (z.B. OL, F, ?), mit Ausnahme des < bzw. > -Zeichens. Bitte beachten Sie bei der Verwendung des < bzw. > -Zeichens die in den Tab. 1 bis 5 definierten Allelgrenzen.
- Liegt ein Allel außerhalb des in den Tab. 1 bis 5 angegebenen Bereichs kann die Angabe unter Verwendung des < bzw. > -Zeichens in Relation zum kleinsten bzw.

größten Allel erfolgen. Zum Beispiel könnte das Allel 18 im System TPOX als ">17" oder "18" angegeben werden; beides wäre nicht falsch. Ansonsten muss die Allelbezeichnung mit einer 1bp-Präzision angegeben werden (dies bedeutet allerdings nicht, dass das o.g. Allel als 18.0 bezeichnet werden darf). Von diesen Ausführungen abweichende Allelbezeichnungen werden als Fehler gewertet.

- Die Einsendung der Original-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 Benutzernamen (z.B. G57_987) beschriftet sein. Ausdrücke der Sequenzieroelektropherogramme müssen in Analogie beschriftet werden; **insbesondere muss der ausgewertete Bereich durch Angabe der Nukleotidpositionen angezeigt und die relevante Position muss gekennzeichnet werden.** Ferner muss der Weg vom Sequenzieroelektropherogramm 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-Auswertung sowie beispielhafte Ausdrücke von Sequenzieroelektropherogrammen 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. USB-Stick, DVD/CD-ROM, eMail-Anhang) ist eine eindeutige Bezeichnung der Dateien sowie der darin enthaltenen Proben erforderlich. Bitte übersenden Sie in diesem Fall die Dateien der Elektropherogramme im PDF-Format.
- Es werden Bescheinigungen für die Module erstellt, für die Sie sich registriert haben (Spurenart-Charakterisierung, allgemeine sowie ergänzende STRs, Y-STRs, Sequenzanalyse 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 **04.12.2018** hier vorliegen, können 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.

VI. Modul Extraktions-Effizienz

Im Rahmen der Spurenringversuche GEDNAP 56 und 57 wird jeweils eine Spur 5 als Triplikat für das Modul „Extraktions-Effizienz“ versendet. Der Teilnehmer muss ohne Vortest und ohne Rückstellprobe **jede der drei Teilproben** pro Ringversuch komplett, d.h. ohne einen Rest zurückzuhalten, mit derselben Methodik extrahieren und die **drei resultierenden DNA-Extrakte** binnen 6 Wochen nach Erhalt der Proben (nicht jedoch später als zum **02.10.2018**) auf eigene Kosten und auf eigene Verantwortung an den Ausrichter (postalische Anschrift: Institut für Forensische Genetik, GEDNAP XF, Im Derdel 8, 48161 Münster) senden. Die Wahl der Versandart wird dem Teilnehmer überlassen (gekühlt, tiefgekühlt, lyophilisiert ohne oder mit Stabilisator-Zusatz). Nach Eingang der Extrakte im IFG erfolgt die Quantifizierung menschlicher Zellkern-DNA mittels real-time PCR. Für die vergleichende Auswertung wird ein Fragebogen zu den technischen Details zur Verfügung gestellt werden (z.B. verwendete Geräteplattform, Extraktionschemie, Elutionsmittel, Elutionsvolumen). Der individuelle Ergebnisbericht wird zusammen mit der Auswertung der übrigen GEDNAP-Module nach dem Spurenworkshop versendet.

VII. Spurenworkshop in Jena

Die Präsentation der Ergebnisse der Spurenringversuche GEDNAP 56 und 57 wird im Rahmen des 39. Spurenworkshops in Jena erfolgen (21. bis 23. Februar 2019), organisiert von Frau Univ.-Prof. Dr. Gita Mall des Instituts für Rechtsmedizin Jena (<https://www.r-km.de/Spurenworkshop2019/>).

VIII. Erfüllung der Bedingungen

Der von der Spurenkommission benannte Ausrichter der GEDNAP-Ringversuche sagt Probenversand, Ergebnisauswertung und Teilnahmebescheinigung (jeweils einmalig) dem teilnehmenden Labor dann zu, wenn die vorgenannten Rahmenbedingungen eingehalten werden, die aktuelle Teilnahmegebühr beglichen wird und die anliegende Eigenerklärung dem Ausrichter der GEDNAP-Ringversuche - unterschrieben durch eine unterschiftsberechtigte Person des teilnehmenden Labors - vorliegt. Sollte eine dieser Bedingungen nicht eingehalten werden, ist eine Auswertung der übersandten Ergebnisse und eine anschließende Ausstellung der Bescheinigung(en) nicht möglich.