

Emsdetten im September 2025

Probenversendung GEDNAP 70 und / oder 71

Sehr geehrte Kolleginnen und Kollegen,

anbei übersenden wir Ihnen das Untersuchungsmaterial für die Spuren-Ringversuche GEDNAP 70 und/oder 71 sowie einige wichtige Erläuterungen, Anleitungen und Bedingungen. Bitte lesen Sie diese sorgfältig durch und geben Sie dieses Schreiben insbesondere an die mit der Durchführung der Untersuchungen betrauten Mitarbeitenden weiter. Diese Informationen werden Sie in Kürze auch auf der GEDNAP-Homepage (<https://www.gednap.de>) finden. Neu in diesem Jahr sind das Modul 14 („BGA“, biogeographische Abstammungs-Analyse) sowie die Erweiterung der Module 1, 2, 3, 5 sowie 6 um eine einfache Interpretations-Aufgabe („Welche der Personen A, B und C kann als (Mit-)Verursacher der Spuren 1 bis 4 ausgeschlossen bzw. nicht ausgeschlossen werden?“).

Das anliegende Schreiben bezüglich der „Regeln zum öffentlichen Hinweis auf eine Teilnahme an den GEDNAP-Ringversuchen“ und der damit verbundenen und von einer autorisierten Person zu unterschreibenden Eigenerklärung finden Sie auch im „Download Servicecenter“ auf der GEDNAP-Homepage:

<https://www.gednap.org/de/gednap-ringversuche/download-servicecenter/>

Weitere Hinweise hierzu finden Sie unter den Punkten V und X.

Für etwaige Rückfragen stehen wir Ihnen gerne zur Verfügung.

Mit freundlichen Grüßen aus dem Münsterland



Dr. rer. nat. C. Hohoff

Leiter der GEDNAP-Ringversuche

I. Hinweise zu den Untersuchungsmaterialien

Der allgemeine Ringversuch, die Module 1, 2, 3, 4, 5, 6 sowie 8 umfassend, besteht aus drei Referenzproben und vier Spuren:

GEDNAP 70: Person **A – C**; Spuren **1 – 4**

GEDNAP 71: Person **A – C**; Spuren **1 – 4**

Teilnehmende am GEDNAP-Modul 7 (*binäre Biostatistik*) erhalten die Befunde für die Spur **6** & die 3 Personen **Q – S** (s. IV.).

Teilnehmende am GEDNAP-Modul 9 (*Extraktionseffizienz*) erhalten die Spur **5** (s. VI.).

Teilnehmende am GEDNAP-Modul 10 (*Probabilistische Genotypisierung*) erhalten die Spur **7** & die 2 Personen **N & O** (s. IV.).

Teilnehmende am GEDNAP-Modul 11 (*Pigmentierungs-Analytik*) erhalten die 3 Personen **G – I** (s. VII.).

Teilnehmende am GEDNAP-Modul 12 (*Altersschätzung*) erhalten die 3 Personen **D – F** (s. VII.).

Teilnehmende am GEDNAP-Modul 13 (*Abstammungs-Untersuchung*) erhalten die 4 Personen **J – M** (s. VIII.).

Teilnehmende am GEDNAP-Modul 14 (*BGA*) erhalten die 3 Personen **T – V** (s. IX.).

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 (Ausnahmen = Module 9 & 10).

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.

Tab. 1: autosomale Kern-STRs und Amelogenin - Allelgrenzen (Modul 1)

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

Tab. 2: ergänzende autosomale STRs - Allelgrenzen (Modul 2)

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

Tab. 3: Y-STRs - Allelgrenzen (Modul 3)

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	DYF387S1
Allel-Bereich*	6-18	6-18	9-27	9-26	10-28	14-31	5-18	7-19	29-45

Tab. 4: zusätzliche autosomale STRs - Allelgrenzen (Modul 5)

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

Tab. 5: X-STRs - Allelgrenzen (Modul 6)

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. **X**.

6. mtDNA (Modul 4)

Für den Bereich np 16024 – 576 wird eine Auswertung der übermittelten Resultate erfolgen. Sollte ein teilnehmendes Labor abweichende Bereiche untersuchen (z.B. np 16024-16365, 73 – 340 und/oder 438 – 576), so wird die Auswertung in diesen Bereichen erfolgen, und in der Bescheinigung wird der untersuchte Bereich ausgewiesen werden.

III. Biostatistische Berechnung (Modul 7)

Im Rahmen beider Ringversuche GEDNAP 70 und 71 wird jeweils eine biostatistische Berechnung als *paper challenge* durchgeführt (Modul 7). 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 von P. Schneider et al. (2006) Rechtsmedizin 16:401–404 erläutert werden (LQ sowie RMNE). Verwenden Sie für die Allelfrequenzen ausschließlich die STRidER-Daten, die im Rahmen einer ENFSI-Populationsstudie erhoben wurden [Quelle: "Europe" in STRidER_frequencies_2024-09-24, <https://STRider.online>, abgerufen am 18.12.2024] und die zusammen mit weiteren Informationen im Download-Bereich auf der GEDNAP-Homepage (<https://www.gednap.de>) verfügbar sind. Bitte folgen Sie beim Auftreten seltener Allele den aktuellen Empfehlungen von 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. Probabilistische Genotypisierung (Modul 10)

Ferner wird das Modul 10 („Probabilistische Genotypisierung“) angeboten, wobei die Teilnehmenden eine Mischspur sowie 2 Personen erhalten, die unter Verwendung eines vollkontinuierlichen Modells biostatistisch ausgewertet werden soll. 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. Für dieses Modul wird eine einfache Teilnahmebescheinigung ausgestellt werden.

V. 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 <https://upload.ifmg-ms.de>. Die Eingabemöglichkeit wird am **05.12.2025 um 23:59 MEZ** enden. Ausführliche Erklärungen sind auf dieser Webseite verfügbar. Sie werden unter Verwendung von spezifischen *keywords* nur Befunde für die von Ihnen gebuchten Module speichern

können. Bitte halten Sie bei Anforderung der *keywords* und der Ergebnis-Übermittlung Ihre Rechnungsnummer bereit, die wir Ihnen auch auf dem anliegenden Lieferschein mitteilen.

- Nach Eingabe Ihrer Ergebnisse bitten wir Sie um einen Ausdruck Ihrer Eingaben als Beleg, den Sie uns mit einem Stempel und Ihrer Unterschrift versehen auf dem Postwege bis zum **05.12.2025** (Datum des Poststempels) zusenden.
- Auch zur Übermittlung der mtDNA-Ergebnisse verwenden Sie bitte ebenfalls ausschließlich das Formular, welches auf <https://upload.ifmg-ms.de> für Sie verfügbar sein wird. Angegeben werden sollen die Abweichungen der **Personen A bis C** sowie **der Reinspuren** (aus den **Spuren 1 bis 4**) von der revidierten Cambridge Referenz Sequenz (rCRS), wobei die verwendete Nomenklatur den Empfehlungen der DNA-Kommission der ISFG (W. Parson et al., FSI:Genetics (2014) 13: 134-142) folgen soll. Bei einer Punktheteroplasmie soll die Angabe nach IUPAC-Code erfolgen, sofern die Minderkomponente mindestens einen Anteil von 20 % ausmacht. Bei Längenheteroplasmie-Nachweis 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.

VI. **Modul Extraktions-Effizienz (Modul 9)**

Im Rahmen der Spurenringversuche GEDNAP 70 und 71 wird jeweils eine Spur **5** als Triplikat für das Modul 9 („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 (spätestens am **05.12.2025**) auf eigene Kosten und auf eigene Verantwortung an den Ausrichter (postalische Anschrift: **Institut für Forensische Molekulargenetik, GEDNAP XF, Taubenstr. 51, 48282 Emsdetten**) senden. Auch in diesem Jahr werden etikettierte Gefäße für den Versand der Extrakte zu Verfügung gestellt. Bitte verwenden Sie ausschließlich die von uns zur Verfügung gestellten Gefäße für den Versand. Eine Verwendung abweichender Gefäße kann dazu führen, dass Ihre Proben nicht ausgewertet werden können. Die Wahl der Versandart wird den Teilnehmenden überlassen (z.B. gekühlt, tiefgekühlt, lyophilisiert ohne oder mit Stabilisator-Zusatz). Nach Eingang der Extrakte im IFMG 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 im März 2026 versendet werden. Für dieses Modul wird eine einfache Teilnahmebescheinigung ausgestellt werden.

VII. Forensische DNA-Phänotypisierung (Module 11 & 12)

Im Rahmen der Spurenringversuche GEDNAP 70 und 71 werden die Module „Pigmentierungs-Analytik“ sowie „Altersschätzung“ angeboten. Im Rahmen des Moduls „Pigmentierungs-Analytik“ sollen die Proben G – I befundet werden, wohingegen für das Modul „Altersschätzung“ drei Blutproben D – F befundet werden sollen. Im Rahmen des Moduls Pigmentierungs-Analytik können die 41 etablierten Marker (s. <https://hirisplex.erasmusmc.nl/>) befundet werden, wohingegen die Marker im Modul Altersschätzung nicht vorgegeben sind. Für das Modul 11 („Pigmentierungs-Analytik“) wird wie in den Vorjahren eine einfache Teilnahmebescheinigung ausgestellt werden, wohingegen für das Modul 12 („Altersschätzung“) erstmalig eine qualifizierte Bescheinigung ausgestellt werden wird.

VIII. Abstammungs-Untersuchung (Modul 13)

Im Rahmen der Ringversuche GEDNAP 70 und 71 wird zum zweiten Mal das Modul 13 („Abstammungs-Untersuchung“) angeboten. Im Rahmen dieses Moduls sollen die Proben J – M befundet werden. Die Zuordnung der Wattestieltupfer ist wie folgt (J = „Kindesmutter“, K = „Kind“, L = „Putativvater 1“ & M = „Putativvater 2“). Die Genotypisierung soll mit AMELOGENIN sowie bis zu 23 STR-Systemen erfolgen (CSF1PO, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11, D22S1045, D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D6S1043, D7S820, D8S1179, FGA, PentaD, PentaE, ACTBP2/SE33, TH01, TPOX und VWA), um die Frage zu klären, ob einer der beiden Eventualväter als biologischer Vater identifiziert werden kann. Eine biostatistische Auswertung wird erwartet mit Angabe des W-Wertes auf Basis der hinterlegten Allelfrequenzen ([Quelle: "Europe" in STRidER_frequencies_2024-09-24, <https://STRider.online>, abgerufen am 18.12.2024] und die zusammen mit weiteren Informationen im Download-Bereich auf der GEDNAP-Homepage (<https://www.gednap.de>) verfügbar sind) für die folgenden 17 STR-Systeme: CSF1PO, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D1S1656, D21S11, D2S1338, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, TH01, TPOX, VWA. Eine Dokumentation des Rechenwegs muss beigelegt werden. Für dieses Modul wird eine qualifizierte Teilnahmebescheinigung hinsichtlich Genotypisierung und Biostatistik ausgestellt werden.

IX. BGA (biogeographische Abstammungs-Analytik, Modul 14)

Im Rahmen der Ringversuche GEDNAP 70 und 71 wird zum ersten Mal das Modul „BGA“ angeboten. Im Rahmen dieses Moduls sollen die Proben T – V befundet werden. Dabei sollen die Methoden und Marker verwendet werden, die die Teilnehmenden dafür etabliert haben. Übermittelt werden sollen die verwendeten Marker und Methoden sowie eine kurze Verbalisierung der Befunde. Bitte verwenden Sie dazu ausschließlich das Formular, welches auf <https://upload.ifmg-ms.de> für Sie verfügbar sein wird.

X. Allgemeine Informationen

- In der Befundtabelle für die DNA-Systeme (s. II.) 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 Abschnitt II. definierten Allelgrenzen.
- Liegt ein Allel außerhalb des in Abschnitt II. angegebenen Bereichs kann die Angabe unter Verwendung des < bzw. > -Zeichens in Relation zum kleinsten Allel des angegebenen Bereichs bzw. zum größten Allel des angegebenen Bereichs erfolgen. Zum Beispiel könnte das Allel 18 im System TPOX als ">17" oder "18" angegeben werden; beides würde als korrekt bewertet (Gruppe 1). 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 (Gruppe 4) 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, Amplikonlänge und Peakhöhe müssen erkennbar sein. Die Ausdrücke müssen eindeutig mit dem betreffenden Ringversuch, der Probenbezeichnung und Ihrer Kennung ("LTAN", zweiter Teil Ihrer Rechnungsnummer, z.B. „5-**9876**-25-70“) beschriftet sein. Ausdrücke der Sequenzierielektropherogramme 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 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-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. per USB-Stick, DVD/CD-ROM, eMail-Anhang) ist eine eindeutige Bezeichnung der Dateien sowie der darin enthaltenen Proben unter Angabe Ihrer Benutzerkennung („LTAN“, früher auch als Labor-Code bekannt) erforderlich. Bitte übersenden Sie in diesem Fall die Dateien der (Sequenzier-) Elektropherogramme ausschließlich im PDF-Format.

- Es werden qualifizierte Bescheinigungen für die Module erstellt, für die Sie sich registriert haben (Spurenart-Charakterisierung, autosomale STRs, Y-STRs, X-STRs, Sequenzanalyse der mtDNA-Kontrollregion, Mischspuren-Biostatistik, Abstammungs-Untersuchung, Altersschätzung). Für die Module Extraktionseffizienz, Pigmentierungs-Analytik, sowie probabilistische Genotypisierung werden einfache Teilnahmebescheinigungen ausgestellt.
- 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 deshalb eine Eigenerklärung unterschreiben, wonach ihre GEDNAP-Bescheinigung nicht von Dritten (z. B. zu Werbe-Zwecken) genutzt werden darf. Sollte die Eigenerklärung nicht bis zum **05.12.2025** 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 (<https://www.gednap.de>) ersichtlich.

XI. Ergebnis-Übermittlung

Die Auswertung der GEDNAP-Ringversuche wird im Rahmen eines hybriden Workshops wie in den beiden Vorjahren im Februar 2026 erfolgen. Details dazu werden auf der GEDNAP-Homepage veröffentlicht werden. Die Übermittlung Ihrer individuellen Auswertung wird im März 2026 schriftlich erfolgen.

XII. Erfüllung der Bedingungen

Der 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 unterschreibungsberechtigte 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.