Aus dem Institut für Rechtsmedizin
(Direktor: Univ.-Prof. Dr. med. Andreas Büttner)
der Medizinischen Fakultät der Universität Rostock

Populationsgenetische Untersuchungen an 27 Y-chromosomalen STR-Markern im Raum Mecklenburg-Vorpommern

Inauguraldissertation
zur
Erlangung des akademischen Grades
Doktor der Medizin
(Dr. med.)
der Universitätsmedizin Rostock

vorgelegt von
Angela Schröder, geb. am 08.01.1987, in Ludwigslust
aus Hamburg

Rostock, 21.01.2022

https://doi.org/10.18453/rosdok_id00004012

Gutachter:

Prof. Dr. med. Andreas Büttner, Universität Rostock, Institut für Rechtsmedizin

Dr. rer, nat. Carsten Holzmann, Universität Rostock, Institut für Medizinische Genetik

Prof. Dr. Sabine Lutz-Bonengel, Universität Freiburg, Institut für Rechtsmedizin

Jahr der Einreichung: 2022

Jahr der Verteidigung: 2022

Inhaltsverzeichnis

Abkürzungsverzeichnis ... III

1 Einleitung ... 1

1.1 Genetische Grundlagen ... 1

1.2 Mikrosatelliten-DNA ... 2

1.3 Y-chromosomale STRs ... 4

1.3.1 Mutationen ... 6

1.3.2 Aufgaben der Spurenanalytik und Anwendung von Y-chromosomalen STRs ... 7

1.3.3 Anwendung von Y-chromosomalen STRs in der Abstammungs- begutachtung ... 9

1.3.4 Anwendung von Y-chromosomalen STRs in der Populationsgenetik ... 9

1.3 Populationsgenetische Datenbanken ... 10

2. Zielstellung ... 12

3 Material und Methoden ... 13

3.1 Material ... 13

3.1.1 Untersuchungsmaterial ... 13

3.1.2 Verbrauchsmaterialen ... 13

3.1.3 Chemikalien ... 13

3.1.4 Reaktionsysteme ... 14

3.1.6 Software ... 14

3.2 Methoden ... 15

3.2.1 DNA-Extraktion ... 15

3.2.2 Polymerase-Ketten-Reaktion ... 16

3.3 Elektrophorese ... 22

3.3.1 Kapillarelektrophorese ... 22

3.3.2 Methode ... 24

3.4 Statistische Berechnungen ... 25

3.4.1 Allelfrequenz ... 25

3.4.2 Standardfehler ... 25

3.4.3 Gendiversität ... 25

3.4.4 Diskriminationsindex ... 26

3.4.5 Haplotypfrequenz ... 26

3.4.6 Haplotypdiversität ... 26

3.4.7 Diskriminationskapazität ... 27

3.4.8 Trefferwahrscheinlichkeit ... 27

3.4.9 Mutationsrate pro System ... 27

3.4.10 Gesamtmutationsrate ... 28

3.4.11 Konfidenzintervall ... 28
3.4.12 AMOVA-Analyse ... 28
4 Ergebnisse ... 31
4.1 Populationsstudien ... 31
4.2 Überblick über die Verteilung der Gendiversität der einzelnen Yfiler® Plus Marker ... 61
4.3 Mutationsstudien ... 61
4.4 Darstellung der genetischen Distanz zwischen ausgewählten europäischen Populationen ... 63
5. Diskussion ... 65
5.1. Populationsgenetische Parameter von 27 Y-chromosomalen STRs in Mecklenburg-Vorpommern ... 65
5.1.1 Vergleich der Allelverteilung dieser Studie mit anderen europäischen Populationen ... 65
5.1.2 Vergleich der Gendiversitäten dieser Studie mit anderen ausgewählten europäischen Populationsstudien ... 77
5.1.3 Vergleich populationsgenetischer Parameter ausgewählter Populationen ... 78
5.2 Seltene Allele, di- und triallelische Varianten, Nullallele ... 79
5.3 Mutationen ... 82
5.4 Untersuchung der genetischen Distanz zwischen ausgewählten europäischen Populationen ... 84
6. Zusammenfassung ... 85
Literaturverzeichnis ... 87
Abbildungsverzeichnis ... 92
Tabellenverzeichnis ... 97
Thesen ... 100
Anlagen ... 102
Danksagung ... 125
Lebenslauf ... 126
Eidesstattliche Erklärung ... 127

Abkürzungsverzeichnis

°C	Grad Celsius
µ	Mikro- (10^{-6})
A	Adenin
Abb.	Abbildung
AMOVA	molekulare Varianzanalyse (Analysis of molecular variance)
BKA	Bundeskriminalamt
bp	Basenpaare
bzw.	beziehungsweise
Ca^{2+}	Calcium
ca.	circa
CCD-Kamera	charge-coupled device Camera
DAD	DNA-Analyse-Datei
DC	Diskriminationskapazität
dest.	destilliert
d.h.	das heißt
DNA	Desoxyribonucleinsäure (Deoxyribonucleic acid)
Dr.	Doktor
dNTPs	Desoxyribonucleosidtriphosphat
EFO	elektroosmotischer Fluss
et al.	*"et alteri"* (und andere)
EU	Europa
Fa.	Firma
FAM	Fluoreszenzfarbstoff zur Primermarkierung im AmpFISTR Yfiler® Plus Kit der Firma Applied Biosystems
g	Gramm
G	Guanin
GD	Gendiversität
HD	Haplotypdiversität
l	Liter

Mb	Megabasen
MDS	multidimensionale Skalierung
Mg^{2+}	Magnesium
min	Minuten
MP	Trefferwahrscheinlichkeit (match probability)
MSH	Mundschleimhaut
M-V	Mecklenburg-Vorpommern
n	Anzahl
NED	Fluoreszenzfarbstoff zur Primermarkierung im AmpFISTR Yfiler® Plus Kit der Firma Applied Biosystems
NRY	nicht rekombinierte Teil des Y-Chromosoms (Non-recombining portion of the Y chromosome)
OL	Off-Ladder
PCR	Polymerasekettenreaktion
PD	Diskriminationsindex
rpm	Umdrehungen pro Minute (rounds per minute)
pg	Pikogramm
pH	negativer dekadischer Logarithmus der Protonenkonzentration
PPY23	PowerPlex® Y23 Kit
Prof.	Professor
RM-YSTR	schnell mutierende Y-STRs (rapidly mutating Y-STR)
SID	Fluoreszenzfarbstoff zur Primermarkierung im AmpFISTR Yfiler® Plus Kit der Firma Applied Biosystems
STR	Short Tandem Repeat
Tab.	Tabelle
TAT	Fluoreszenzfarbstoff zur Primermarkierung im AmpFISTR Yfiler® Plus Kit der Firma Applied Biosystems
u.a.	unter anderem
VIC	Fluoreszenzfarbstoff zur Primermarkierung im AmpFISTR Yfiler® Plus Kit der Firma Applied Biosystems
YHRD	Y-Chromosome Haplotype Reference Database
z.B.	zum Beispiel

1 Einleitung

„Forschung ist Fortsetzung der Neugier mit anderen Mitteln."
(Hans-Jürgen Quadbeck-Seeger (*1939), Prof. Dr., deutscher Chemiker, Mitglied der Enquête-Kommission für Gentechnik des Deutschen Bundestages)

Die Forensische Genetik ist ein Teilgebiet der Rechtsmedizin. Hauptaufgaben sind die molekulargenetische Untersuchung biologischer Spuren und deren Zuordnung zu konkreten Personen. Dadurch trägt die forensische Genetik einen großen Teil zur Aufklärung schwerer Straftaten bei. Zusätzliche Aufgabenfelder sind die Identifikation unbekannter Toter oder Opfer von Massenkatastrophen, sowie die Feststellung der biologischen Abstammung und die Diagnostik von Chimärismen. Dafür stehen modernste, hochempfindliche molekularbiologische Methoden zur Verfügung. Zur stetigen Verbesserung und Neuentwicklung dieser Methoden spielt die forensische Genetik ebenfalls in der forensisch-wissenschaftlichen Forschung eine Rolle. Analysiert werden kleinste Mengen biologischen Materials wie Blut, Hautabrieb, Spermien, Vaginalsekret oder Epithelzellen im Speichel. Auch lässt sich DNA guter Qualität auch aus Knochen oder Zähnen extrahieren. Prinzip der DNA-Analyse ist das sogenannte „Genetic Fingerprinting", heute eher unter dem Ausdruck des „DNA Profiling" bekannt. Hierbei handelt es sich ausschließlich um die Untersuchung von nicht-codierenden, also informationslosen Bereichen auf dem humanen Genom. Diese Untersuchungsmethoden stehen unter einem hohen Grad an Standardisierung und einer nationalen, sowie internationalen Qualitätssicherung.

1.1 Genetische Grundlagen

Nur ca. 2-5 % der Kern-DNA umfassen kodierende Bereiche. Der weitaus größere Teil, ca. 95-98 % der DNA, enthält nicht-kodierende Sequenzen. Die Untersuchung nicht-kodierender Bereiche der DNA erlaubt somit keine Aussage über Erbkrankheiten oder Individualmerkmale. Besonders interessant erscheinen die repetitiven DNA-Sequenzen, die sich nach der Länge und der Anzahl von Wiederholungseinheiten unterteilen lassen. Sie ermöglichen der forensischen DNA-Analytik seit Ende der 1980er Jahre neue Wege im Bereich der DNA-Nachweissysteme. Es wird zwischen Satelliten-, Minisatelliten- und Mikrosatelliten-DNA unterschieden. Während die Wiederholungseinheiten der Satelliten-DNA eine Länge bis ca. 100.000 Basenpaare (bp) umfassen, können die repetitiven Einheiten bei Minisatelliten-DNA bis zu 1000 bp lang sein. Mikrosatelliten

wiederum haben eine noch geringere Länge von 2-7 bp in variabler Anordnung (Edwards et al., 1991) und werden heute als Standardsysteme in der forensischen DNA-Analyse verwendet. Schon 1985 untersuchte Jeffreys Minisatelliten und erkannte, dass Bereiche in der Kernsequenz, die Wiederholungsmotive aufweisen, hochvariable Loci (VNTR; *variable numbers of tandem repeats*) enthalten und gleichzeitig detektiert werden können. Dadurch entstand ein individueller genetischer Fingerabdruck (Jeffreys et al., 1985). Der Grad der Polymorphie ist die Grundlage für forensische Untersuchungen mit dem Ziel einer genetischen Individualisierung von Personen. Bei schwierigem Spurenmaterial wie z.B. telogenen Haaren oder Knochenmaterial, in denen oftmals degradierte DNA oder sehr wenig Kern-DNA vorliegt, kann die Untersuchung der mitochondrialen DNA (mt-DNA) sinnvoll sein. Ebenso stellen SNPs *(„single nucleotide polymorphisms"*) eine weitere Form der genetischen Heterogenität zwischen humanen Genomen dar. Da es sich um biallelische Marker handelt, ergibt sich der methodische Vorteil, dass im Vergleich zu den STRs deutlich kürzere DNA-Fragmente (<100bp) amplifiziert werden müssen. Somit eignen sich SNPs besonders für die Untersuchung von stark degradierter DNA, wie sie z.B. bei Knochenresten mit langem postmortalen Intervall vorliegt oder bei außergewöhnlichen Anforderungen, wie der Identifizierung von Opfern eines Anschlags. Seit kurzem dürfen in Deutschland kodierende SNPs für die Vorhersage von Aussehensmerkmalen (Augen-, Haar- und Hautfarbe) untersucht werden. Die Untersuchung von SNPs liefert vor allem dann ergänzende Informationen zu einer tatverdächtigen Person, wenn kein Treffer in der DNA-Analysedatei erzeugt wird bzw. keine aussagekräftigen Zeugenaussagen vorliegen.

1.2 Mikrosatelliten-DNA

Mikrosatelliten (Short Tandem Repeats, STR) sind kurze, nicht kodierende DNA-Sequenzen, die sich häufig wiederholen. Diese Wiederholungen (bis zu 100 mal) konzentrieren sich meist an einem Ort, dem Locus. STRs sind auf allen Chromosomen in unterschiedlichen Fragmentlängen lokalisiert. In der Forensik und Populationsgenetik werden heute hauptsächlich STRs mit Tetranukleotid-Wiederholungseinheiten verwendet, da Tri- oder Dimeren-STRs eine höhere Rate an Artefakten während der PCR aufweisen (Edwards et al., 1991). Gemäß den Vererbungsregeln besitzt jedes Individuum jeweils ein Allel pro STR-System, das vom leiblichen Vater und der leiblichen Mutter vererbt wurde. Im Gegensatz dazu finden sich in den Gonosomen

aufgrund des haploiden Chromosomensatzes meist nur STR-Systeme in einfacher Ausprägung (Ausnahme: multicopy-Systeme). Synonym dieser Merkmalsausprägungen sind die Allele, die nach der Anzahl der Wiederholungseinheiten innerhalb eines STR-Systems benannt werden. Ein Locus mit 8 Wiederholungseinheiten wird daher als Allel 8 bezeichnet. Die Allelkombination des untersuchten STR-Locus kann sowohl homo- als auch heterozygot sein. So bedeutet z.B. die Allelkombination 7/9 an einem bestimmten Locus, dass 7 bzw. 9 Wiederholungseinheiten jeweils von einem Elternteil vererbt wurden und somit dieser Typ heterozygot ist.

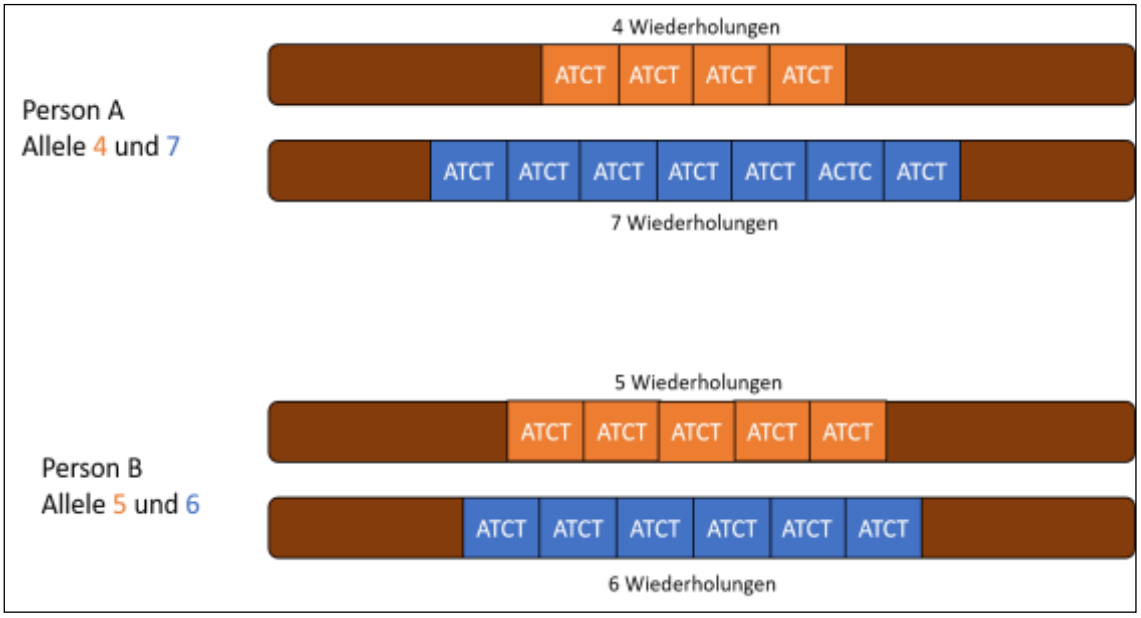

Abb. 1: Sequenzstruktur eines STR-Systems: Person A und Person B mit jeweils unterschiedlichen Allelen. Die Allelnomenklatur der Allele 4/7 und 5/6 basiert auf der Anzahl der 4-bp-Wiederholungseinheiten (ATCT).

Die hohe Variabilität bezüglich der Anzahl der Repeats ist darin begründet, dass sie keinem Selektionsdruck unterliegen. Daraus ergeben sich zahlreiche polymorphe Marker, die in der forensischen Praxis eine hohe Aussagekraft besitzen. Je mehr dieser STR-Loci analysiert werden, desto kleiner ist die Wahrscheinlichkeit, dass zwei nicht verwandte zufällig ausgewählte Personen dasselbe DNA-Merkmalmuster besitzen. Zur Erstellung eines individuellen DNA-Merkmalmusters werden für die Spurenanalytik derzeit mindestens 16 STR-Loci untersucht. Zurzeit sind kommerzielle Multiplex-PCR-Kits erhältlich, die die simultane Koamplifikation von bis zu 20 autosomalen STR-Systemen erlauben (z. B. PowerPlex-21 System, Fa. Promega). Die Bezeichnung der STR-Systeme erfolgt nach den Empfehlungen der DNA-Komission der *International Society of Forensic Genetics* (Bär et al. 1997). Zum einen können sie nach benachbarten identifizierten Genen benannt werden. Ein Beispiel hierfür ist das TH01-System, welches sich im Intron 1 des Thyrosin-Hydroxylase-Gens befindet. Des Weiteren kann

sich die Nomenklatur des Systems auf die chromosomale Lokalisation beziehen. Ein Beispiel hierfür ist das System D18S51, wie folgt bezeichnet für:

D: DNA-Marker

18: Chromosom 18

S: single copy oder einfache Kopie

51: Locus auf Chromosom

Die Erstellung von autosomalen DNA-Profilen können unter anderem zum Beweis einer Straftat führen. In der Spurenanalytik entspricht z.B. die Übereinstimmung der DNA einer Speichelprobe eines Verdächtigen mit einer Spermaspur einem Sachbeweis ersten Ranges.

1.3 Y-chromosomale STRs

Mit seinen ca. 60 Mb (Megabasen) wirkt das humane Y-Chromosom im Gegensatz zu seinem Partner, dem X-Chromosom recht „kümmerlich“. Es ist das zweitkleinste humane Chromosom und bis auf zwei kurze telomere Abschnitte an den distalen Enden unterliegt das Y-Chromosom keiner Rekombination. An den Telomeren erscheint das Y-Chromosom homolog zum X-Chromosom, da sich beide in Bezug auf die Vererbung autosomal verhalten. Deshalb wird dieser Bereich auch als pseudoautosomale Region bezeichnet. Viele Gene des Y-Chromosoms sind Y-spezifisch. Sie sind hauptsächlich für die Spermienproduktion und die Ausprägung des männlichen Geschlechts verantwortlich. Für die Ausprägung des männlichen Phänotyps ist die geschlechtsspezifische *sex determining region of Y* (SRY) verantwortlich (Sinclair et al., 1990). Der überwiegende Teil (ca. 57 Mb) des Y-Chromosoms umfasst den rekombinationsfreien Teil (*non-recombining portion of the Y chromosome*, NRY). Aktuell wurden für die NRY-Region ca. 4500 STR-Marker und ca. 65.000 „single nucleotide polymorphisms“ (SNP) bzw. Insertions/Deletions-Marker beschrieben (Poznik et al., 2016; Willems et al., 2016). Diese Marker haben besondere Eigenschaften, wie eine hohe Variabilität, eine einfache Detektion, sowie eine standardisierte Nomenklatur und qualifizieren sich somit als forensische Marker. Das Y-Chromosom wird mit Ausnahme von seltenen Mutationen unverändert paternal vererbt und ist nicht individualspezifisch. Alle männlichen Personen einer paternalen Linie besitzen somit ein identisches Y-chromosomales DNA-Profil (=Haplotyp), das bei einer Spur-Person-Übereinstimmung in einer nachfolgenden biostatistischen Berechnung zwingend berücksichtigt werden muss. Im Gegensatz zu den autosomalen

STRs, bei denen die Häufigkeit für jedes einzelne System auf der Basis des Hardy-Weinberg-Gesetzes berechnet wird, kann für die Y-STRs nur die Gesamthäufigkeit errechnet werden, da alle Y-STR-Systeme als „Block“ vererbt werden.

Der Beweiswert eines Haplotyps ist somit deutlich geringer als der eines autosomalen DNA-Profils. Um ein höheres Individualisierungspotential zu erreichen, werden mehrere Y-STR Systeme kombiniert und in einer Multiplex-PCR analysiert. Nach Einführung des „minimal haplotype“ 1997 mit 9 Y-STRs (Kayser et al., 1997), stehen immer mehr Haplotypformate zur Verfügung und sorgen somit für einen Anstieg des Informationsgehaltes. Aktuell (Stand 2018) stehen kommerziell erhältliche Y-STR Kits mit bis zu 27 Systemen zur Verfügung, wobei 17 dieser Y-STR-Systeme (DYS456, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS458, DYS19, DYS385, DYS391, DYS392, DYS393, DYS439, DYS635, DYS437, DYS438, DYS448, GATAH4) besonders häufig verwendet werden.

Deren durchschnittliche Mutationsrate beträgt 1,9 x 10^{-3} je Generation und liegt somit deutlich höher als die der üblichen Y-STR-Marker (3,8 x 10^{-4}) (Antão-Sousa et al., 2017). Außerdem wurden 13 weitere Y-STR Systeme (DYF387S1, DYF399S1, DYF403S1ab, DYF404S1, DYS449, DYS518, DYS526ab, DYS547, DYS570, DYS576, DYS612, DYS626, DYS627) beschrieben, die als schnell mutierende Y-STRs (*rapidly mutating* Y-STR, RM-YSTR) bezeichnet werden. Auch besteht die theoretische Möglichkeit, dass nicht verwandte Männer identische Haplotypen aufweisen. Grund hierfür sind eventuelle mehrfach unabhängig voneinander entstandene Mutationen der einzelnen Loci. Die heute verwendeten Y-STR Kits beinhalten demnach sowohl einen Teil der am häufigsten verwendeten Y-STR Marker, sowie zusätzlich einige RM-YSTR und verringern somit die Möglichkeit eines identischen Y-chromosomalen DNA-Profils (Kayser, 2017).

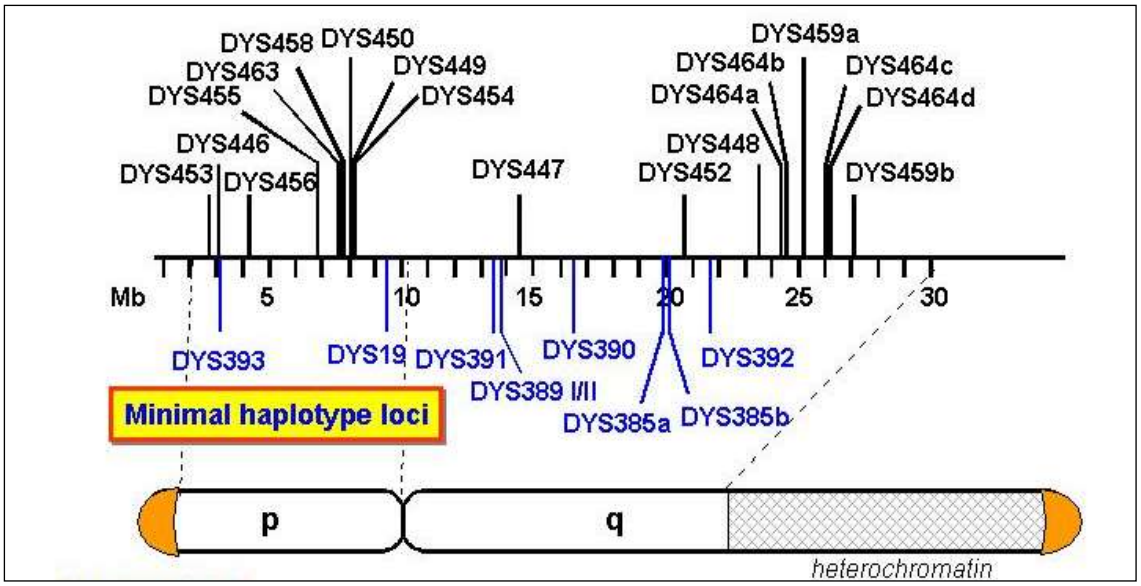

Abb. 2: Darstellung eines Y-Chromosoms und Auswahl häufig verwendeter Y-STR Marker, die sowohl auf dem kurzen Arm (Yp), als auch auf dem langen Arm (Yq) lokalisiert sind. Die orangefarben markierten distalen Enden sind die telomeren pseudoautomalen Regionen. (modifiziert nach STRBase: https://strbase.nist.gov/ystrpos1.htm)

1.3.1 Mutationen

Mutationen sind spontane Veränderungen der Erbinformationen, die dauerhaft bestehen bleiben. Man unterscheidet Mutationen unter anderem nach der Erblichkeit (Keimbahn- oder somatische Mutationen), nach der Ursache (spontan oder induziert), nach dem Mechanismus (Fehler bei der Replikation oder bei Reparaturmechanismen) und nach Größe und Ort der Veränderung. Entweder handelt sich um eine Genommutation, bei der sich der gesamte Chromosomensatz verändert, um eine Chromosomenmutation, bei der sich die Chromosomenstruktur verändert, oder um eine Genmutation, bei der nur die Änderung eines Gens zu beobachten ist. Im Bereich der Genmutation ist diese Änderung möglich durch den Austausch (Substitution), das Hinzufügen (Insertion), das Entfernen (Deletion) oder die Verdopplung (Duplikation) von einzelnen Basen mit anschließender Veränderung der Genstruktur.

In dieser Studie wurden speziell Mutationsraten der Y-STR-Systeme untersucht. Der Hauptmechanismus für die Entstehung von Mutationen in Mikrosatteliten ist das sog. „splipped strand mispairing“, bei dem es während der DNA-Replikation zum Verrutschen der DNA-Polymerase am template DNA-Strang kommt. Dies führt zu einer Fehlpaarung zwischen den DNA-Strängen, die zum Verlust (Kontraktionsmutation) bzw. Zugewinn (Expansionsmutation) einzelner Wiederholungsmotive führt (Levinson & Gutman, 1987). Die Mutabilität steigt mit der Anzahl der Motive eines Y-STRs, da eine erhöhte meiotische Instabilität entsteht und diese folglich die lokus-spezifische Mutationsrate erhöht (Weber & May, 1989). Es konnte gezeigt werden, dass die Rate

der Kontraktionsmutationen exponentiell mit der Allelgröße zunimmt, während die Rate der Expansionsmutationen über die gesamte Allelverteilung konstant bleibt (Xu et al.; 2000). Pumpernick et al. stellten unter anderem weiter fest, dass innerhalb der STRs mit wiederholten Einheiten, die aus einem, zwei oder drei Nukleotiden bestehen, Punktmutationen ungefähr doppelt so häufig auftreten (Pumpernick et al., 2008). Ebenfalls wird in den Systemen DYS458 und DYS385 eine höhere Mutationsrate erwartet (Decker et al., 2008). Während das System DYS385 für seine große Vielfalt an Allelkombinationen bekannt ist und demnach eine erhöhte Mutationsrate zu beobachten ist, liegt der Grund beim System DYS458 in seinem einfachen Wiederholungsmotiv (GAAA) (Sánchez-Diz et al., 2008).

Ebenfalls geht aus einer Studie von 2009 hervor, dass einige Y-STR-Systeme eine höhere Mutationsrate aufweisen (Vermeulen et al., 2009). Hierzu gehören unter anderem die Y-STR-Systeme DYS570 und DYS576. Einige Jahre später werden diese beiden Systeme einer Gruppe schnell mutierender Y-STR-Systeme (RM-Y-STR-Systeme), mit einer durchschnittlichen Mutationsrate von $>10^{-2}$, zugesprochen (Ballantyne et al., 2012).

Das in dieser Studie verwendete Yfiler® Plus Kit enthält unter anderem alle 17 dieser besonders häufig verwendeten Systeme, sowie 6 RM-STR-Systeme (DYS449, DYS576, DYS627, DYS518, DYS570, DYF387S1) und ist damit das Multiplex-PCR-Kit mit dem aktuell höchsten Informationsgehalt (Gopinath et al., 2016).

1.3.2 Aufgaben der Spurenanalytik und Anwendung von Y-chromosomalen STRs

Die autosomale DNA-Analyse dient unter anderem der Tatortarbeit oder der kriminalistischen Ermittlungstätigkeit als ergänzende Methode. Es ist möglich aus stark kompromittierten DNA-Proben mit Hilfe des STR-Multiplexing ein multilokales Muster („DNA-Profil“) darzustellen. STR-Multiplexe werden so entworfen, dass alle untersuchten Loci auf verschiedenen Chromosomen lokalisiert sind. Ziel ist es Kopplungsungleichgewichte zu vermeiden, die sich auf die Diskriminierungsfähigkeit negativ auswirken würden (Schmidtke et al., 2007). Mit Einführung der DNA-Analyse-Datei (DAD) als Teil des zentralen Informationssystems der Polizei 1998 wurden DNA-Merkmalmuster von Beschuldigten, verurteilten Straftätern bzw. am Tatort gesicherten Spuren gespeichert. Ziel ist es, unbekannte DNA-Profile einer Person oder Spur mit bekannten DNA-Profilen aus der Datenbank zu vergleichen, um eventuell eine

Übereinstimmung zu erzielen. Bis April 2018 waren in der DAD knapp 1,2 Millionen DNA-Muster gespeichert. In den vergangenen 20 Jahren wurden insgesamt über 260.000 bestätigte Treffer in der DNA-Analyse-Datei erzielt. Davon konnten in über 210.000 Fällen konkrete Täterhinweise zu offenen Tatortspuren an die Ermittlungsdienststellen weitergegeben werden (Bundeskriminalamt 2018). Laut polizeilicher Kriminalstatistik waren 2018 etwa 75 Prozent männliche und etwa 25 Prozent weibliche Tatverdächtige ermittelt worden. Im Bereich der Sexualdelikte werden mehr als 99% aller Vergewaltigungen bzw. 97% aller Missbrauchsfälle mit Kindern durch Männer begangen (BKA Wiesbaden, Stand 2017). Daraus resultiert die enorme Bedeutung der Anwendung Y-chromosomaler STR-Systeme für die Strafverfolgung. Bei Sexualdelikten treten häufig ungleiche Mischspuren mit einem deutlich überwiegenden weiblichen und sehr geringen männlichen DNA-Anteil auf, unter Umständen in einem Verhälnis von 100:1 oder höher. Solche Mischungen sind oft schwer interpretierbar, da die autosomalen DNA-Merkmale der männlichen Person von denen der weiblichen Person überlagert werden. Bei einem Mischungsverhältnis von 10:1 bis 20:1 (weiblich/männlich) kann bereits kein aussagekräftiges männliches autosomales DNA-Profil abgeleitet werden (Vuichard et al. 2011). Durch den Überschuss an weiblicher DNA erhält man nach Untersuchung autosomaler DNA-Merkmale in der Regel das DNA-Profil der Geschädigten. Durch die isolierte Y-STR-Analyse gelingt der Nachweis selbst geringster Mengen an männlicher DNA, so dass die Y-STR-Analyse heute eine unverzichtbare Ergänzung neben der Untersuchung von autosomalen STRs (Roewer, 2009) darstellt. Da aufgrund von Vasektomien, der Benutzung von Kondomen oder unvollendetem Geschlechtsverkehr bei Sexualdelikten nicht zwingend Spermien nachweisbar sein müssen, können mit Hilfe der Y-STR-Analyse sämtliche männliche Zellen (auch Hautepithelzellen) nachgewiesen werden. Aufgrund der paternalen Vererbungslinie und des zu erwartenden identischen Hapoltyps (Ausnahme: Mutationen) bei verwandten Männern kann aber eine spezifische Individualisierung zwischen eng verwandten männlichen Personen mit dieser Methode nicht vollständig erreicht werden. Eine Studie aus dem Jahr 2015 ergab eine signifikante Steigerung der Zahl der beweiserheblichen DNA-Profile aufgrund der dualen Analysestrategie (Purps et al., 2015).

1.3.3 Anwendung von Y-chromosomalen STRs in der Abstammungsbegutachtung

Neben der Analyse biologischer Spuren ist die Abstammungsbegutachtung ein weiterer Aufgabenbereich der Forensischen Genetik. Vaterschaftsuntersuchungen können gerichtlich oder privat in Auftrag gegeben werden. Bei einem üblichen Triofall (Kindesmutter, Kind, Putativvater) werden 15 autosomale STR-Marker unterschiedlicher Chromosomen analysiert. Da das Kind die Hälfte des Chromosomensatzes von der Mutter bzw. dem Erzeuger vererbt bekommt, kann die Vaterschaft eines fraglichen Mannes eindeutig bestimmt werden. Bei Vorliegen von vier oder mehr Ausschlusskonstellationen auf verschiedenen Chromosomen führt dies zum Ausschluss einer möglichen Vaterschaft. Ist nun ein potenzielles Elternteil verstorben, handelt es sich um einen Defizienzfall. Liegen von dem Verstorbenen keine gesicherten Gewebepräparate vor, um einen Vaterschaftstest durchführen zu können, besteht die Möglichkeit der Untersuchung von männlichen Verwandten 1. oder 2. Grades (Bruder, Großvater, Onkel) des Verstorbenen. Neben der Typisierung autosomaler DNA-Merkmale liefert die spezifische Untersuchung Y-chromosomaler DNA-Merkmale des männlichen Verwandten wertvolle Hinweise auf dessen Vaterschaft. Dazu wird die Y-chromosomale DNA des männlichen Verwandten des Verstorbenen (z. B. Bruder) analysiert und mit denen des Kindes verglichen. Aufgrund der paternalen Vererbungslinie können nun Rückschlüsse in Bezug auf die Vaterschaft des Verstorbenen gezogen werden. Auch eine Abstammungsbegutachtung mit weiter entfernt verwandten Männern ist demnach möglich und wurde bereits erfolgreich angewandt. Zu nennen ist hier der Defizienzfall des Thomas Jefferson, 3. amerikanischer Präsident, 1743-1826 (Gordon-Reed, 1998).

1.3.4 Anwendung von Y-chromosomalen STRs in der Populationsgenetik

Aufgrund des paternalen Vererbungsganges des Y-Chromosoms eignet sich die Untersuchung von Y-STRs hervorragend, um evolutionäre oder populationshistorische Fragstellungen zu beantworten. Vor etwa 100.000 Jahren erfolgte eine Populationsexpansion ausgehend von Afrika in die übrigen Gebiete der Welt („Out of Africa“-Hypothese; Stringer, 2011). In diesem Zuge wurden die Y-Chromosomen in unterschiedliche Gegenden getragen und es entstand eine regionale differenzierbare Hapoltypverteilung. Einflussfaktoren auf die Diversivität waren neben natürlichen Mutationen, Selektionen und Gendrifts zwischen den verschiedenen Populationen auch

ethnologische und kulturelle Veränderungen wie Kriege, religiöse Bedingungen und Polygamie (Bräuer, 1982). Darüber hinaus haben Migration und Isolation eine stärkere Differenzierung der Y-chromosomalen Allel- und Haplotypfrequenzen bewirkt, als bei autosomalen Mustern zu sehen wäre. Auch die Lebensumstände und kulturelle Gegebenheiten (Heiratsregeln, Anzahl der Söhne, Religion oder Promiskuität) einer Population können einen starken Einfluss auf die Allelverteilung nehmen (Seielstad et al., 1998). Aufgrund der unterschiedlichen Allel- und Haplotypverteilungen in verschiedenen Populationen kann mit Hilfe der Y-STR-Analyse auch eine Aussage zur geografischen Herkunft einer männlichen Person getroffen werden.
Während die allelischen Varianten eines Y-STR-Locus das Y-chromosomale DNA-Profil (Haplotyp) definieren, repräsentieren die allelischen Ausprägungen der Y-SNPs Haplogruppen. Diese populationsspezifischen Unterschiede lassen sich über die Etablierung von Populationsdatenbanken darstellen.

1.3 Populationsgenetische Datenbanken

Zur Durchführung einer Populationsstudie zur Untersuchung von Y-chromosomalen STR-Markern ist es notwendig, eine Mindestprobengröße zu untersuchen. Ca. 200 bis 500 Y-STR Profile (Gusmão et al., 2017) nicht verwandter männlicher Personen sollten in diesem Zusammenhang verwendet werden. Ebenfalls besteht die Möglichkeit diese Ergebnisse mit Hilfe von Datenbanken in einen populationsgenetischen Kontext einzuordnen, um die Allelhäufigkeiten der einzelnen Loci und Haplotypverteilungen in der untersuchten Population abschätzen zu können. Datenbanken müssen aber entsprechende Voraussetzungen erfüllen, um als solche zu dienen. So müssen sie z.B. frei zugänglich sein, eine bestimmte Stichprobengröße enthalten und eine saubere Qualität der erhobenen Daten vorweisen (Gusmão et al., 2017). Die weltweit größte Datenbank für Y-STRs ist die *Y-Chromosome Haplotype Reference Database* (YHRD, https://yhrd.org), die am Institut für Rechtsmedizin der Charitè Berlin erstellt wurde. Sie erfüllt die notwendigen Voraussetzungen wie Größe, Qualitätssicherung, ständige Erweiterung der Datensätze, sowie die freie Zugänglichkeit, um biostatistische Erhebungen durchführen zu können (Willuweit et al., 2007; Willuweit et al., 2015). Mit Hilfe der YHRD kann die Häufigkeit des ermittelten Haplotypen unter Nutzung von verschiedenen Berechnungsansätzen in einer ausgewählten Metapopulation geschätzt werden. Weltweit speisen Forscher in diese Datenbank Y-STR-Profile ein, um somit eine bessere Aussagekraft zu ermöglichen. So empfiehlt Prof. Dr. Lutz Roewer,

Abteilungsleiter der forensischen Genetik an der Charité Berlin die Nutzung von regionalen Datenbanken, da eben die Kenntnis der Allelverteilungen in den einzelnen Populationen für die spezifischen Marker von großer Bedeutung sind, um Identitäts- und Abstammungswahrscheinlichkeiten genauer berechnen zu können (Roewer et al., 2005). Eine Multicenter Studie aus dem Jahr 1997 zeigte große Unterschiede für die Allelverteilung an mehreren Y-STR-Loci für weit voneinander entfernte Populationen (Kayser et al., 1997). Mit Hilfe der YHRD werden Y-chromosomale Haplotypen mit Populationsdaten verknüpft. Zurzeit findet man Haplotypen von 9-29 Y-STR-Markern in der Datenbank und mehr als 340.000 Y-STR-Haplotypen bzw. 30988 Y-SNPs (Release 65, Aug. 2021). Die Anzahl von Haplotypen im Yfiler® Plus-Format umfasst derzeit 98274 Proben (Release 65, Aug. 2021) aus 34 Metapopulationen. Bei der vollständigen Übereinstimmung eines Y-chromosomalen DNA-Profils einer Spur mit dem einer tatverdächtigen Person muss überprüft werden, ob es sich bei dem Spurenverursacher und dem Tatverdächtiger um ein und dieselbe Person handelt oder ob die Übereinstimmung rein zufällig ist. Die biostatistische Berechnung ist somit die Grundlage für die Einschätzung des Beweiswertes der Spur im Strafverfahren.

Die kontinuierliche Erweiterung der bestehenden YHRD-Datenbank mit regionalen Allel- und Haplotypverteilungen von Y-STRs bleibt ständiges Ziel von weltweiten Forschungsprojekten, da biostatistische Aussagen nur auf der Grundlage validierter populationsgenetischer Studien getroffen werden können.

2. Zielstellung

Im Rahmen dieser Dissertation soll eine populationsgenetische Studie an 27 Y-chromosomalen STRs (DYS576, DYS389I, DYS635, DYS389II, DYS627, DYS460, DYS458, DYS19, YGATAH4, DYS448, DYS391, DYS456, DYS390, DYS438, DYS392, DYS518, DYS570, DYS437, DYS385, DYS449, DYS393, DYS439, DYS481, DYS387S1, DYS533) unter Nutzung des Yfiler® Plus Kits durchgeführt werden. Dazu werden 416 nicht verwandte Männer aus Mecklenburg-Vorpommern typisiert. Zurzeit (Release 65, Aug. 2021) sind insgesamt 1229 Y-STR-Haplotypen aus Norddeutschland (Rostock: 778, Greifswald: 176, Hamburg: 275) in der YHRD hinterlegt, wobei für diese Region bisher keine Y-STR-Haplotypen im Yfiler® Plus Format vorliegen. Die erhaltenen Y-STR-Haplotypen sollen anschließend in die internationale YHRD-Datenbank (https://yhrd.org) einfließen. Neben der Ermittlung der Allelfrequenzen für jedes einzelne Y-STR-System sowie der Ermittlung der Häufigkeit der beobachteten Haplotypen und die Gegenüberstellung verschiedener europäischer Populationsstudien mit den Ergebnissen dieser Studie, soll unter anderem ermittelt werden, inwiefern sich die Daten dieser Studie mit den Daten anderer europäischer Studien ähneln oder unterscheiden. Hierzu wird die molekulare Varianz zwischen den Haplotyppopulationen mithilfe einer multidimensionalen Skalierung (MDS) ermittelt. Ein Vergleich der Haplotypen mit dem Yfiler® Plus Kit und dem älteren Yfiler® Kit soll zeigen, dass die Verwendung des Yfiler® Plus Kits effektiver bei der Differenzierung männlicher nicht verwandter Personen ist.

Die Untersuchung von Vater-Sohn-Paaren und der Vergleich mit anderen Mutationsstudien aus Europa soll Erkenntnisse über die Mutationsraten der einzelnen STR-Loci des Yfiler® Plus Kits bringen.

Mit Hilfe dieser Datenerhebung in Mecklenburg-Vorpommern wird überprüft, ob die Ergebnisse der allgemeinen Verteilung entsprechen.

3 Material und Methoden

3.1 Material

3.1.1 Untersuchungsmaterial

Für diese Doktorarbeit sind ausschließlich Mundschleimhautabstriche (MSH-Abstriche) verwendet worden. Zum einen stammen diese aus der Routinearbeit zur Abstammungsbegutachtung des Instituts für Rechtsmedizin der Universität Rostock und zum anderen dienen eigenständig gesammelte Proben der Studie. Insgesamt wurden 416 nicht verwandte Männer und 48 Vater-Sohn-Paare untersucht, die ihren Geburtsort ausschließlich in Mecklenburg-Vorpommern hatten, wobei der Großteil des Untersuchungsgutes aus dem westlichen Teil des Bundeslandes stammt. Alle Proben unterlagen einer schriftlichen Einverständniserklärung.

3.1.2 Verbrauchsmaterialen

Reaktionsgefäße (0,2ml; 0,5ml; 1,5ml)	Eppendorf; Hamburg, Deutschland
Pipetten	Eppendorf; Hamburg, Deutschland
Pipettenspitzen	Eppendorf; Hamburg, Deutschland
DNA-IQ Spin Basket	Promega Corporation; Madison, WI, USA
Micro AmpTM Optical 96 Well Reaction Plate	Applied Biosystems; Foster City, USA
Transferpipetten	Sarstedt Aktiengesellschaft & Co; Nümbrecht, Deutschland

3.1.3 Chemikalien

Chelex®100 Resin	BIO-RAD; Kalifornien, USA
Proteinase K	Macherey Nagel, Düren, Deutschland
POP-4TM Polymer	Applied Biosystems, Foster City, USA
Puffer (10x) für Kapillarelektrophorese	Applied Biosystems, Foster City, USA

Hi-Di® Formamid	Applied Biosystems; Foster City, USA
LiChrosolv®-Reinstwasser	Merck, Darmstadt, Deutschland

3.1.4 Reaktionsysteme

Yfiler® Plus PCR Amplification Kit	ThermoFisher Scientific, Waltham, USA
PowerPlex® Y23 Kit	Promega; Madison, USA

3.1.5 Geräte

Mastercycler gradient	Eppendorf; Hamburg, Deutschland
Thermomixer compact	Eppendorf; Hamburg, Deutschland
3500 Genetic Analyzer	Applied Biosystems; Foster City, USA
Vortex	IKA®-Werke GmbH & CO. KG, Staufen, Deutschland
Thermocycler	Eppendorf; Hamburg, Deutschland

3.1.6 Software

GeneMapper® ID v 1.4 Software	Applied Biosystems; Foster City, USA
3500 Series Software 2	Applied Biosystems; Foster City, USA

3.2 Methoden

3.2.1 DNA-Extraktion

Zur DNA-Untersuchung von DNA-Polymorphismen ist zunächst die Extraktion von DNA aus den menschlichen Zellen nötig. Dabei kann aus den verschiedensten biologischen Materialien, wie zum Beispiel Haare, Zähne, Blut, Sperma, Knochen und Speichel das Erbgut isoliert werden. Die DNA wird hierbei vom restlichen Zellmaterial wie z. B. Zellwänden bzw. Zellorganellen getrennt.

3.2.1.1 DNA-Isolierung aus Mundschleimhautabstrichen mittels Chelex®100

Die DNA-Extraktion aus Mundschleimhautabstrichen erfolgte mit Hilfe von Chelex®100 Resin.

Chelex®100 Resin ist ein Chelatbildner und besteht aus Kunststoffpartikeln. Es bindet bivalente Ionen, wie Ca^{2+} und Mg^{2+} und führt somit zur Inaktivierung unerwünschter Enzyme (z.B. DNasen) und kalziumabhängiger Strukturkomponenten, wie sie etwa im Zytoskelett oder in extrazellulären Proteinen enthalten sind. Daraus resultiert die Destabilisierung der Zelle (Walsh et al., 1991).

Die Lyse der Zellen wird durch die Zugabe von Proteinase K erreicht. Sie ist eine unspezifische Serin-Protease und wird durch Ca^{2+} Ionen aktiviert.

Im Anschluss muss die Protease deaktiviert werden, da diese für Störungen während der PCR verantwortlich sein kann. Dies geschieht durch Erhitzen der Probe auf Temperaturen von über 95° Celsius für mindestens 10 Minuten.

Vor der Isolierung der DNA wurden die hier verwendeten Abstrichröhrchen für mindestens 24 Stunden gut rückgetrocknet, um eventueller Schimmelbildung vorzubeugen. Zunächst wird ein Teil des MSH-Trägermaterials mit einer sterilen Schere und Pinzette abgetrennt und in ein Reaktionsgefäß überführt. Die Säuberung der Schere und Pinzette mit Ethanol vor dem Wiederholungsvorgang ist essenziell, um DNA-haltige Vermischungen zu vermeiden. Zu dem Material werden nun 250 µl einer 5%igen Chelex®100 Resin Suspension, sowie 8 µl Proteinase K gegeben. Die Lösung wird mittels Vortex gut gemischt und anschließend bei 56°C und 600 rpm im Thermomixer für 35 Minuten lysiert. Es folgt eine zweite Inkubation bei 99°C und 300 rpm für 10 Minuten zur Deaktivierung des Enzyms. In einem weiteren Schritt wird die Probe bei Raumtemperatur für 10 min abgekühlt und kurz anzentrifugiert. Mit einer Transferpipette wird nun die gesamte Probe in ein Reaktionsgefäß mit zuvor platziertem DNA-IQ Spin Basket (körbchenartiger Aufsatz) überführt, um feste Bestandteile

abzentrifugieren zu können. Für 3 min wird das Untersuchungsgut ein weiteres Mal bei 13000 rpm zentrifugiert.
Die festen Bestandteile werden anschließend verworfen und der DNA-haltige Überstand in ein Reaktionsgefäß überführt. Bis zur weiteren Verwendung werden die aufgearbeiteten Proben bei -20°C gelagert.

3.2.2 Polymerase-Ketten-Reaktion

Das Prinzip der PCR liegt in der zyklischen Vermehrung von spezifischen DNA-Abschnitten in vitro und wurde 1985 von Kary Mullis (Mullis, 1990) entwickelt. Schon kleinste Mengen DNA-Material, beispielsweise aus einer Spur Blut oder Epithelzellen, sind ausreichend, um nachgewiesen und vervielfältigt zu werden, da mit jedem Zyklus eine exponentielle Zunahme der DNA erfolgt. Für die Durchführung der PCR werden benötigt:

- DNA (Matritze)
- dNTPs (Adenin, Guanin, Cytosin, Thymin)
- DNA-Polymerase (Taq-Polymerase)
- PCR-Primer
- Puffer, Salze

Durch die Zugabe eines definierten Primerpaares wird der zu amplifizierende DNA-Abschnitt bestimmt, welcher zwischen zwei Oligonukleotid-Primern liegt. Der Puffer sorgt für optimale Bedingungen für die DNA-Polymerase.
Die Vervielfältigung von DNA läuft in einem Mastercycler in einer bestimmten Reihenfolge ab, die folgende elementare Schritte umfasst.

1. Denaturierung
2. Hybridisierung
3. Synthese

Während der Denaturierung bei 94-96°C werden die DNA-Stränge getrennt. Anschließend wird die Temperatur auf ca. 50-60°C gesenkt. Der Primer kann nun an die Zielsequenz binden. Die DNA-Polymerase verbaut in einem weiteren Schritt bei 72°C die einzelnen Nukleotide komplementär zum DNA-Abschnitt. Nach dem ersten Zyklus liegt nun ein Strang der Ziel-DNA zusammen mit dessen Kopie als Doppelstrang vor. Ein neuer Zyklus kann beginnen, in dem sich die Teilschritte wiederholen (Abb. 3).

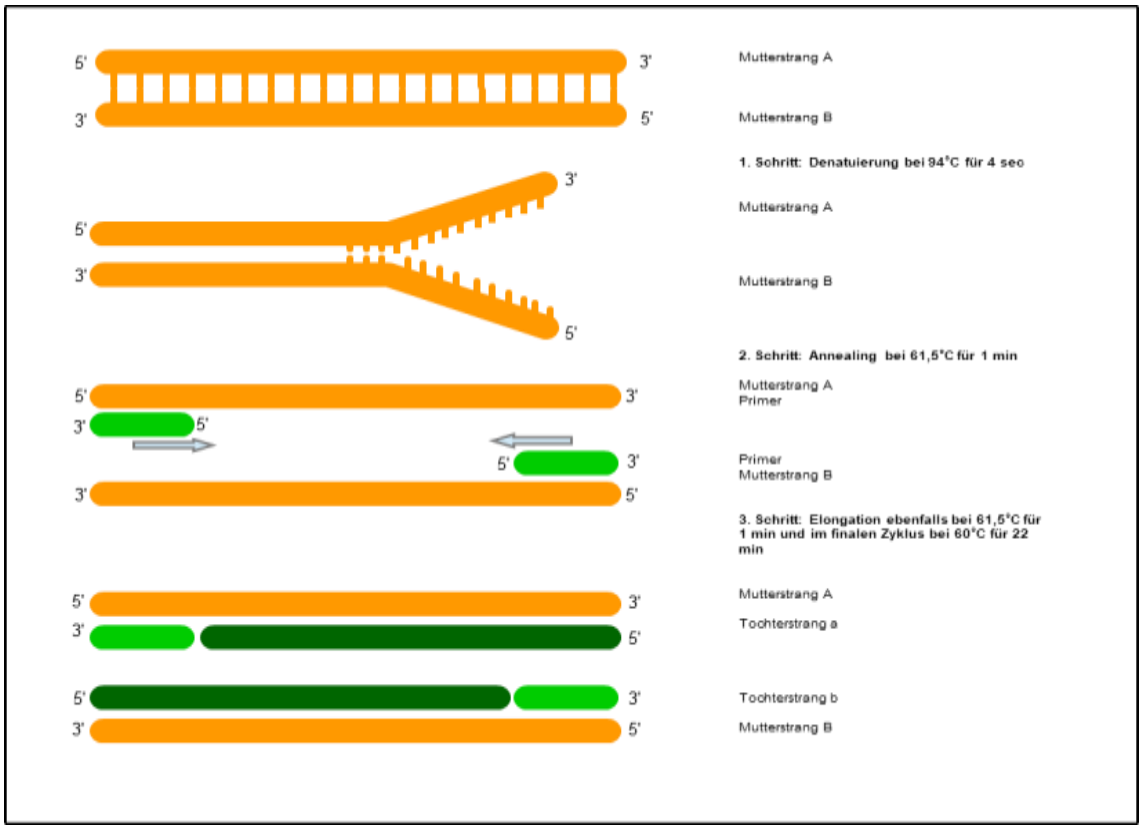

Abb. 3 Ablauf der PCR-Amplifikation. Der DNA-Doppelstrang wird im 1. Schritt getrennt. Anschließend lagern sich die Primer an die spezifischen DNA-Abschnitte an. Die Verlängerung (Elongation) der Primer geschieht durch den Einsatz der Taq-Polymerase, die die einzelnen Nukleotide zu einer neuen Matritze verbauen. Ein zum Mutterstrang (A) komplementärer Tochterstrang (a) entsteht. Dieser Ablauf wird zumeist 30-40-mal wiederholt, wobei in jedem Zyklus eine Verdopplung stattfindet.

Die heute verwendete Polymerase ist die sogenannte Taq-Polymerase. Sie löst die bis dahin verwendete thermoinstabile E. Coli Polymerase I ab. Im Gegensatz zu den mesophilen Polymerasen denatuiert die Taq-Polymerase bei Erhitzen des Reaktionsgemisches nicht und muss so nicht zu jedem Zyklus neu hinzugegeben werden (Saiki et al.,1988). Das Temperaturoptimum liegt bei 72°-74°C, bleibt aber auch bei Temperaturen von über 90°C stabil. Bei nur sehr geringem DNA-Material, das einer PCR zur Verfügung steht, bedient man sich einer besonderen Form der PCR.

3.2.2.1 Multiplex PCR

Die sogenannte Multiplex-PCR erlaubt den Einsatz mehrerer Primerpaare in einem Ansatz, um verschiedene DNA-Abschnitte simultan amplifizieren zu können (Kimpton et al., 1994). Diese spezielle PCR findet vor allem in der STR-Analyse bei der Erstellung von DNA-Merkmalmustern ihre Anwendung. Für die DNA-Typisierung nach EU-Standard werden in der Regel 16 autosomale STR-Marker coamplifiziert. Darüber hinaus werden zur Amplifikation gonosomaler STRs ebenfalls Multiplex-PCRs eingesetzt.

Zur Unterscheidung der PCR-Fragmente in der nachfolgenden Kapillarelektrophorese werden fluoreszensmarkierte Primer verwendet. Spezifische Multiplex-Kits diverser Hersteller können zur STR-Analyse herangezogen werden. In dieser Arbeit werden spezifisch Y-chromosomale STRs mit dem Yfiler® Plus Amplification Kit (ThermoFisher Scientific) untersucht. Dieses Kit ermöglicht die Amplifikation von 27 Y-STR-Systemen (DYS576, DYS389I, DYS635, DYS389II, DYS627, DYS460, DYS458, DYS19, YGATAH4, DYS448, DYS391, DYS456, DYS390, DYS438, DYS392, DYS518, DYS570, DYS437, DYS385, DYS449, DYS393, DYS439, DYS481, DYF387S1, DYS533) und enthält 7 schnell mutierende Marker (RM Y-STRs). Zur Unterscheidung von PCR-Fragmenten gleicher Länge sind die verschiedenen Primer mit 6 verschiedenen Fluoreszensfarbstoffen: 6-FAM™, VIC®, NED™, TAZ™ und SID™ markiert (Tab. 1). Zur Bestätigung der Analyseergebnisse wurde zudem das Power Plex®Y23 Kit (Fa. Promega) verwendet.

Tab. 1: Darstellung der im Yfiler® Plus Amplification Kit enthaltenen STR-Systeme mit Angabe der Lokalisation, den detektierbaren Allelen sowie der verwendeten Fluoreszenzfarbstoffe

STR-Locus	Position auf dem Y-Chromosom (Mb)	enthaltene Allele in der Leiter	enthaltene Repeats	Fluoreszenzfarbstoff
DYS576	7.05	11-23	AAAG	6-FAM™
DYS389I	14.61	9-17	TCTG, TCTA	
DYS635	14.38	15-28	TSTA	
DYS389II	14.61	24-35	TCTG, TCTA	
DYS627	8.65	11-27	AAAG	
DYS460	21.05	7-14	ATAG	VIC®
DYS458	7.87	10-24	GAAA	
DYS19	9.52	9-19	TAGA	
YGATAH4	18.74	8-18	TAGA	
DYS448	24.36	14-24	AGAGAT	
DYS391	14.10	5-16	TCTA	
DYS456	4.27	11-23	AGAT	NED™
DYS390	17.27	17-29	TCTA, TCTG	
DYS438	14.94	6-16	TTTTC	
DYS392	22.63	4-20	TAT	
DYS518	17.32	32-49	AAAG	
DYS570	6.86	10-25	TTTC	TAT™
DYS437	14.47	11-18	TCTA	
DYS385	20.80, 20.84	7-28	GAAA	
DYS449	8.22	22-40	TTTC	
DYS393	3.13	7-18	AGAT	SID™
DYS439	14.51	6-17	AGAT	
DYS481	8.43	17-32	CTT	
DYF387S1	25.93, 28.03	30-44	RAAG	
DYS533	18.39	7-17	ATCT	

3.2.2.2 Amplifikation mit Yfiler® Plus PCR Amplification Kit

Für die Amplifikation wird ein folgender PCR-Mastermix angesetzt:

Yfiler® Plus PCR Reaktionsmix	10 µl
Yfiler® Plus PCR Primer Set	5 µl
Gesamtvolumen	15 µl

Der Originalansatz wird kurz gevortext und für 3 Sekunden zentrifugiert. Das Reaktionsgemisch wird in ein 0,2 ml PCR-Gefäß pipettiert. Anschließend erfolgt die Zugabe von 1 µl template DNA mit einer Konzentration von ca. 300-500pg DNA. Um das Endvolumen des PCR-Produktes (25µl) zu erhalten, wird die Reaktion mit 9µl Aqua dest. aufgefüllt. Bei jeder Amplifikation wird eine Positiv- und Negativkontrolle mitgeführt. Die Positivkontrolle (DNA-Kontrolle 007) beinhaltet DNA einer männlichen Person, die Bestandteil des PCR-Kits ist. Die Negativkontrolle, bestehend aus Aqua destillata, soll eventuelle Kontaminationen identifizieren. In dieser Studie wird nach entsprechend durchgeführter Validierung des Yfiler® Plus Amplification Kits der um die Hälfte reduzierte Reaktionsansatz verwendet, sodass ein Gesamtvolumen von 12,5µl (statt 25 µl) vorliegt. Die Menge der template DNA bleibt unverändert.
Es gilt folgendes PCR-Programm im Mastercycler:

Denatuierung	95 °C	1 min	
Denatuierung	94 °C	4 sec	
Annealing	61,5°C	1 min	30 Zyklen
Elongation	61,5°C	1 min	
Abschlusssynthese	60 °C	22 min	
Lagerung	4 °C		

Im Anschluss an die PCR werden die Proben bei -20°C aufbewahrt (Yfiler® Plus PCR Amplification Kit, User Guide).
Seltene Allele oder Mutationen werden erneut mit dem Yfiler® Plus Amplification Kit bestätigt bzw. das Ergebnis mit dem PowerPlex® Y23 Kit (Fa. Promega), bei Vorhandensein des jeweiligen Systems, kontrolliert.

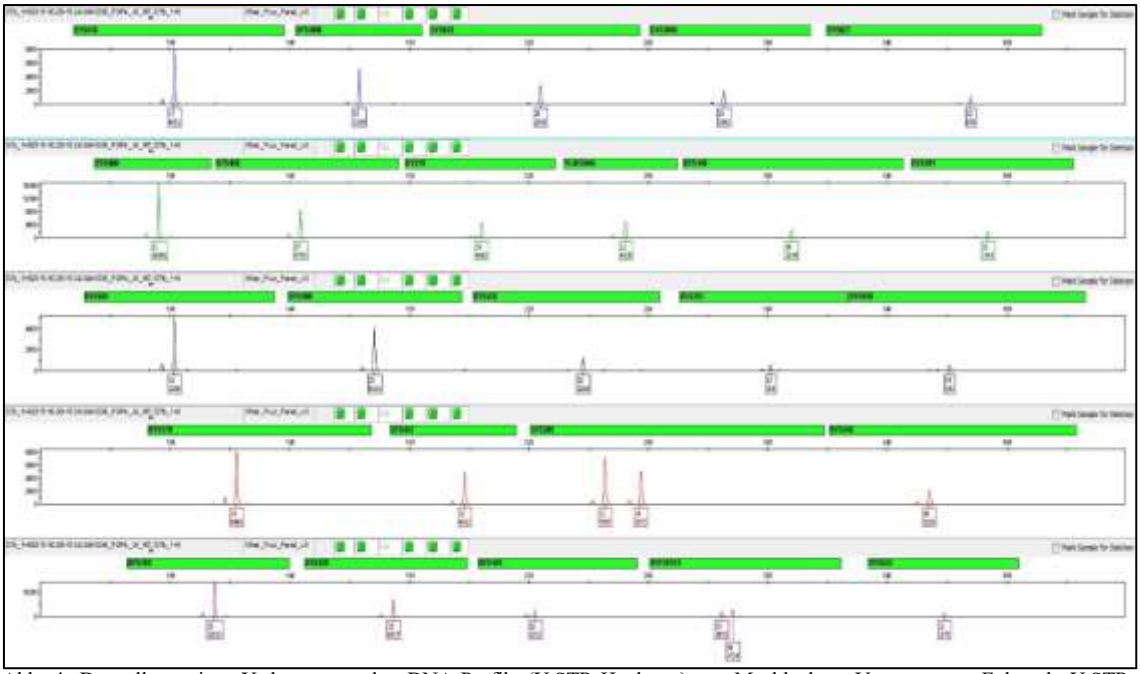

Abb. 4: Darstellung eines Y-chromosomalen DNA-Profils (Y-STR-Haplotyp) aus Mecklenburg-Vorpommern. Folgende Y-STR-Systeme sind mit Hilfe des Yfiler® Plus Amplification Kits untersucht worden: DYS576, DYS389I, DYS635, DYS389II, DYS627, DYS460, DYS458, DYS19, YGATAH4, DYS448, DYS391, DYS456, DYS390, DYS438, DYS392, DYS518, DYS570, DYS437, DYS385, DYS449, DYS393, DYS439, DYS481, DYF387S1, DYS533

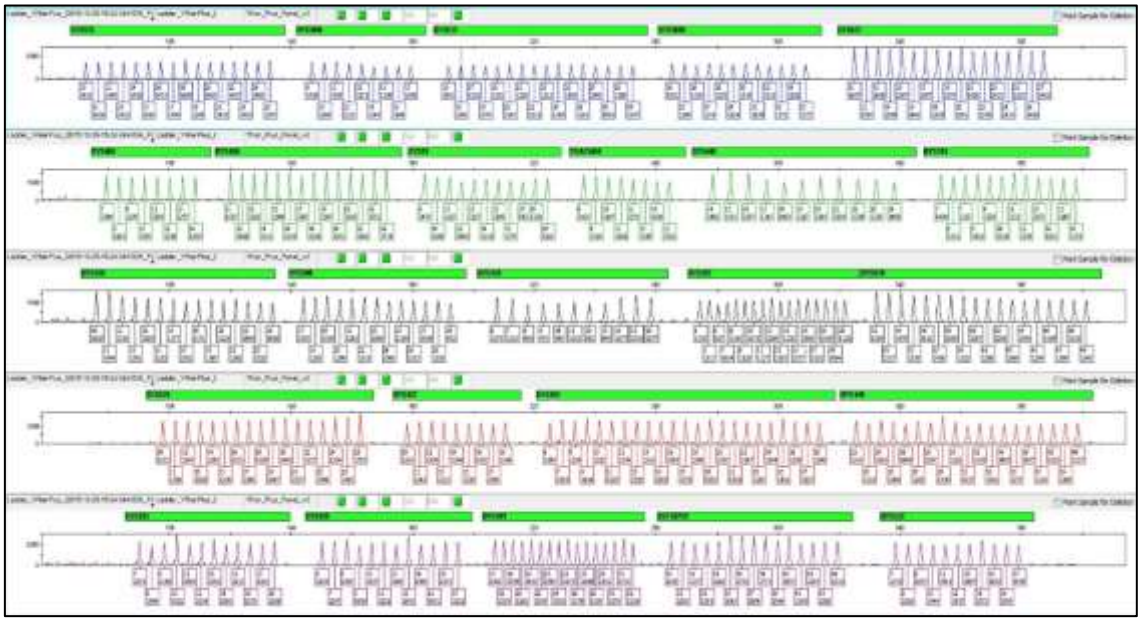

Abb. 5: Darstellung eines Elektropherogramms einer mitgelieferten Allelleiter des Yfiler® Plus Amplification Kit.

3.2.2.3 Amplifikation mit PowerPlex® Y23 Kit

Zur Bestätigung der Analyseergebnisse wurde zudem das PowerPlex® Y23 Kit verwendet.

Folgende Y-STR-Systeme werden mit dem PowerPlex® Y23 Kit amplifiziert: DYS576, DYS389I/II, DYS448, DYS19, DYS391, DYS481, DYS549, DYS533, DYS438, DYS437, DYS570, DYS635, DYS390, DYS439, DYS392, DYS643, DYS393, DYS458, DYS385, DYS456, YGATAH4.

Für die Amplifikation wird folgender PCR-Mastermix angesetzt:

PowerPlex® Y23 Mastermix	5 µl
PowerPlex® Y23 Primer Pair Mix	2,5 µl
Gesamtvolumen	7,5 µl

Anschließend wird dem Ansatz 1µl mit einer Konzentration von ca. 300-500pg template DNA beigefügt und mit Aqua destillata auf 25µl aufgefüllt. Gemäß entsprechender Validierung wurde ebenfalls für den PowerPlex® Y23 Kit der um die Hälfte reduzierte Reaktionsansatz (Gesamtvolumen von 12,5µl) verwendet. Bei jeder Amplifikation wird eine Positiv- und Negativkontrolle mitgeführt. Die Positivkontrolle (2800M Control DNA) beinhaltet DNA einer männlichen Person, die Bestandteil des PCR-Kits ist. Die Negativkontrolle, bestehend aus Aqua destillata, soll auch bei dieser Untersuchung eventuelle Kontaminationen identifizieren.
Es gilt folgendes PCR-Programm im Mastercycler:

Denatuierung	96°C	2 min	
Denatuierung	94°C	10 sec	
Annealing	61°C	1 min	30 Zyklen
Elongation	72°C	30 sec	
Abschlusssynthese	60°C	20 min	
Lagerung	4°C		

Im Anschluss werden die Proben ebenfalls bei -20°C gelagert (Manual: PowerPlex® Y23 System for Use on the Applied Biosystems® Genetic Analyzers).

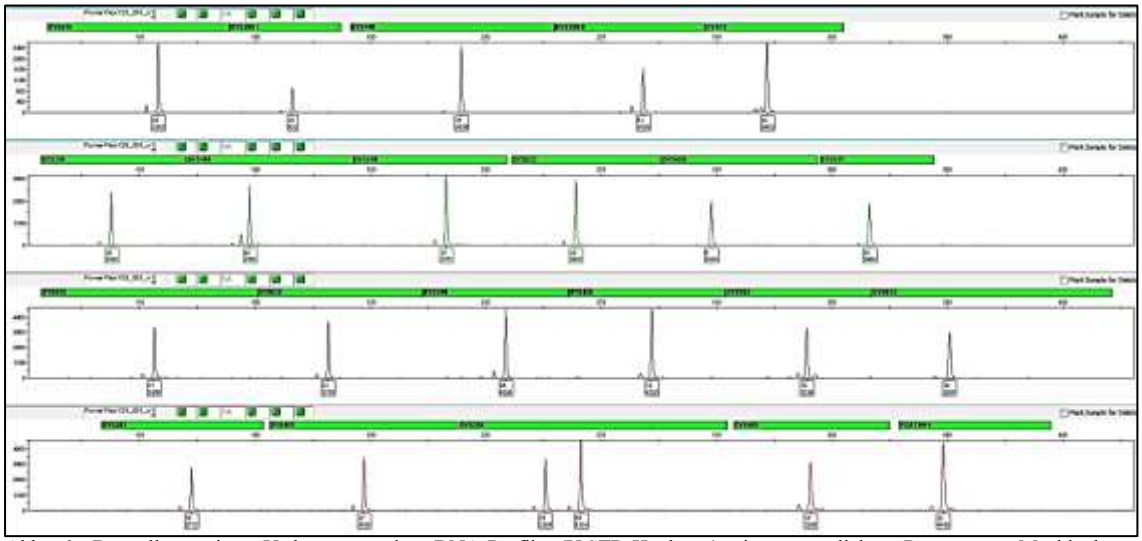

Abb. 6: Darstellung eines Y-chromosomalen DNA-Profils (Y-STR-Haplotyp) einer männlichen Person aus Mecklenburg-Vorpommern. Folgende Y-STR-Systeme sind mit Hilfe des PowerPlex® Y23 Kits untersucht worden: DYS576, DYS389I/II, DYS448, DYS19, DYS391, DYS481, DYS549, DYS533, DYS438, DYS437, DYS570, DYS635, DYS390, DYS439, DYS392, DYS643, DYS393, DYS458, DYS385, DYS456, YGATAH4

3.3 Elektrophorese

Die Methode der Elektrophorese beruht auf der Bewegung elektrisch geladener Teilchen unter dem Einfluss eines elektrischen Feldes. Voraussetzung ist ein bestimmtes Trägermedium, welches aus Polysaccharidpolymeren besteht. Häufige Medien sind Agarose, Polyacrylamid oder Stärke.

In dieser Studie wird ausschließlich die Kapillarelektrophorese angewandt. Dies ist eine weitere Methode, deren Prinzip auf der Wanderung der Teilchen durch sehr dünne Kapillaren beruht.

3.3.1 Kapillarelektrophorese

Die Auftrennung der PCR-Fragmente erfolgt mittels Kapillarelektrophorese unter Nutzung des 3500 Genetic Analyzer. Im Gegensatz zur üblichen Elektrophorese wandern die PCR-Fragmente entsprechend ihrer Länge durch feine Kapillaren, die mit einer Elektrolytlösung (spezielles Polymer) gefüllt sind. Die Wanderungsgeschwindigkeit der Teilchen ist dabei abhängig von der elektrophoretischen Mobilität und dem elektroosmotischen Fluss (EFO). Dieser EFO wird als Bewegung einer Flüssigkeit (in diesem Fall das Polymer) unter Anlegen eines elektrischen Feldes definiert. Während die elektrophoretische Mobilität durch die auf ein Teilchen bestimmte Ladung innerhalb eines elektrischen Feldes mit einer gegebenen Feldstärke bestimmt ist, hängt die Stärke des elektroosmotischen Flusses vom pH-Wert der Elektrolytlösung, bzw. vom Elektrolytgehalt selbst ab. Die Elektrolytlösung ist in

ihrem Volumen neutral. An der Oberfläche aber besitzt sie eine sehr dünne elektrochemische Doppelschicht. Die Stärke dieser Schicht ist abhängig von den in der Flüssigkeit gelösten Ionen. Ein elektrisches Feld parallel zur Oberfläche führt zur Strömung dieser Lösung.

Die mit Polymer gefüllte Kapillare überbrückt zwei Puffergefäße. Durch Anlegen einer elektrischen Spannung wandern negativ geladene Teilchen (z. B. DNA-Fragmente) von der Kathode (Minuspol) zur Anode (Pluspol).

Die fluoreszenzmarkierten DNA-Fragmente passieren nachfolgend ein Laserfenster, das Licht einer bestimmten Wellenlänge aussendet. Dies führt zur Anregung der Fluoreszenzfarbstoffe in den DNA-Fragmenten, so dass Fluoreszenzsignale bestimmter Wellenlängen emittiert werden. Die Fluoreszenzsignale werden durch eine CCD-Kamera erkannt und an eine Software weitergegeben (Abb. 4). Mit Hilfe dieser Software werden die Ergebnisse in einem Elektropherogramm in Form von Fluoreszenzpeaks graphisch dargestellt und ausgewertet (Abb. 5 und 6). Jeder Fluoreszenzpeak zeigt ein Allel des entsprechenden STR-Systems mit einer bestimmten Länge, wobei die Anordnung entsprechend der Farbmarkierung und Fragmentlänge erfolgt. Der Vergleich mit einer mitgeführten Allelleiter (Abb. 7), deren Allele durch Sequenzierung bekannt sind, dient der Genotypisierung der Probe. Ein interner Längenstandard, der im orangenen bzw. roten Farbkanal detektiert ist, wird zur Unterscheidung bzw. Ermittlung der Fragmentlänge herangezogen, da auch dieser in seiner Größe definiert ist.

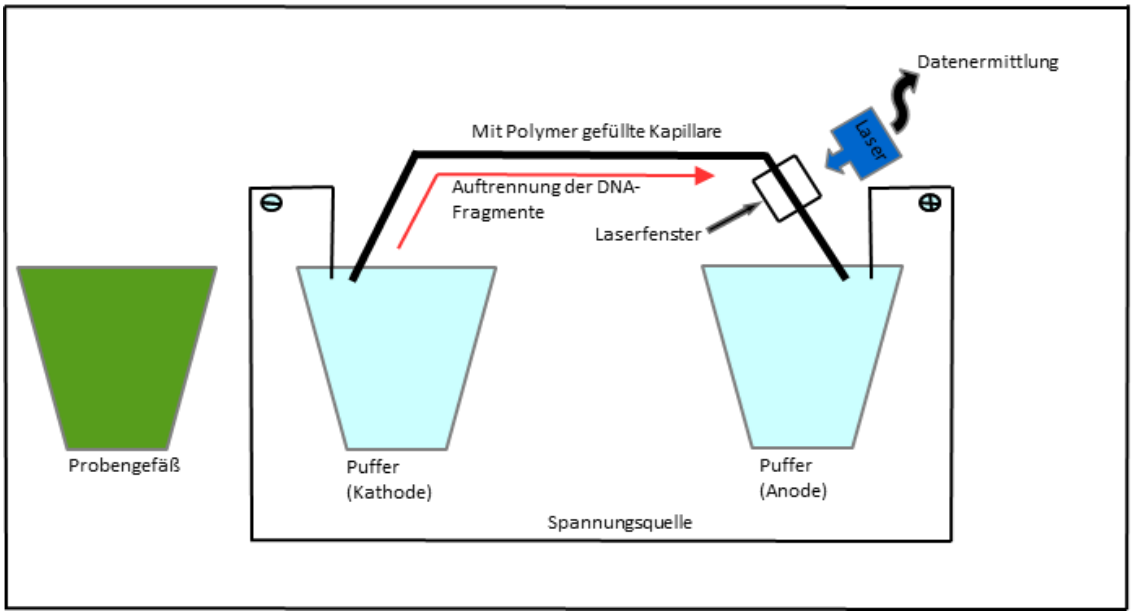

Abb. 7: Prinzip der Kapillarelektrophorese. Die PCR-Produkte werden am Einsatz elektrokinetisch in eine Kapillare injiziert. Nach Anlegen einer Spannung wandern die DNA-Fragmente durch die mit Polymer gefüllte Kapillare in Richtung Anode. Bei Passieren des Laserfensters beginnen die farbmarkierten DNA-Fragmente zu fluoreszieren und senden bestimmte Wellenlängen aus. Diese werden von der CCD-Kamera erfasst und an die Software weitergeleitet, die im Anschluss die Daten analysiert.

3.3.2 Methode

Für die Durchführung der Kapillarelektrophorese werden die Proben mit folgenden Komponenten vorbereitet.
Post PCR-Ansatz für den Yfiler® Plus Amplification Kit:

GeneScan®600Liz®Size Standard v 2.	0,4 µl
Hi-Di® Formamid	9,6 µl
Gesamtvolumen	10 µl

Post PCR-Ansatz für den PowerPlex® Y23 Kit:

WEN CC5 ILS 500	1,3 µl
Hi-Di® Formamid	10 µl
Gesamtvolumen	11,3 µl

Nach Anfertigen des Ansatzes wird dieser kurz gevortext und anschließend zentrifugiert. Im nächsten Schritt werden 10 µl bzw. 11,3 µl in jede Vertiefung der Micro Amp™ Optical 96 Well Reaction Plate überführt und 1 µl des PCR-Produktes oder 1 µl der Allelleiter hinzugefügt. Es folgt ein weiteres Vortexen und Zentrifugieren der Probe. Zur Denatuierung der DNA wird die Platte nun bei 95°C im Thermocycler für 3 min erhitzt und anschließend für weitere 3 min auf Eis inkubiert. Anschließend erfolgt das Einlegen der Platte in den 3500 Genetic Analyzer und die Elektrophorese wird gemäß Benutzerhandbuch gestartet. Zur Größenbestimmung der PCR-Produkte dient der Vergleich mit dem internen Längenstandard. Die Allelbestimmung erfolgt auf der Basis der mitgeführten Allelleiter. Die Auswertung der Befunde erfolgte unter Nutzung der GeneMapperTM ID-X Software.

3.4 Statistische Berechnungen

3.4.1 Allelfrequenz

Die Allelfrequenz gibt die relative Häufigkeit an, mit der ein bestimmtes Allel auf einem Lokus vorkommt.

$$f_{ij} = \frac{N_{ij}}{n}$$

f_{ij} = Allelfrequenz

i = Alelle

j = Y-STR-System

N = Häufigkeit des Allels

n = Probengröße

3.4.2 Standardfehler

Der Standardfehler (SE) gibt eine Aussage über die Genauigkeit des Mittelwertes in einer Stichprobe wieder. Er ist ein statistisches Maß und steht im direkten Verhältnis zur Größe der Stichprobe. Demnach ist der Standardfehler umso kleiner, je größer die Stichprobe ist.

$$SE = \sqrt{\frac{f_{ij}(1 - f_{ij})}{n}}$$

SE = Standardfehler

f_{ij} = Allelfrequenz

n = Probengröße

3.4.3 Gendiversität

Die Gendiversität (GD) wird pro Lokus berechnet und ist ein Maß für die genetische Vielfalt eines Lokus. Sie richtet sich nach der Allelausprägung und deren Allelfrequenz.

$$GD = \frac{n(1 - \sum {f_{ij}}^2)}{n - 1}$$

GD = Gen-Diversität

N = Probengröße

f_{ij} = Allelfrequenz

3.4.4 Diskriminationsindex

Der Diskriminationsindex (*Power of Discrimination,* PD) spiegelt die Wahrscheinlichkeitsgröße wider, mit der sich zwei zufällig ausgewählte Individuen einer Population unterscheiden (Jones et al., 1972). Es wird somit die Effizienz des genetischen Markers dargestellt.

$$PD = 1 - \sum_{i=1}^{nj} f_{ij}^2$$

PD = Power of Discrimination

f_{ij} = Allelfrequenz

n_j = Anzahl der Allele in den einzelnen Y-STR-Systemen

3.4.5 Haplotypfrequenz

Die Haplotypfrequenz beschreibt die Häufigkeit, mit der ein Haplotyp innerhalb einer bestimmten Populationsstichprobe auftritt.

$$h_i = \frac{H_i}{n}$$

h_i = Haplotypfrequenz

n = Probengröße

H_i = Häufigkeit der Haplotypen

3.4.6 Haplotypdiversität

Die Haplotypdiversität (HD) ist ein Maß für die Einzigartigkeit eines Haplotyps in einer Population und beschreibt den Anteil an unterschiedlichen Haplotypen, die innerhalb dieser Population auftreten. Der Diversitätswert entspricht dem Wert 1, wenn alle Haplotypen als einzigartig (unique) angenommen werden und Frequenzen sich gleichmäßig über die Population verteilen. Demnach ist die Haplotypdiversität umso kleiner, je mehr identische Haplotypen auftreten.

$$HD = \frac{n * (1 - \sum h_i^2)}{n - 1}$$

HD = Haplotypdiversität

n = Probengröße (Gesamtzahl der Haplotypen)

h_i = Haplotypfrequenz

3.4.7 Diskriminationskapazität

Die Diskriminationskapazität (Discriminatory capacity; DC) gibt an, wie groß die Vielfalt der festgestellten Haplotypen in Bezug auf die Anzahl der untersuchten Personen in der Populationsstichprobe sind. Die DC errechnet sich aus dem Verhältnis der festgestellten Haplotypen zur Gesamtanzahl der untersuchten Individuen. Je weiter sich die Diskriminationskapazität dem Wert 1 nähert, desto mehr einzigartige Haplotypen sind in dem Datensatz vorhanden.

$$DC = \frac{h_n}{n}$$

n = Probengröße
DC = Diskriminationskapazität
h_n = unterschiedliche Anzahl an Haplotypen

3.4.8 Trefferwahrscheinlichkeit

Die Trefferwahrscheinlichkeit oder Übereinstimmungswahrscheinlichkeit (*match probability*, MP) gibt an, mit welcher Wahrscheinlichkeit die DNA-Profile zweier nicht verwandter Personen identisch sind. Sie ergibt sich aus der Summe der Haplotypfrequenzen zum Quadrat.

$$MP = \sum h_i^2$$

MP = Trefferwahrscheinlichkeit
h_i = Haplotypfrequenz

3.4.9 Mutationsrate pro System

Die Mutationsrate beschreibt die Häufigkeit des Auftretens einer Mutation auf einem Lokus.

$$m_j = \frac{M_j}{n}$$

m_j = Mutationsrate pro System
M_j = Anzahl der Mutationen im jeweiligen System

n = Probengröße (Anzahl der Vater-Sohn-Paare)

3.4.10 Gesamtmutationsrate

Die Gesamtmutationsrate beschreibt die Mutationsrate auf allen untersuchten Loci.

$$m = \frac{M}{S*n}$$

m = Gesamtmutationsrate
M = Anzahl der Mutationen in allen untersuchten Loci
S = Anzahl der Systeme
n = Probengröße (Anzahl der Vater-Sohn-Paare)

3.4.11 Konfidenzintervall

Das 95%- Konfidenzintervall ist derjenige Bereich, in dem im Durchschnitt in 95 aus 100 verschiedenen aber gleich großen Stichproben die wahre Erfolgswahrscheinlichkeit von 95% liegt.

$$\text{CI}= \frac{p \pm 1{,}96 * \sqrt{(p*(1-p))}}{n}$$

3.4.12 AMOVA-Analyse

Die AMOVA (*Analysis of molecular variance*) ist eine Analysemethode zur Bestimmung der molekularen Varianz zwischen Inter- oder Intra-Populationen (Excoffier et al., 1992) und wird als Berechnungstool der YHRD-Referenzdatenbank bereitgestellt. Dies erlaubt den Vergleich von Populationen auf der Basis von Haplotyp-Ähnlichkeiten. Es werden die Abstände zwischen genetischen Daten von Individuen erfasst und somit der Umfang an Unterschieden zwischen zwei oder mehreren Populationen bewertet und quantifiziert. Die molekulare Varianz σ^2 stellt die durchschnittliche Entfernung eines Haplotypen eines Individuums zu einem anderen Individuum in Form von Ein-Schritt-Mutations-Unterschieden dar. Dadurch kann es zu einer „gleich/ungleich“ Differenzierung kommen. Ebenso integriert AMOVA das Kriterium „ähnlich“, welches die Anzahl vorhandener Ein-Schritt-Mutationen zwischen

zwei Haplotypen widerspiegelt. In Anbetracht dessen sind genauere Aussagen über Populationsbeziehungen auf der Basis von Haplotypen möglich.

Die molekulare Varianz σ^2 lässt sie wie folgt bestimmen:

$$\sigma^2=\sigma_a{}^2+\sigma_w{}^2$$

σ^2= molekulare Varianz

$\sigma_a{}^2$= molekulare Varianz zwischen Populationen

$\sigma_w{}^2$= molekulare Varianz zwischen Individuen einer Population

Ein weiterer Marker zur Bewertung von Unterschieden in der Varianz zwischen zwei Populationen ist die genetische Distanz φ_{ST}. Diese gibt das Verhältnis der Interpopulationsvarianz zur gesamten molekularen Varianz an. Demnach ist φ_{ST} umso höher, je stärker die Haplotypen zweier untersuchter Populationen differieren.

$$\varphi_{ST}= \sigma_a{}^2 / \sigma^2$$

φ_{ST}= genetische Distanz

σ^2= molekulare Varianz

$\sigma_a{}^2$= molekulare Varianz zwischen Populationen

Die Bestimmung der genetischen Distanz zwischen Populationen ist durch die F-Statistik möglich. Das gängigste Maß der Unterteilung einer Population auf der Basis genetischer Polymorphismen ist der Fixationskoeffizient F_{ST}. Er zeigt, wie unterschiedlich Populationen zueinander sind und in welcher Menge Genfluss zwischen den Populationen stattfindet (Wright, 1978).

$$F_{ST}= \sigma_p / P(q)$$

F_{ST}= Fixationskoeffizient

σ_p= Anzahl an Unterschieden zwischen Haplotypen innerhalb einer Population

P(q)= durchschnittliche Anzahl an zufällig gewählten Haplotypen zwischen Populationen

Die F_{ST}-Werte variieren zwischen 0 (Haplotypen sind identisch) und 1 (Haplotypen weisen keine Gleichheit auf). Mit steigendem F_{ST}-Wert ist es umso wahrscheinlicher,

dass nur ein Genotyp in verschiedenen Gebieten „fixiert“ ist, sich die Gebiete der fixierten Genotypen aber unterscheiden. Zur Beurteilung der Signifikanz der F_{ST}-Werte wird eine Permutationsanalyse unter Annahme der Nullhypothese vorgenommen. Eine wahllose Kombination der Daten erfolgt und die daraus resultierenden Ergebnisse werden mit den „tatsächlich“ in Bezug auf signifikante Abweichungen verglichen. Das Programm führt hierzu 10.000 Permutationen aus (Holsinger et al., 2009). Die Signifikanz, die angibt, ob zwei Populationen ähnlich sind, wird durch die p-Werte dargestellt. Ein p-Wert von <0,05 gilt somit als statistisch signifikant.
Für die Analyse von STR-Polymorphismen wird neben dem F_{ST}-Wert der R_{ST}-Wert berechnet, der auf der Annahme des stufenweise Mutationsmodelles (Slatkin, 1995) basiert. Der R_{ST}-Wert ist ein Maß für den Grad der Varianz von Allelfrequenzen zwischen zwei Subpopulationen.

$$R_{ST} = (H_T - H_W)/H_T$$

R_{ST}= molekulare Distanz zwischen Populationen

H_T= Allelvarianz in einer totalen Population

H_W= Allelvarianz zwischen Subpopulationen

Unter Nutzung der AMOVA-Methode werden die Daten mit Hilfe eines MDS-Plot (multidimensionale Skalierung) dargestellt. Dazu werden paarweise Rst-Werte mit korresondierenden p-Werten angegeben. Ziel ist es, Populationen so zu platzieren, dass die Abstände (Distanzen) zwischen den jeweiligen Populationen exakt den erhobenen Un-/Ähnlichkeiten entsprechen. D.h. je weiter die Populationen voneinander entfernt sind, je unähnlicher sind sie. Im Umkehrschluss bedeuten kurze Distanzen eine größere Ähnlichkeit. Ein wichtiger Bestandteil dieser Analyse ist die formale Güte. Diese spiegelt sich im Stress-Wert wider. Stress ist eine Verlustfunktion, die misst, wie schlecht Distanzen den Un-/Ähnlichkeiten entsprechen. Ein Stress-Wert von 0 bedeutet somit, dass Distanzen exakt den Un-/Ähnlichkeiten entsprechen.

4 Ergebnisse

4.1 Populationsstudien

Insgesamt sind 416 DNA-Proben nicht verwandter Männer aus dem Raum Mecklenburg-Vorpommern mit den im Yfiler® Plus Amplification Kit enthaltenen STR-Markern amplifiziert worden. Im Ergebnis wurden 408 unterschiedliche Haplotypen und vier Haplotypen, die zweimal vorkommen, festgestellt. Der Anteil einzigartiger Haplotypen liegt somit bei 98,08 Prozent. In der nachfolgenden Tabelle werden die wichtigsten forensischen Parameter für 27 Y-STR Loci dargestellt.

Tab. 2: Forensische Parameter für 27 Y-STR Loci einer Population aus Mecklenburg-Vorpommern (M-V)

	n=416 Yfiler® Plus Amplification Kit
Häufigkeit des beobachteten Haplotypen	
1	408 (98.08%)
2	4
verschiedene Haplotypen	412
HD (Haplotypdiversität)	0.999879
MP (Trefferwahrscheinlichkeit)	0.002525
DC (Diskriminationskapazität)	0.990385

Im Folgenden werden die Allelhäufigkeiten und -frequenzen der einzelnen Y-STR-Systeme des Yfiler® Plus Amplification Kits zusammen mit den entsprechenden Standardfehlern, dem Diskriminationsindex und der Gen-Diversität dargestellt.

Y-STR-System DYS576

Für das System DYS576 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität (GD) und dem Diskriminationsindex (PD) in der Tabelle 3 aufgezeigt. Die Abbildung 9 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 3: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS576.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
14	5	0,012	0,005
15	20	0,048	0,011
16	63	0,151	0,018
17	132	0,317	0,023
18	137	0,329	0,023
19	44	0,106	0,015
20	13	0,031	0,009
21	1	0,002	0,002
22	1	0,002	0,002
Summe	416	***GD 0,7551***	***PD 0,753***

Von 16 möglichen Allelen, die das Yfiler® Plus Kit mit einer Leiter für das System DYS576 vorgibt, werden in 416 Proben 9 Allele nachgewiesen. Das Allel 18 weist mit einem Anteil von 33,2 Prozent die höchste und die Allele 21 und 22 mit einem Anteil von 0,2 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die in der Leiter enthaltenen Allele 10, 11, 12, 13, 23, 24 und 25 können nicht nachgewiesen werden. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,752. Die Gen-Diversität beträgt 0,754.

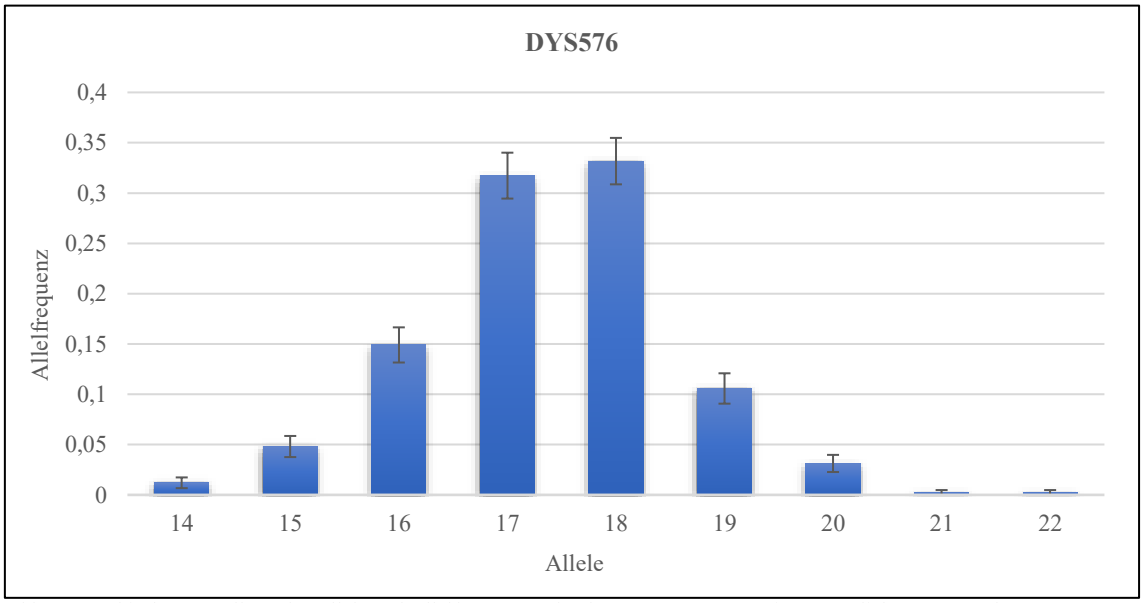

Abb. 8: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS576 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS389I

Für das System DYS389I sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 4 aufgezeigt. Die Abbildung 9 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 4: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS389I.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
12	89	0,214	0,020
13	276	0,663	0,023
14	49	0,118	0,016
15	2	0,005	0,003
Summe	416	***GD 0,501***	***PD 0,500***

Von 9 möglichen Allelen können in 416 Proben 4 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 13 weist mit einem Anteil von 66,1 Prozent die höchste und das Allel 15 mit einem Anteil von 0,5 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die in der Leiter enthaltenen Allele 9, 10, 11, 16 und 17 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,502. Die Gendiversität beträgt 0,503.

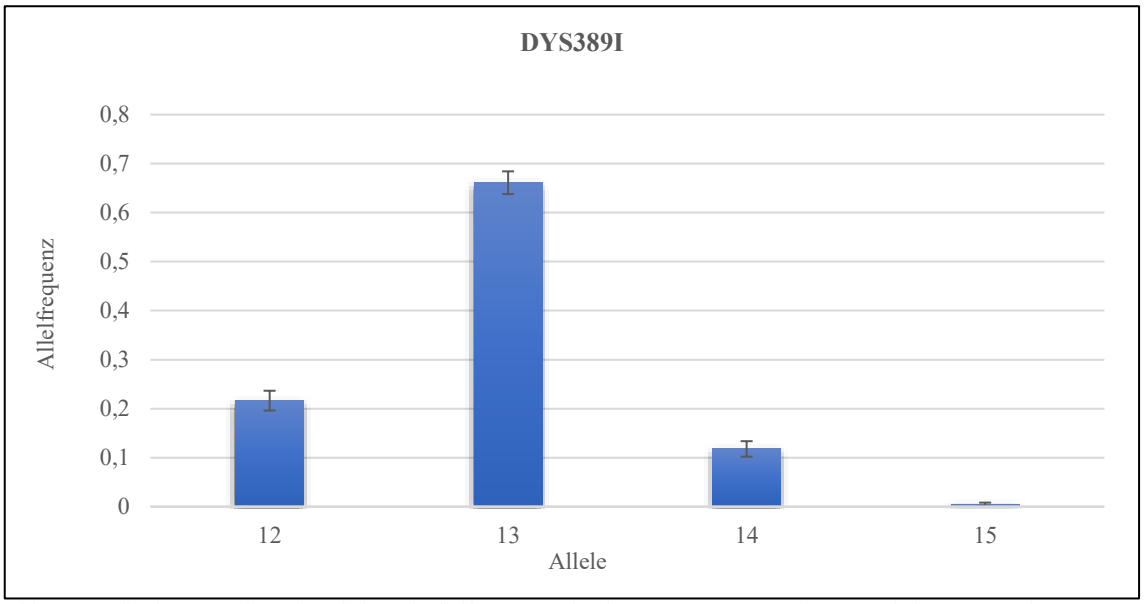

Abb. 9: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS389I einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS635

Für das System DYS635 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 5 aufgezeigt. Die Abbildung 10 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 5: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS635.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
19	1	0,002	0,002
20	11	0,026	0,008
21	62	0,149	0,017
22	44	0,106	0,015
23	248	0,596	0,024
24	38	0,091	0,014
25	11	0,026	0,008
26	1	0,002	0,002
Summe	416	***GD 0,603***	***PD 0,601***

Von 16 möglichen Allelen können in 416 Proben 8 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 23 weist mit einem Anteil von 59,4 Prozent die höchste und die Allele 19 und 26 mit einem Anteil von 0,2 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die in der Leiter enthaltenen Allele 15, 16, 17, 18, 27, 28, 29 und 30 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,604. Die Gendiversität beträgt 0,605.

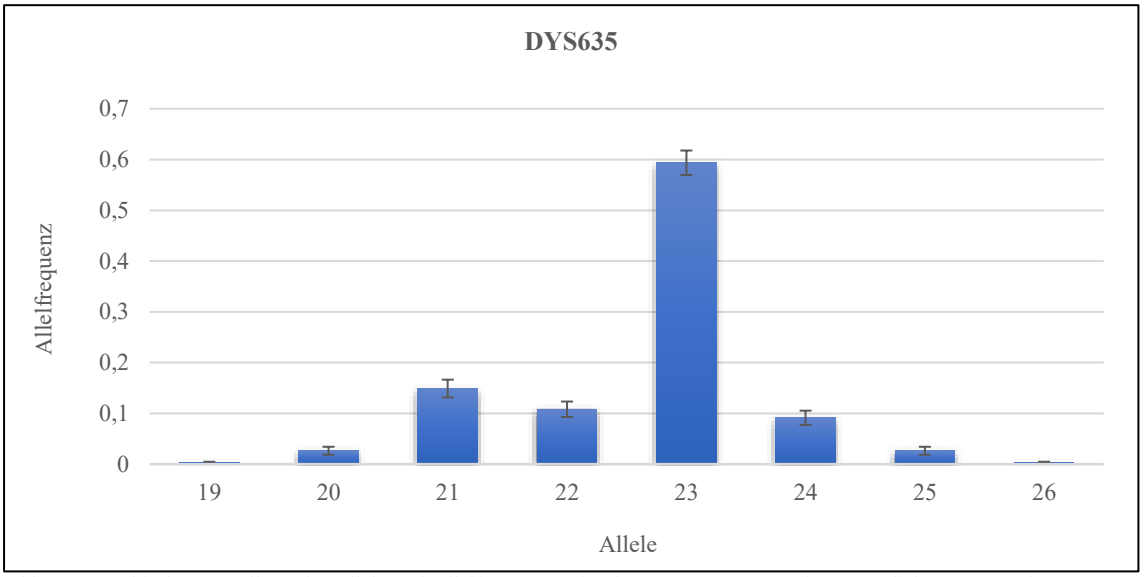

Abb. 10: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS635 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS389II

Für das System DYS389II sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 6 aufgezeigt. Die Abbildung 11 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 6: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS389II.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
26	1	0,002	0,002
27	3	0,007	0,004
28	72	0,173	0,019
29	167	0,401	0,024
30	119	0,286	0,022
31	40	0,096	0,015
32	14	0,034	0,009
Summe	416	***GD 0,718***	***PD 0,717***

Von 12 möglichen Allelen können in 416 Proben 7 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 29 weist mit einem Anteil von 40,14 Prozent die höchste und das Allel 26 mit einem Anteil von 0,2 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die in der Leiter

enthaltenen Allele 24, 25, 33, 34 und 35 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,717. Die Gendiversität beträgt 0,718.

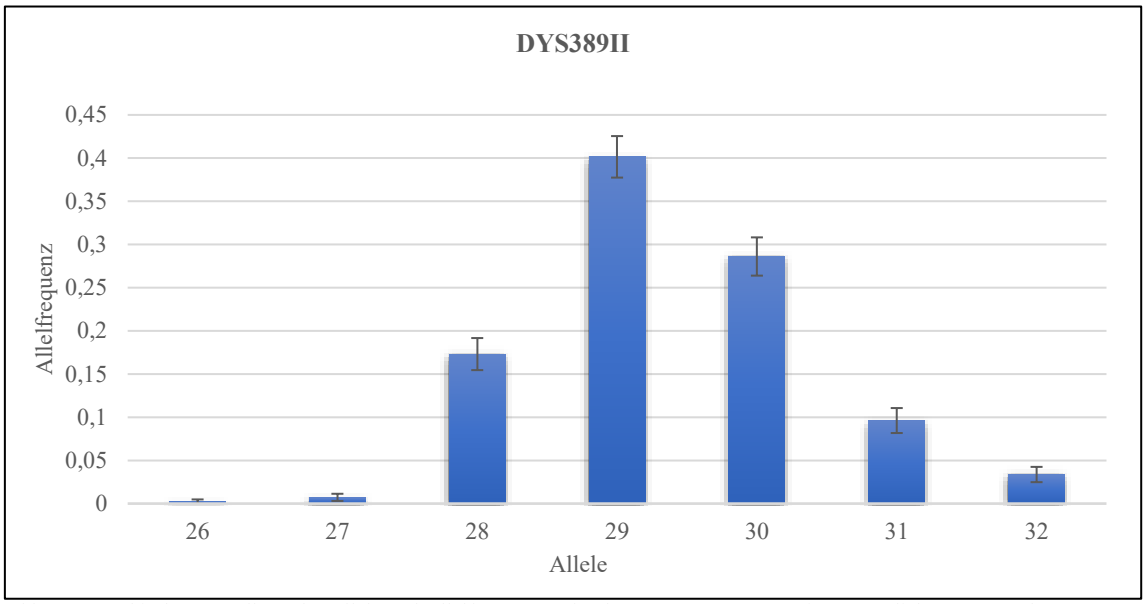

Abb. 11: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS389II einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS627

Für das System DYS627 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 7 aufgezeigt. Die Abbildung 12 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 7: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS627.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
14	1	0,002	0,002
15	2	0,005	0,003
16	53	0,127	0,016
17	48	0,115	0,016
18	17	0,041	0,010
19	50	0,120	0,016
20	70	0,168	0,018
21	49	0,118	0,016
21.1	2	0,005	0,003
22	72	0,173	0,019
23	41	0,099	0,015
24	6	0,014	0,006
25	4	0,010	0,005
26	1	0,002	0,002
Summe	416	***GD 0,874***	***PD 0,872***

Von 17 möglichen Allelen können in 416 Proben 14 Allele nachgewiesen werden. Darunter werden 2 Zwischenallele detektiert, die beide als Allel 21.1 identifiziert werden können. In dieser Untersuchungsgruppe weisen die Allele 14 und 26 mit einem Anteil von 0,2 Prozent die geringste und das Allel 20 mit einem Anteil von 16,8 Prozent die höchste Allelfrequenz auf. Die in der Leiter enthaltenen Allele 11, 12, 13 und 27 können nicht nachgewiesen werden. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,872. Die Gendiversität beträgt 0,874.

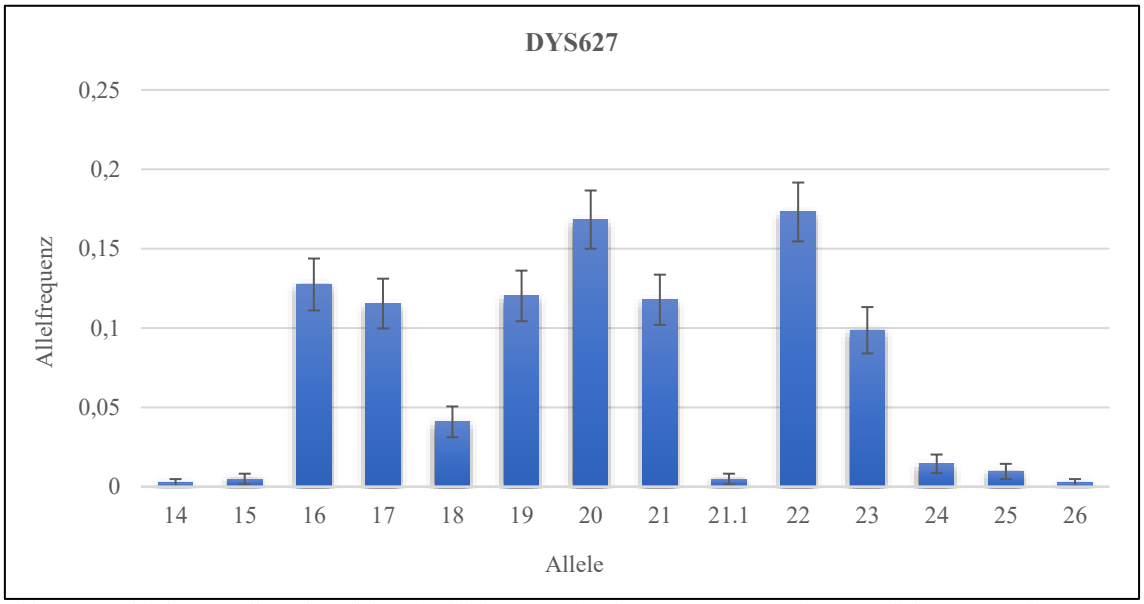

Abb. 12: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS627 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS460

Für das System DYS460 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 8 aufgezeigt. Die Abbildung 13 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 8: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS460.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
8	1	0,002	0,002
9	16	0,039	0,009
10	137	0,329	0,023
11	235	0,565	0,024
12	27	0,065	0,012
Summe	416	***GD 0,568***	***PD 0,567***

Von 8 möglichen Allelen können in 416 Proben 5 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 11 weist mit einem Anteil von 56,5 Prozent die höchste und das Allel 8 mit einem Anteil von 0,2 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die Allele 7, 13 und 14 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,567. Die Gendiversität beträgt 0,568.

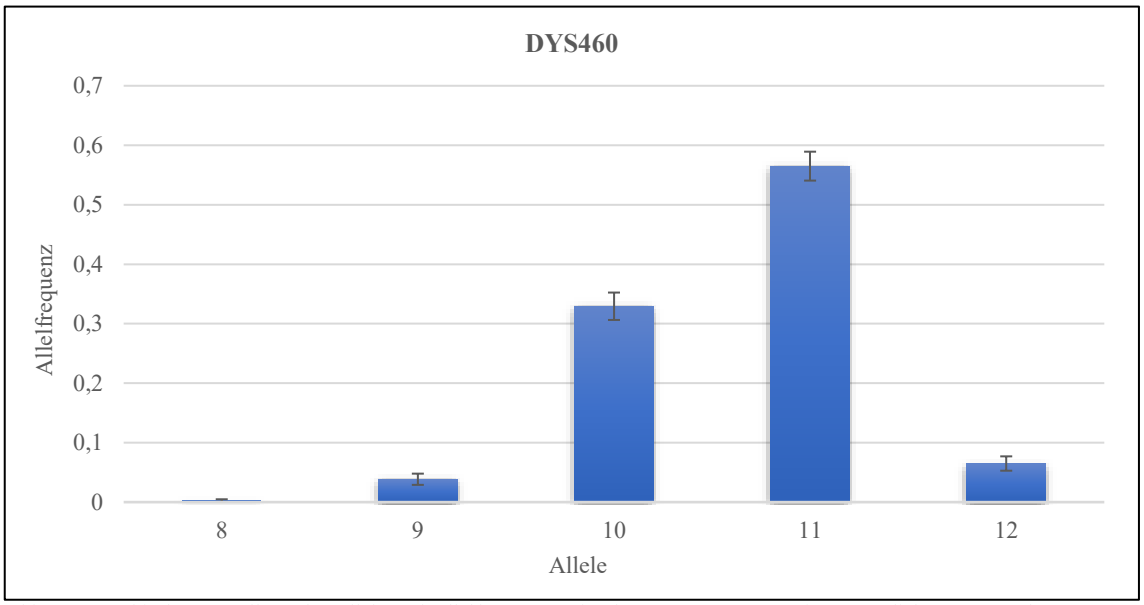

Abb. 13: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS460 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS458

Für das System DYS458 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 9 aufgezeigt. Die Abbildung 14 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 9: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS458.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
11	1	0,002	0,002
13	2	0,005	0,003
14	15	0,036	0,009
15	100	0,240	0,021
16	112	0,269	0,022
16.2	1	0,002	0,002
17	114	0,274	0,022
18	53	0,127	0,016
19	12	0,029	0,008
19.2	1	0,002	0,002
20	3	0,007	0,004
20.2	1	0,002	0,002
21	1	0,002	0,002
Summe	416	***GD 0,778***	***PD 0,776***

Von 14 möglichen Allelen können in 416 Proben 13 Allele nachgewiesen werden. Darunter werden 3 Zwischenallele detektiert, die als Allel 16.2, 19.2 und 20.2 identifiziert werden können. In dieser Untersuchungsgruppe weisen die Allele 11, 16.2, 19.2, 20.2 und 21 mit einem Anteil von 0,2 Prozent die geringste und das Allel 17 mit einem Anteil von 27,4 Prozent die höchste Allelfrequenz auf. Die Allele 12, 22, 23 und 24 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,776. Die Gendiversität beträgt 0,778.

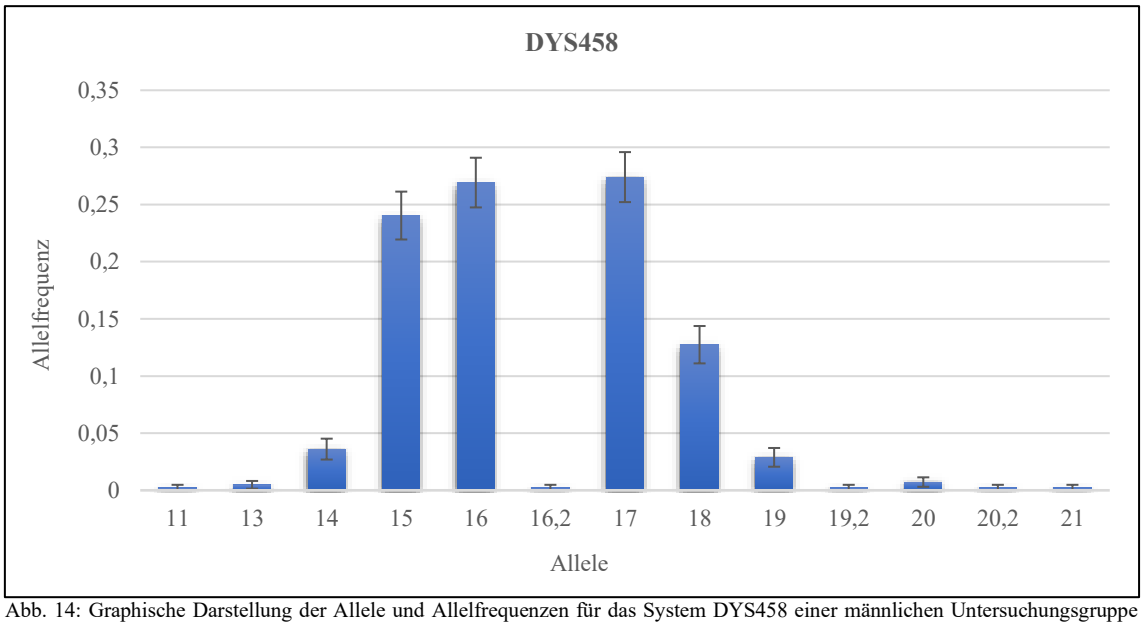

Abb. 14: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS458 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS19

Für das System DYS19 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 10 aufgezeigt. Die Abbildung 15 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 10: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS19.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
13	29	0,070	0,013
14	195	0,469	0,024
15	93	0,223	0,020
16	73	0,175	0,019
17	26	0,063	0,012
Summe	416	***GD 0,692***	***PD 0,691***

Von 11 möglichen Allelen können in 416 Proben 5 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 14 weist mit einem Anteil von 46,9 Prozent die höchste und das Allel 17 mit einem Anteil von 6,3 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die in der Leiter

enthaltenen Allele 9, 10, 11, 12, 18 und 19 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,691. Die Gendiversität beträgt 0,692.

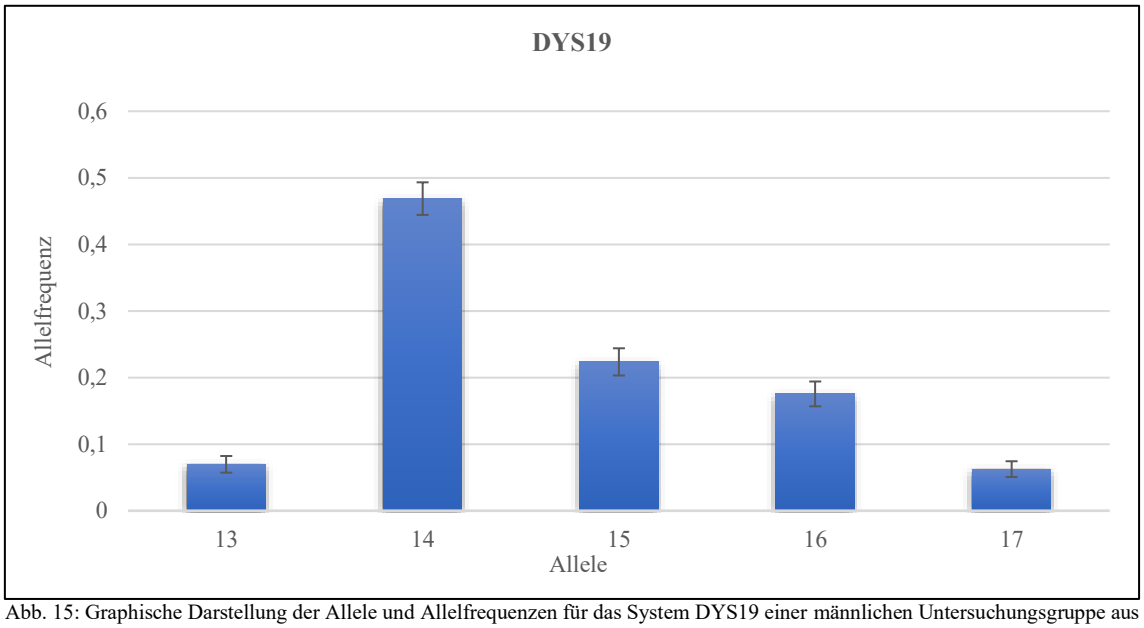

Abb. 15: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS19 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System YGATAH4

Für das System YGATAH4 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 11 aufgezeigt. Die Abbildung 16 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 11: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System YGATAH4.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
9	2	0,005	0,003
10	18	0,043	0,010
11	142	0,341	0,023
12	214	0,514	0,024
13	39	0,093	0,014
14	1	0,002	0,002
Summe	416	***GD 0,610***	***PD 0,608***

Von 8 möglichen Allelen können in 416 Proben 6 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 12 weist mit einem Anteil von 51,4 Prozent die höchste und das Allel 14 mit einem Anteil von 0,2 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die in der Leiter enthaltenen Allele 8 und 15 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,608. Die Gendiversität beträgt 0,610.

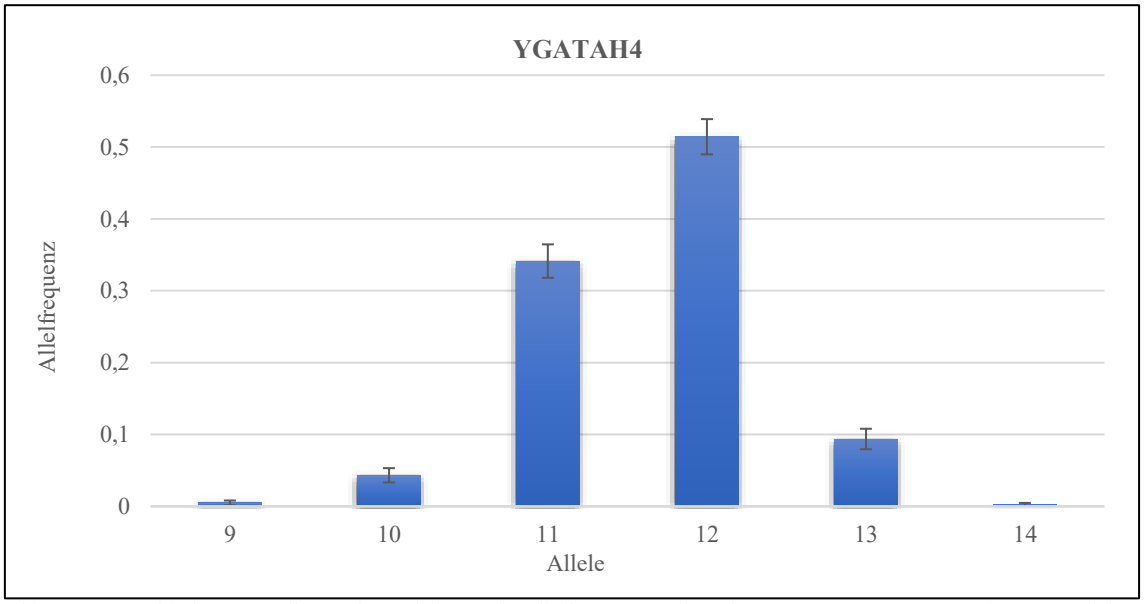

Abb. 16: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System YGATAH4 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS448

Für das System DYS448 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 12 aufgezeigt. Die Abbildung 17 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 12: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS448.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
17	2	0,005	0,003
18	16	0,038	0,009
19	166	0,399	0,024
20	204	0,490	0,025
21	25	0,060	0,012
22	1	0,002	0,002
23	1	0,002	0,002
24	1	0,002	0,002
Summe	416	***GD 0,597***	***PD 0,595***

Von 11 möglichen Allelen können in 416 Proben 8 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 20 weist mit einem Anteil von 49 Prozent die höchste und die Allele 22, 23 und 24 mit einem Anteil von 0,2 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die in der Leiter enthaltenen Allele 14, 15 und 16 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,595. Die Gendiversität beträgt 0,597.

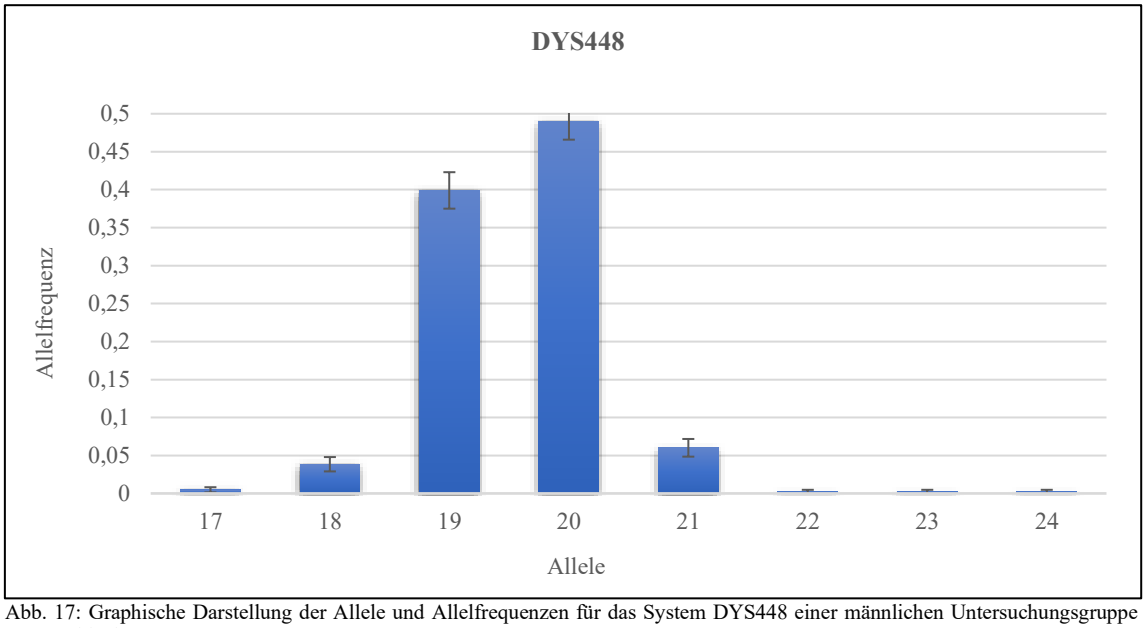

Abb. 17: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS448 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS391

Für das System DYS391 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 13 aufgezeigt. Die Abbildung 18 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 13: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS391.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
9	5	0,012	0,005
10	228	0,548	0,024
11	171	0,411	0,024
12	12	0,029	0,008
Summe	416	***GD 0,531***	***PD 0,530***

Von 12 möglichen Allelen können in 416 Proben 4 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 10 weist mit einem Anteil von 54,8 Prozent die höchste und das Allel 9 mit einem Anteil von 1,2 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die in der Leiter enthaltenen Allele 5, 6, 7, 8, 13, 14, 15, und 16 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,530. Die Gendiversität beträgt 0,531.

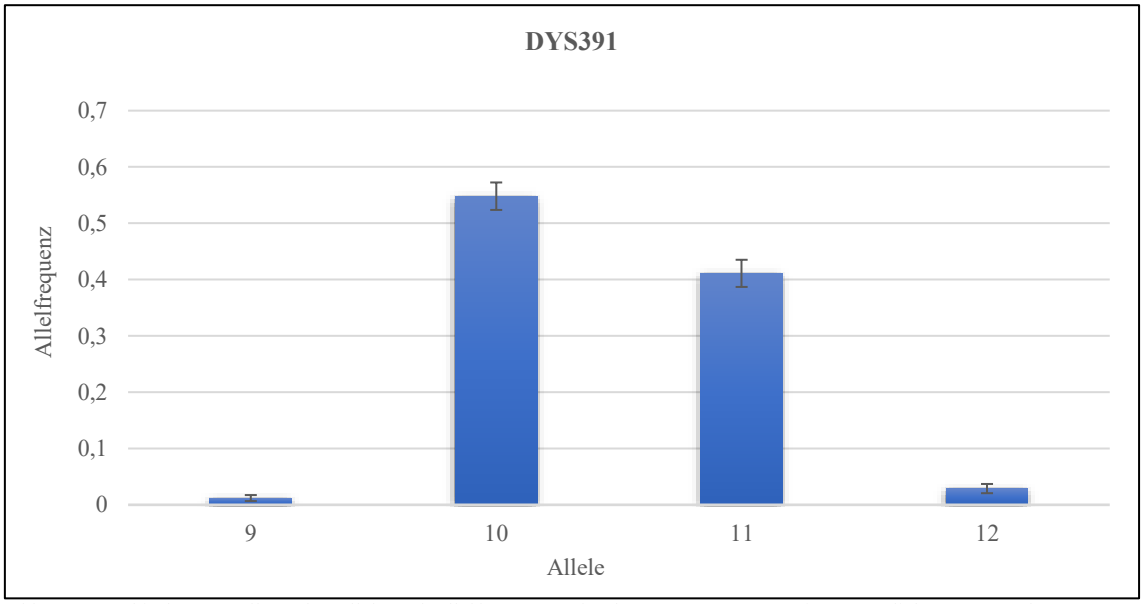

Abb. 18: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS391 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS456

Für das System DYS456 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 14 aufgezeigt. Die Abbildung 19 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 14: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS456.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
12	3	0,007	0,004
13	17	0,041	0,010
14	67	0,161	0,018
15	137	0,329	0,023
16	137	0,329	0,023
17	49	0,118	0,016
18	6	0,014	0,006
Summe	416	***GD 0,743***	***PD 0,741***

Von 15 möglichen Allelen können in 416 Proben 7 Allele nachgewiesen werden. Die Allele 15 und 16 weisen mit einem Anteil von 32,9 Prozent die höchste und das Allel 12 mit einem Anteil von 0,7 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die in der Leiter enthaltenen Allele 10, 11, 19, 20, 21, 22, 23, und 24 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,741. Die Gendiversität beträgt 0,743.

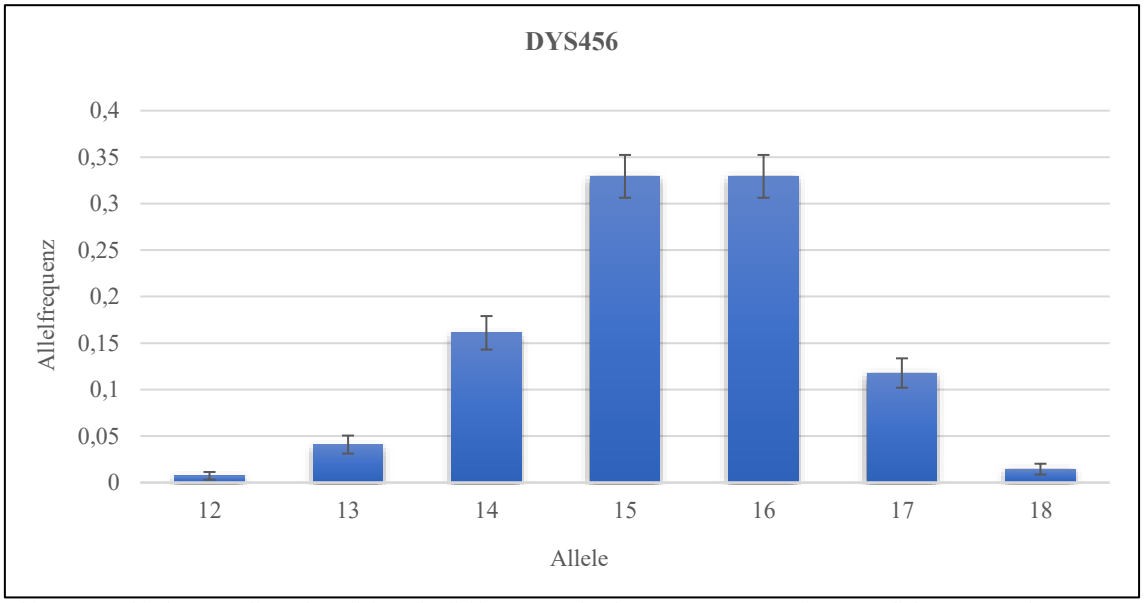

Abb. 19: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS456 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS390

Für das System DYS390 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 15 aufgezeigt. Die Abbildung 20 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 15: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS390.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
21	2	0,005	0,003
22	52	0,125	0,016
23	109	0,262	0,022
24	131	0,315	0,023
25	111	0,267	0,022
26	9	0,022	0,007
27	2	0,005	0,003
Summe	416	***GD 0,747***	***PD 0,745***

Von 13 möglichen Allelen konnten in 416 Proben 7 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 24 weist mit einem Anteil von 31,5 Prozent die höchste und die Allele 21 und 27 mit einem Anteil von 0,5 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die in der Leiter enthaltenen Allele 17, 18, 19, 20, 28 und 29 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,745. Die Gendiversität beträgt 0,747.

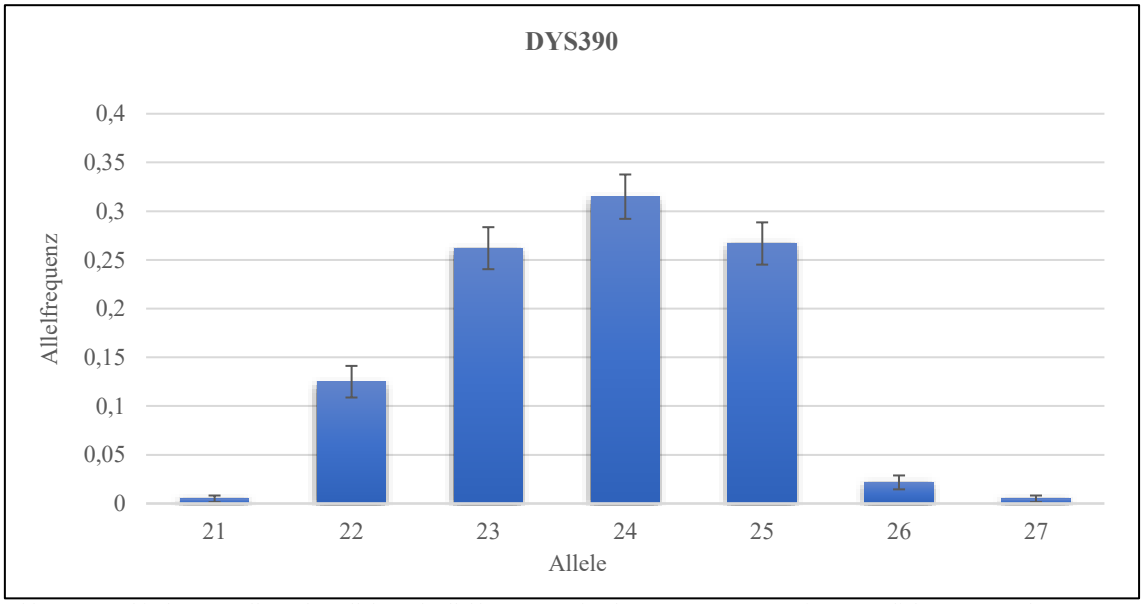

Abb. 20: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS390 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS438

Für das System DYS438 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 16 aufgezeigt. Die Abbildung 21 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 16: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS438.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
8	2	0,005	0,003
9	15	0,036	0,009
10	125	0,300	0,022
11	112	0,269	0,022
12	153	0,368	0,024
13	9	0,022	0,007
Summe	416	***GD 0,702***	***PD 0,700***

Von 11 möglichen Allelen können in 416 Proben 6 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 12 weist mit einem Anteil von 36,8 Prozent die höchste und das Allel 8 mit einem Anteil von 0,5 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die in der Leiter enthaltenen Allele 6, 7, 14, 15 und 16 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,700. Die Gendiversität beträgt 0,702.

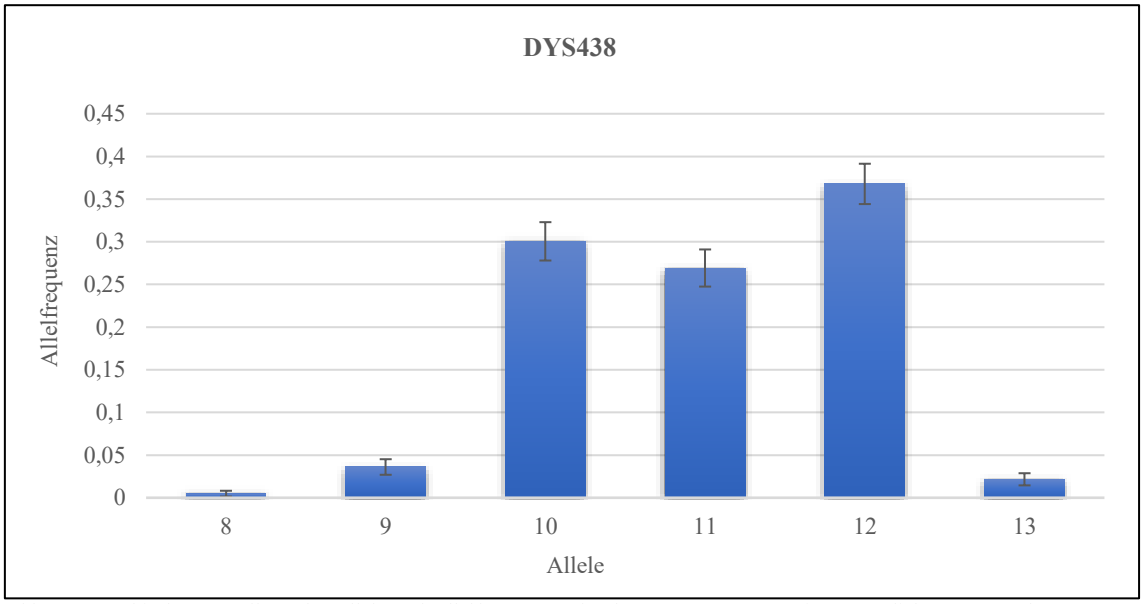

Abb. 21: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS438 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS392

Für das System DYS392 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 17 aufgezeigt. Die Abbildung 22 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 17: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS392.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
6	1	0,002	0,002
11	229	0,552	0,024
12	19	0,046	0,010
13	141	0,340	0,023
14	22	0,053	0,011
15	3	0,007	0,004
Summe	415	***GD 0,577***	***PD 0,575***

Von 17 möglichen Allelen können in 416 Proben 6 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 11 weist mit einem Anteil von 55,2 Prozent die höchste und das Allel 6 mit einem Anteil von 0,2 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die in der Leiter enthaltenen Allele 4, 5, 7, 8, 9, 10, 16, 17, 18, 19 und 20 werden nicht nachgewiesen. In diesem System wurde zusätzlich ein Nullallel detektiert, sodass die Summe der gefunden Allele 415 ergibt. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,575. Die Gendiversität beträgt 0,577.

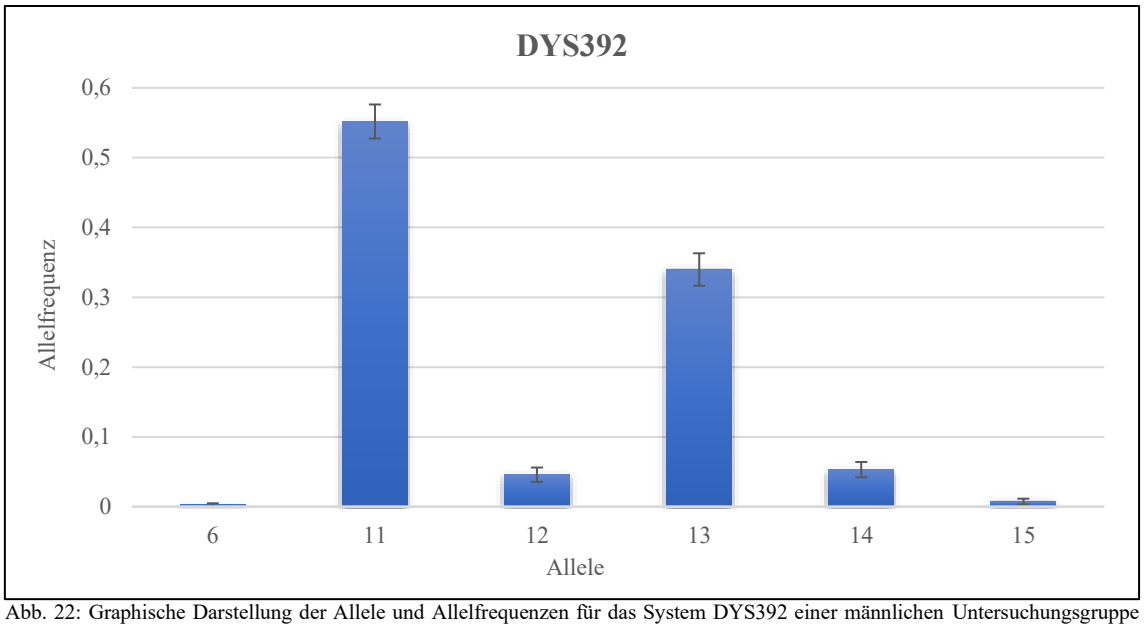

Abb. 22: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS392 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS518

Für das System DYS518 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 18 aufgezeigt. Die Abbildung 23 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 18: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS518.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
35	7	0,017	0,006
36	27	0,065	0,012
37	54	0,130	0,016
38	93	0,224	0,020
39	74	0,178	0,019
40	60	0,144	0,017
41	47	0,113	0,016
42	24	0,058	0,011
43	15	0,036	0,009
44	7	0,017	0,006
45	8	0,019	0,007
Summe	416	***GD 0,860***	***PD 0,858***

Von 18 möglichen Allelen können in 416 Proben 11 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 38 weist mit einem Anteil von 22,4 Prozent die höchste und die Allele 35 und 44 mit einem Anteil von 1,7 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die in der Leiter enthaltenen Allele 32, 33, 34, 46, 47, 48 und 49 werden nicht nachgewiesen. Der PD beträgt für dieses System 0,858. Die GD beträgt 0,860.

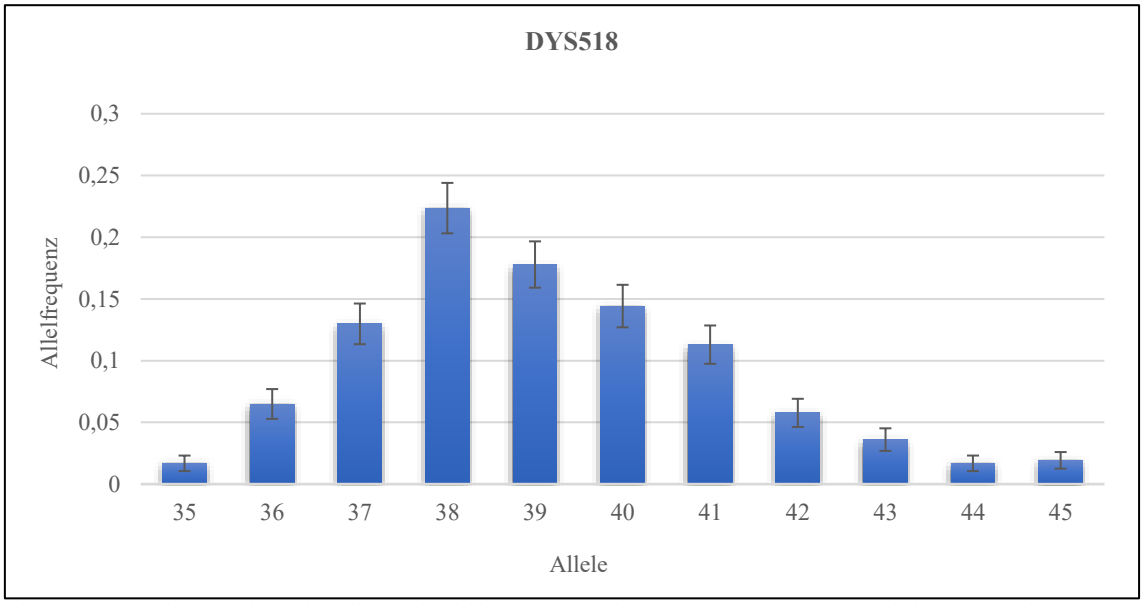

Abb. 23: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS518 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS570

Für das System DYS570 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 19 aufgezeigt. Die Abbildung 24 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 19: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS570.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
12	1	0,002	0,002
14	1	0,002	0,002
15	4	0,010	0,005
16	37	0,089	0,014
17	103	0,248	0,021
18	101	0,243	0,021
19	95	0,228	0,021
20	50	0,120	0,016
21	16	0,038	0,009
22	5	0,012	0,005
23	2	0,005	0,003
27	1	0,002	0,002
Summe	416	***GD 0,805***	***PD 0,803***

Von 16 möglichen Allelen können in 416 Proben 11 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 17 weist mit einem Anteil von 24,8 Prozent die höchste und die Allele 12 und 14 mit einem Anteil von 0,2 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Zusätzlich zeigt sich ein sehr seltenes Allel außerhalb der gegebenen Leiter, das als Allel 27 detektiert wird. Auch dieses Allel weist mit einem Anteil von 0,2 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die in der Leiter enthaltenen Allele 10, 11, 13, 24, 25 und 26 können nicht

nachgewiesen werden. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,803. Die Gendiversität beträgt 0,805.

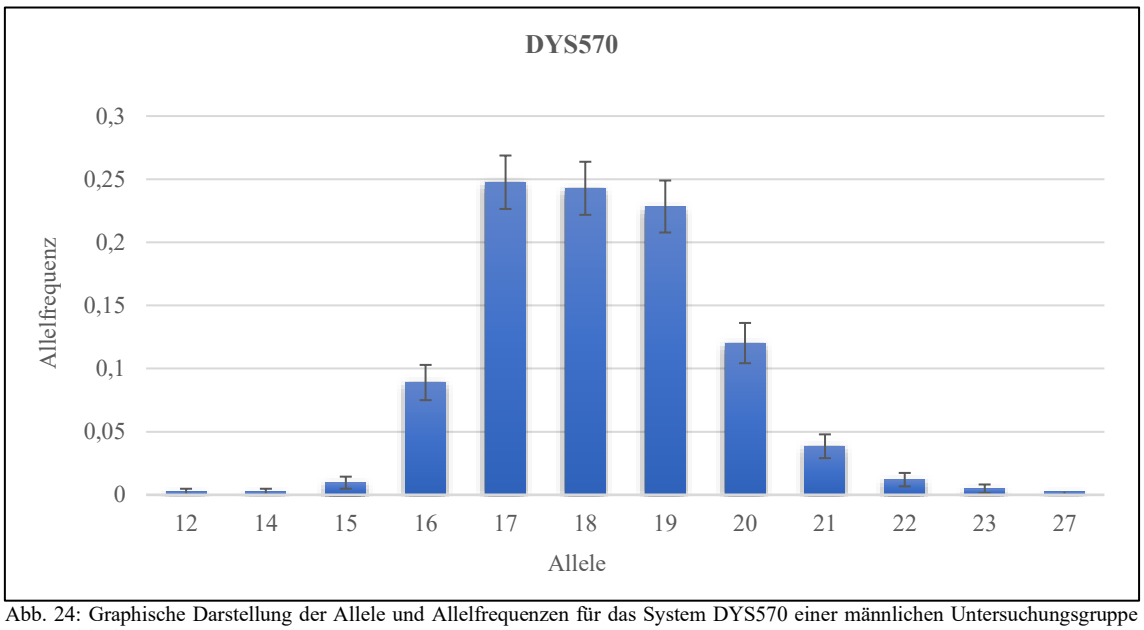

Abb. 24: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS570 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS437

Für das System DYS437 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 20 aufgezeigt. Die Abbildung 25 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 20: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS437.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
14	174	0,418	0,024
15	166	0,399	0,024
16	74	0,178	0,019
17	2	0,005	0,003
Summe	416	***GD 0,636***	***PD 0,634***

Von 9 möglichen Allelen können in 416 Proben 4 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 14 weist mit einem Anteil von 41,8 Prozent die höchste und das Allel 17 mit einem Anteil von 0,48 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die Allele 10, 11, 12, 13 und 18 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,634. Die Gendiversität beträgt 0,636.

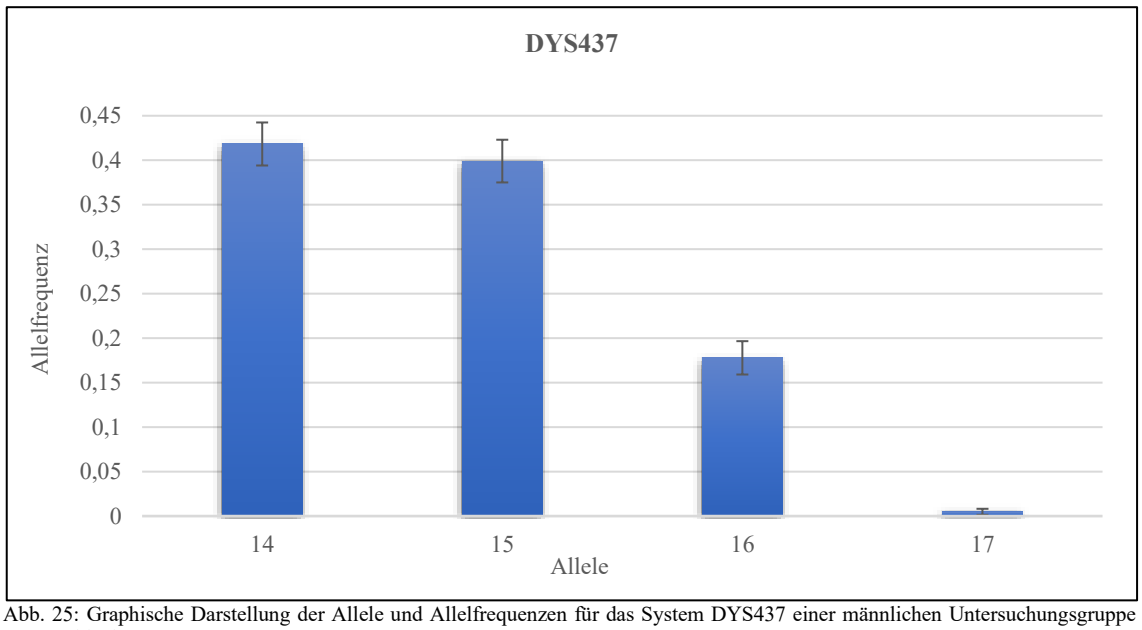

Abb. 25: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS437 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS385

Für den multi-copy Marker DYS385 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 21 aufgezeigt. Die Abbildung 26 gibt die Ergebnisse graphisch wieder. Das System DYS385 liegt auf dem Y-Chromosom invertiert dupliziert vor, so dass unter Verwendung eines einzelnen Primerpaares zwei differenzierbare Allele coamplifiziert werden.

Tab. 21: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS385.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
9,15	1	0,002	0,002
9,17	1	0,002	0,002
10,14	22	0,053	0,011
10,15	3	0,007	0,004
10,16	1	0,002	0,002
10,17	1	0,002	0,002
11,11	10	0,024	0,008
11,12	2	0,005	0,003
11,13	16	0,038	0,009
11,14	162	0,389	0,024
11.2,14	1	0,002	0,002
11,15	38	0,091	0,014
11,16	1	0,002	0,002
11,17	1	0,002	0,002
12,12	2	0,005	0,003
12,13	1	0,002	0,002
12,14	17	0,041	0,01
12,15	7	0,017	0,006
13,13	8	0,019	0,007
13,14	33	0,079	0,013
13,15	6	0,014	0,006
13,16	6	0,014	0,006
13,17	5	0,012	0,005
14,14	9	0,022	0,007
14,15	14	0,034	0,009
14,16	7	0,017	0,006
14,17	1	0,002	0,002
14,21	1	0,002	0,002
15,15	9	0,022	0,007
15,16	5	0,012	0,005
15,17	1	0,002	0,002
15,18	1	0,002	0,002
15,20	1	0,002	0,002
16,16	5	0,012	0,005
16,17	4	0,01	0,005
16,18	7	0,017	0,006
16,19	2	0,005	0,003
17,18	2	0,005	0,003
17,21	1	0,002	0,002
18,18	1	0,002	0,002
Summe	416	***GD 0,825***	***PD 0,823***

Von 23 möglichen kombinierbaren Allelen können in 416 Proben 40 Kombinationen ermittelt werden, wobei die Allelkombination 11.2,14 als sehr seltene Variation detektiert wurde. Das Y-STR-System DYS385 spiegelt die größte Variabilität der Allele wider. Mit 38,9 Prozent bildet die Allelkombination 11,14 den größten Anteil der Stichprobe, während die Allelkombinationen 9,15, 9,17, 10,16, 10,17, 11.2,14, 11,16, 11,17, 12,13, 14,17, 14,21, 15,17, 15,18, 15,20, 17,21 und 18,18 mit 0,2 Prozent den geringsten Anteil aufweisen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,823. Die Gendiversität beträgt 0,825.

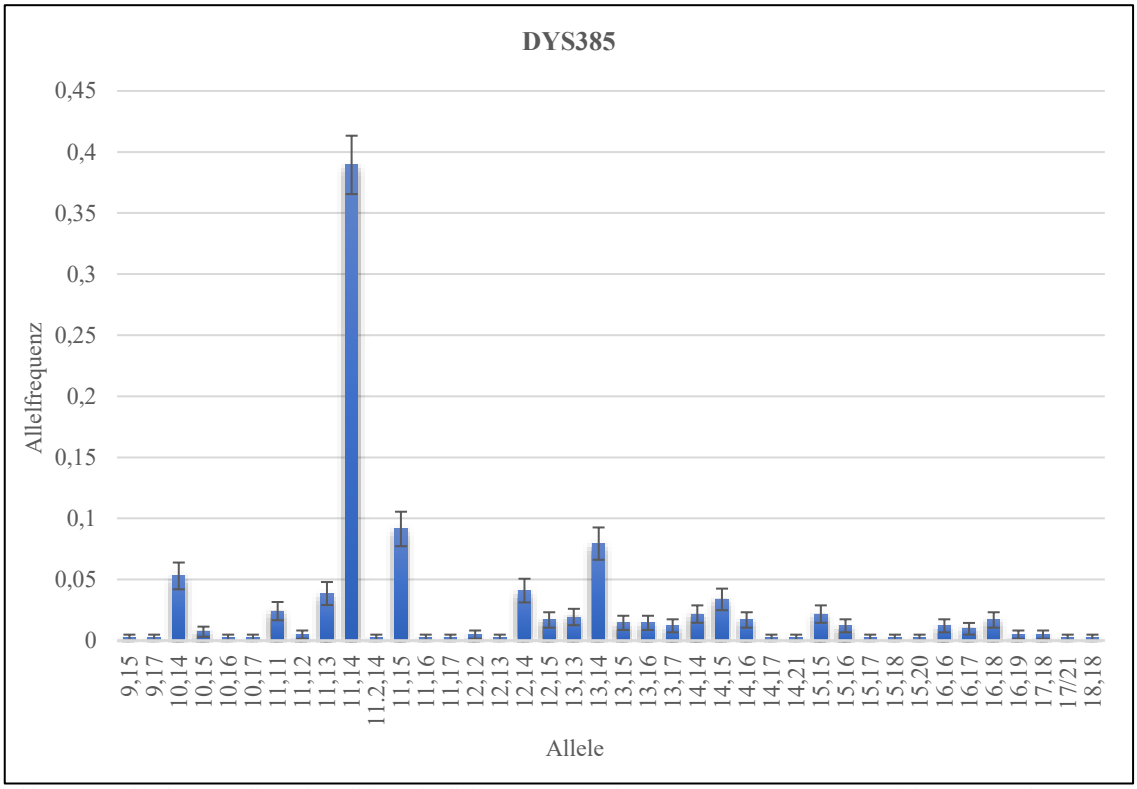

Abb. 26: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS385 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS449

Für das System DYS449 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 22 aufgezeigt. Die Abbildung 27 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 22: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS449.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
25	1	0,002	0,002
26	5	0,012	0,005
27	15	0,036	0,009
28	65	0,156	0,018
29	92	0,221	0,020
30	68	0,163	0,018
31	59	0,142	0,017
32	59	0,142	0,017
33	35	0,084	0,014
34	11	0,026	0,008
35	4	0,01	0,005
36	1	0,002	0,002
38	1	0,002	0,002
Summe	416	***GD 0,850***	***PD 0,850***

Von 19 möglichen Allelen können in 416 Proben 13 Allele nachgewiesen werden. In dieser Untersuchungsgruppe weisen die Allele 25, 36 und 38 mit einem Anteil von 0,2

Prozent die geringste und das Allel 29 mit einem Anteil von 22,1 Prozent die höchste Allelfrequenz auf. Die Allele 22, 23, 24, 37, 39 und 40 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,850. Die Gendiversität beträgt 0,850.

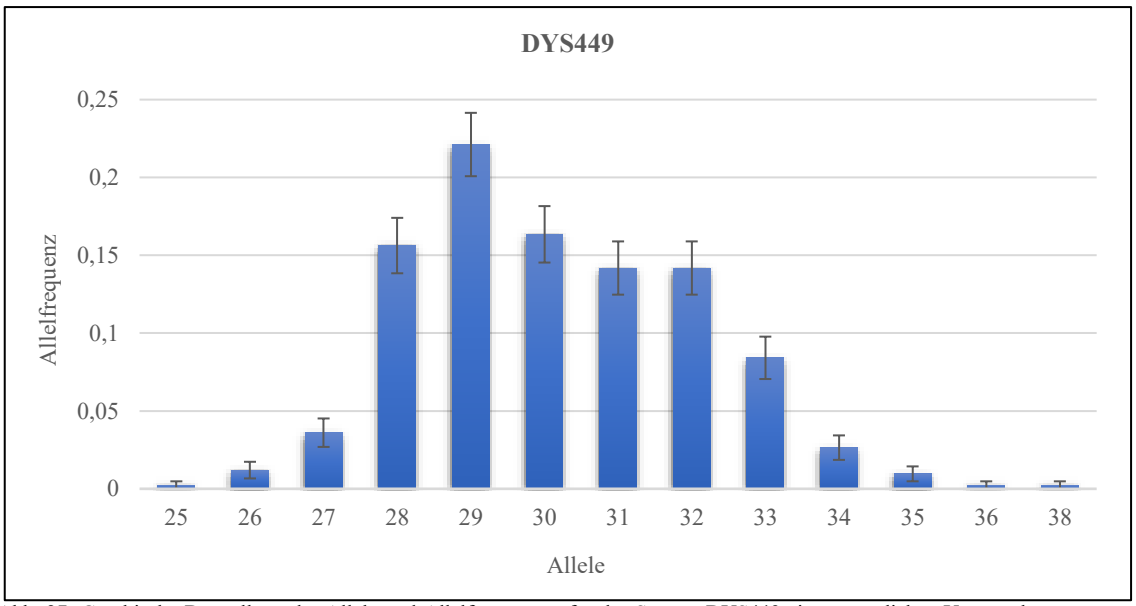

Abb. 27: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS449 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS393

Für das System DYS393 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 23 aufgezeigt. Die Abbildung 28 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 23: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS393.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
12	29	0,070	0,012
13	340	0,817	0,019
14	44	0,106	0,015
15	3	0,007	0,004
Summe	416	***GD 0,317***	***PD 0,316***

Von 12 möglichen Allelen können in 416 Proben 4 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 13 weist mit einem Anteil von 81,7 Prozent die höchste und das Allel 15 mit einem Anteil von 0,7 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Die Allele 7, 8, 9, 10, 11, 16, 17 und 18 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,316. Die Gendiversität beträgt 0,317.

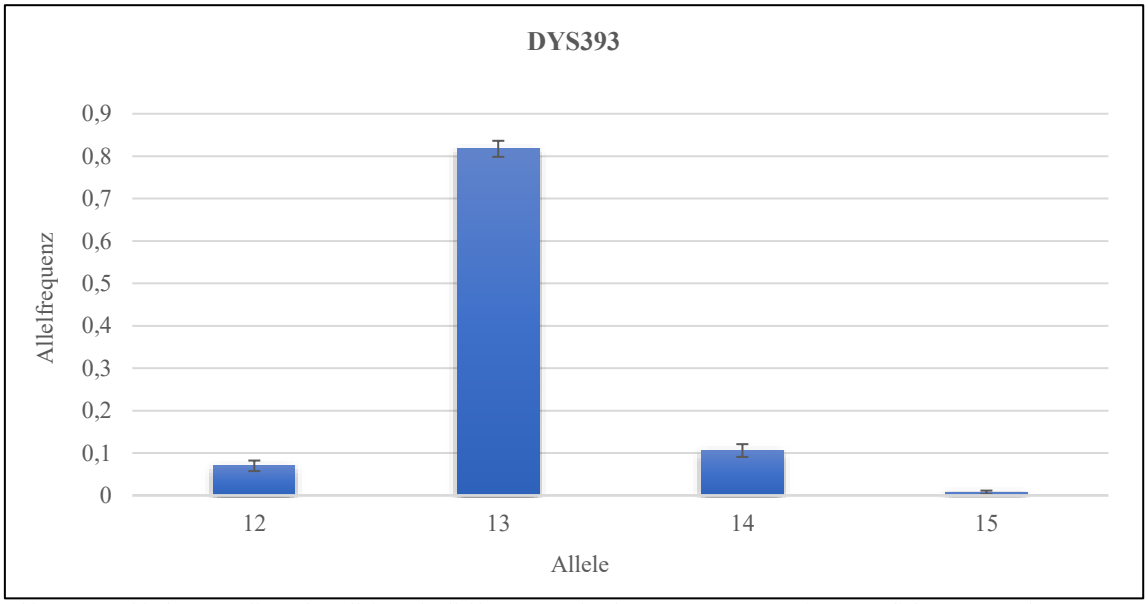

Abb. 28: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS393 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS 439

Für das System DYS439 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 24 aufgezeigt. Die Abbildung 29 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 24: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS439.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
8	1	0,002	0,002
10	63	0,151	0,018
11	172	0,413	0,024
12	143	0,344	0,023
12/13	1	0,002	0,002
13	31	0,075	0,013
14	5	0,012	0,005
Summe	416	***GD 0,684***	***PD 0,682***

Von 12 möglichen Allelen können in 416 Proben 6 Allele nachgewiesen werden. Zusätzlich zeigte sich eine sehr seltene heterozygote Allelkombination, die als Allelkombination 12/13 detektiert wurde. In dieser Untersuchungsgruppe weisen das Allel 8 und die Allelkombination 12/13 mit einem Anteil von 0,2 Prozent die geringste und das Allel 11 mit einem Anteil von 41,3 Prozent die höchste Allelfrequenz auf. Die Allele 6, 7, 9, 15, 16 und 17 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,682. Die Gendiversität beträgt 0,684.

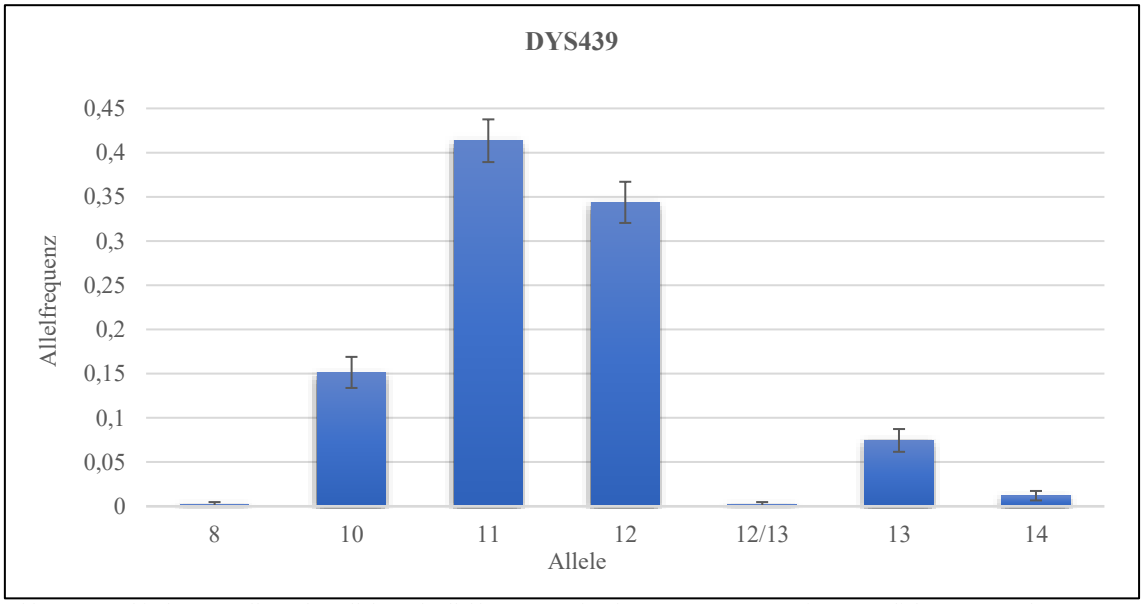

Abb. 29: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS439 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS481

Für das System DYS481 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 25 aufgezeigt. Die Abbildung 30 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 25: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS481.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
19	1	0,002	0,002
20	1	0,002	0,002
21	9	0,022	0,007
22	28	0,067	0,012
23	125	0,300	0,022
24	85	0,204	0,020
25	30	0,072	0,013
26	82	0,197	0,020
27	28	0,067	0,012
28	12	0,029	0,008
29	3	0,007	0,004
30	4	0,010	0,005
31	3	0,007	0,004
32	4	0,010	0,005
33	1	0,002	0,002
Summe	416	***GD 0,813***	***PD 0,813***

Von 17 möglichen Allelen können in 416 Proben 15 Allele nachgewiesen werden. Das Allel 23 weist mit einem Anteil von 30 Prozent die höchste und die Allele 19 und 20 mit einem Anteil von 0,2 Prozent die niedrigste Allelfrequenz auf. Des Weiteren konnte ein Allel außerhalb der gegebenen Leiter nachgewiesen werden, das als Allel 33

detektiert wurde und ebenfalls eine Allelfrequenz von 0,2 Prozent zeigt. Die Allele 17 und 18 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,813. Die Gendiversität beträgt 0,813.

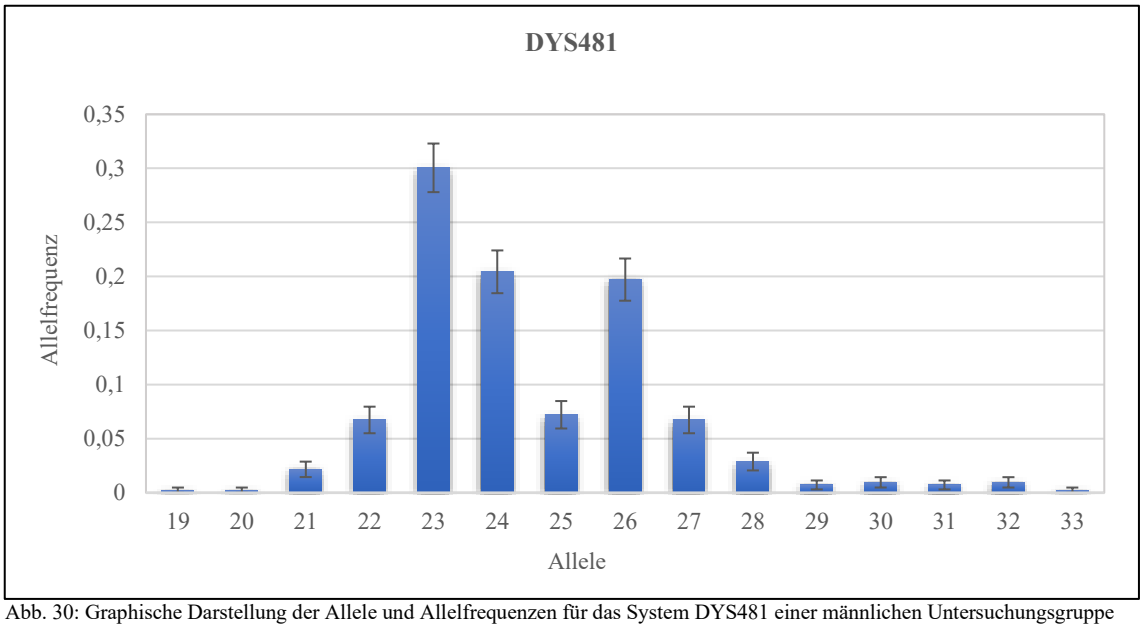

Abb. 30: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS481 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYF387S1

Für den multi-copy Marker DYF387S1 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 26 aufgezeigt. Die Abbildung 31 gibt die Ergebnisse graphisch wieder. Das System DYF387S1 liegt dupliziert vor, so dass unter Verwendung eines einzelnen Primerpaares zwei DNA-Fragmente koamplifiziert werden (Butler et al., 2005). In diesem System konnten insgesamt vier verschiedene triallelische Kombinationen detektiert werden.

Tab. 26: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYF387S1.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
33,36	2	0,005	0,003
33,38	1	0,002	0,002
33,39	1	0,002	0,002
34,35	1	0,002	0,002
34,36	3	0,007	0,004
34,37	1	0,002	0,002
34,38	1	0,002	0,002
35,35	21	0,051	0,011
35,36	90	0,216	0,020
35,36,38	1	0,002	0,002
35,37	23	0,055	0,011
35,38	16	0,039	0,009
35,39	1	0,002	0,002
36,36	22	0,053	0,011
36,37	18	0,043	0,010
36,37,38	3	0,007	0,004
36,38	52	0,125	0,016
36,38,39	2	0,005	0,003
36,39	8	0,019	0,007
36,40	2	0,005	0,003
36,40,41	1	0,002	0,002
37,37	27	0,065	0,012
37,38	41	0,099	0,015
37,39	16	0,039	0,009
37,40	2	0,005	0,003
37,41	1	0,002	0,002
38,38	23	0,055	0,011
38,39	24	0,058	0,011
38,40	2	0,005	0,003
39,39	6	0,014	0,006
39,40	2	0,005	0,003
39,41	2	0,005	0,003
Summe	416	***GD 0,904***	***PD 0,902***

Von 15 möglichen kombinierbaren Allelen können in 416 Proben 32 Kombinationen ermittelt werden, wobei die triallelischen Kombinationen 35,36,38, 36,37,38, 36,38,39 und 36,40,41 als sehr seltene Variationen nachgewiesen wurden. Mit 21,9 Prozent bildet die Allelkombination 35,36 den größten Anteil der Stichprobe, während die Allelkombinationen 33,38, 33,39, 34,35, 34,37, 34,38, 35,36,38 (Abb. 31), 35,39, 36,40,41 und 37,41 mit 0,2 Prozent den geringsten Anteil aufweisen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,902. Die Gendiversität beträgt 0,904.

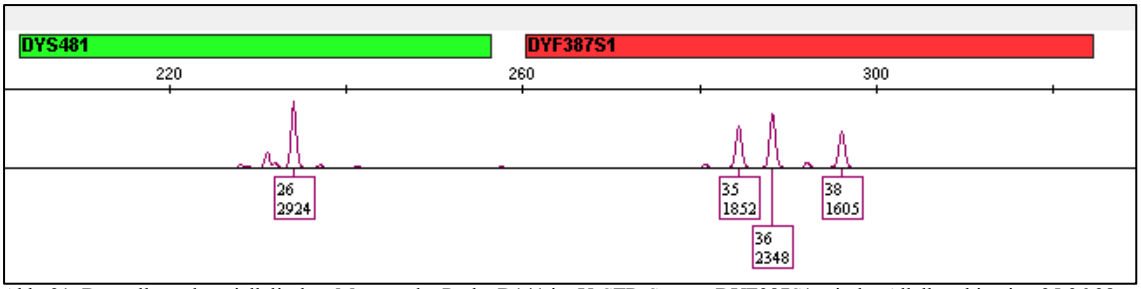

Abb. 31: Darstellung des triallelischen Musters der Probe D141 im Y-STR-System DYF387S1 mit der Allelkombination 35,36,38

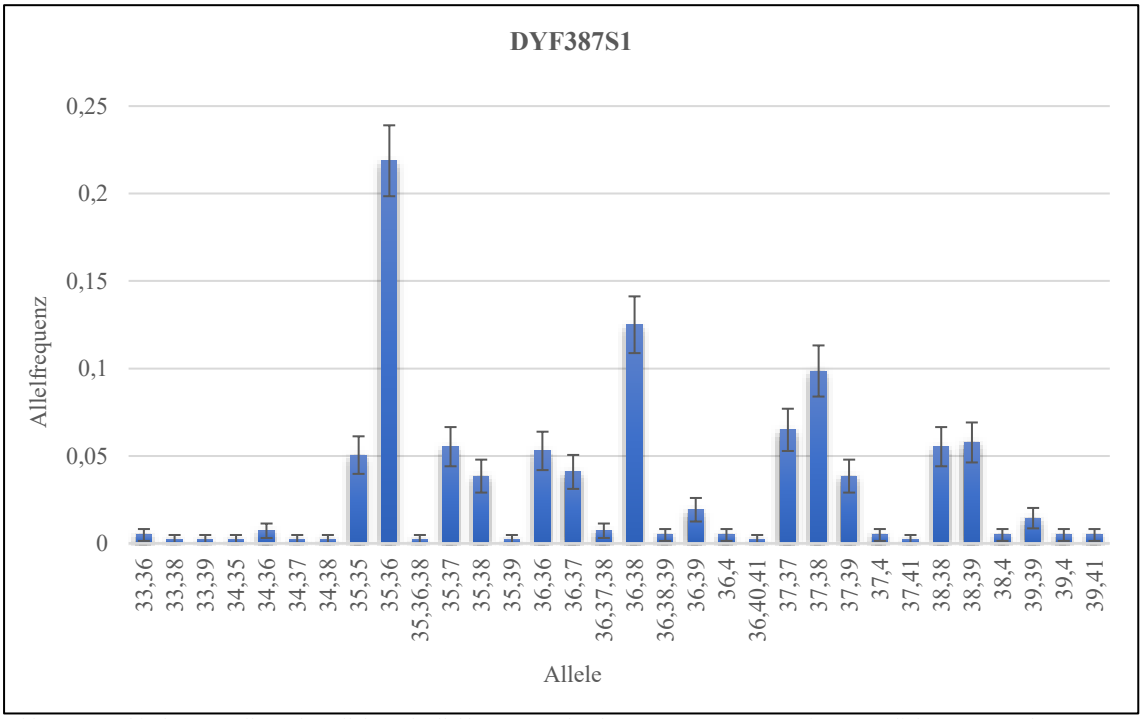

Abb. 32: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYF387S1 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Y-STR-System DYS533

Für das System DYS533 sind die ermittelten Allelhäufigkeiten und -frequenzen zusammen mit den Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex in der Tabelle 27 aufgezeigt. Die Abbildung 32 gibt die Ergebnisse graphisch wieder.

Tab. 27: Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS533.

Allele	Allelhäufigkeit	Allelfrequenz (f)	Standardfehler (SE)
9	8	0,019	0,007
10	7	0,017	0,006
11	91	0,219	0,020
12	264	0,635	0,024
12.1	1	0,002	0,002
13	42	0,101	0,015
14	3	0,007	0,004
Summe	416	***GD 0,540***	***PD 0,539***

Von 11 möglichen Allelen können in 416 Proben 6 Allele nachgewiesen werden. Zusätzlich tritt 1 weiteres, sehr seltenes Allel auf, das als Allel 12.1 detektiert werden konnte. In dieser Untersuchungsgruppe weist das Allel 12.1 mit einem Anteil von 0,2 Prozent die geringste und das Allel 12 mit einem Anteil von 63,5 Prozent die höchste Allelfrequenz auf. Die Allele 7, 8, 15, 16 und 17 werden nicht nachgewiesen. Der Diskriminationsindex beträgt für dieses System 0,539. Die Gendiversität beträgt 0,540.

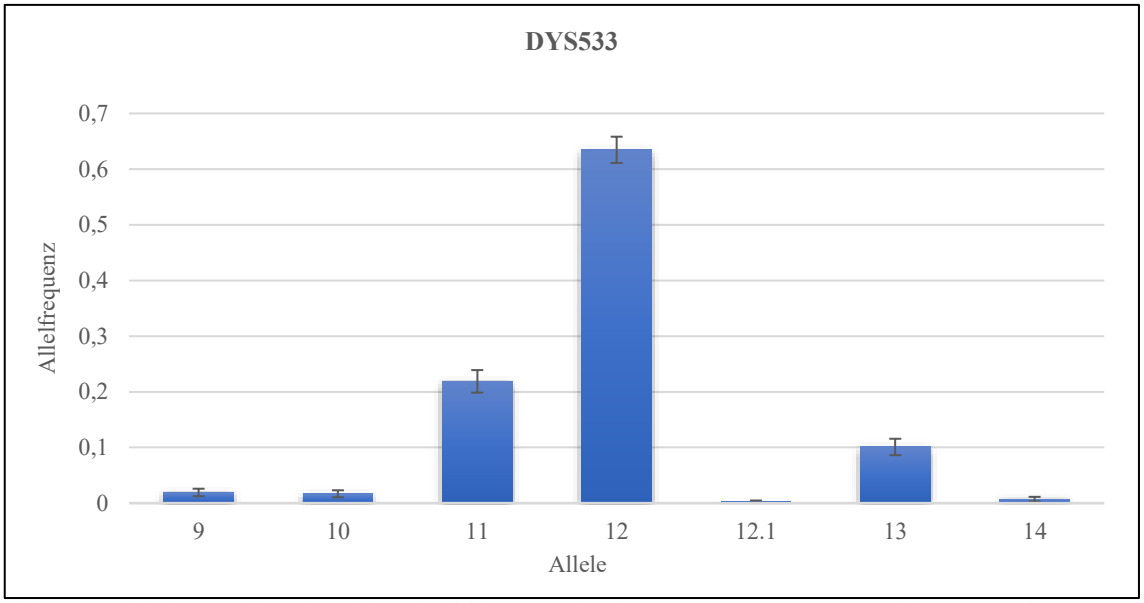

Abb. 33: Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS533 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern.

Zusammenfassend wurde im System DYS385 die größte Variabilität verschiedener Allele beobachtet, während in den Systemen DYS389I, DYS391 und DYS393 die geringste Variabilität mit 4 unterschiedlichen Allelen ermittelt wurde. Die entsprechenden Allelfrequenzen aller 27 Y-chromosomalen STR-Loci des Yfiler® Plus PCR-Amplification Kit wurden in der Tabelle 28 zusammengefasst.

Tab. 28: Allelfrequenzen einer Bevölkerungsstichprobe aus Mecklenburg-Vorpommern (n = 416) für 27 Y-STR-Systeme

RM-Y-STR-Systeme

Allele	DYS19	DYS389I	DYS389II	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS437	DYS438	DYS439	DYS448	DYS456	DYS458	DYS460	DYS481	DYS533	DYS635	YGATA H4	Genotyp	DYS385	DYS449	DYS518	DYS570	DYS576	DYS627	Genotyp	DYF387 S1
6						0,0024													9/15	0,0024						33/36	0,00481
8									0,00481	0,0024				0,0024					9/17	0,0024						33/38	0,0024
9					0,01202				0,03606					0,03846		0,01923		0,00481	10/14	0,05288						33/39	0,0024
10					0,54808				0,30048	0,15144				0,32933		0,01683		0,04327	10/15	0,00721						34/35	0,0024
11					0,41106	0,55181			0,26923	0,41346			0,0024	0,5649		0,21875		0,34135	10/16	0,0024						34/36	0,00721
12		0,21635			0,02885	0,04578	0,06971		0,36779	0,34375		0,00721		0,0649		0,63462		0,51442	10/17	0,0024			0,0024			34/37	0,0024
12.1																0,0024			11/11	0,02404						34/38	0,0024
12/13										0,0024									11/12	0,00481						35/35	0,05048
13	0,0697	0,66106				0,33976	0,81731		0,02164	0,07452		0,04087	0,00481			0,10096		0,09375	11/13	0,03846						35/36	0,21875
14	0,4688	0,11779				0,05301	0,10577	0,41827		0,01202		0,16106	0,03606			0,00721		0,0024	11/14	0,38942			0,0024	0,01202	0,0024	35/36/38	0,0024
15	0,2236	0,00481				0,00723	0,00721	0,39903				0,32933	0,24038						11.2/14	0,0024			0,00962	0,04808	0,00481	35/37	0,05529
16	0,1755							0,17789				0,32933	0,26923						11/15	0,09136			0,8894	0,14904	0,1274	35/38	0,03846
16.2													0,0024						11/16	0,0024						35/39	0,0024
17	0,0625							0,00481			0,00481	0,11779	0,274						11/17	0,0024			0,2476	0,3173	0,11538	36/36	0,05288
18											0,03846	0,01442	0,1274						12/12	0,00481			0,24279	0,33173	0,04087	36/37	0,04087
19											0,39904		0,02885		0,0024		0,0024		12/13	0,0024			0,22837	0,10577	0,12019	36/37/38	0,00721
19.2													0,0024						12/14	0,04087						36/38	0,125
20													0,00721		0,0024		0,02644		12/15	0,01683			0,12019	0,03125	0,16827	36/38/39	0,00481
20.2													0,0024						13/13	0,01923						36/39	0,01923
21				0,00481									0,0024		0,2163		0,14904		13/14	0,07933			0,03846	0,0024	0,11779	36/40	0,00481
21.1																			13/15	0,01442					0,00481	36/40/41	0,0024
22				0,125											0,06731		0,10817		13/16	0,01442			0,1202	0,0024	0,17308	37/37	0,0649
23				0,26202											0,30048		0,59375		13/17	0,01202			0,00481		0,09856	37/38	0,09856
24				0,3149											0,20433		0,09135		14/14	0,02163					0,01442	37/39	0,03846
25				0,26683											0,07212		0,02644		14/15	0,03365	0,0024				0,00962	37/40	0,00481
26			0,0024	0,02163											0,19712		0,0024		14/16	0,01683	0,01202				0,0024	37/41	0,0024

27			0,00721	0,00481											0,06731				14/17	0,0024	0,03606		0,0024			38/38	0,05529
28			0,17308												0,02885				14/21	0,0024	0,15625					38/39	0,05769
29			0,40144												0,00721				15/15	0,02163	0,22115					38/40	0,00481
30			0,28606												0,00962				15/16	0,01202	0,16346					39/39	0,01442
31			0,09615												0,00721				15/17	0,0024	0,14183					39/40	0,00481
32			0,03365												0,00962				15/18	0,0024	0,14183					39/41	0,00481
33															0,0024				15/20	0,0024	0,08413						
34																			16/16	0,01202	0,02644						
35																			16/17	0,00962	0,00962	0,01683					
36																			16/18	0,01683	0,0024	0,0649					
37																			16/19	0,00481		0,12981					
38																			17/18	0,00481	0,0024	0,22356					
39																			17/21	0,0024		0,17788					
40																			18/18	0,0024		0,14423					
41																						0,11298					
42																						0,05769					
43																						0,03606					
44																						0,01683					
45																						0,01923					

4.2 Überblick über die Verteilung der Gendiversität der einzelnen Yfiler® Plus Marker

Das nachfolgende Diagramm (Abb. 34) fasst die Gendiversitäten der einzelnen Marker zusammen und zeigt deren allelische Vielfalt.

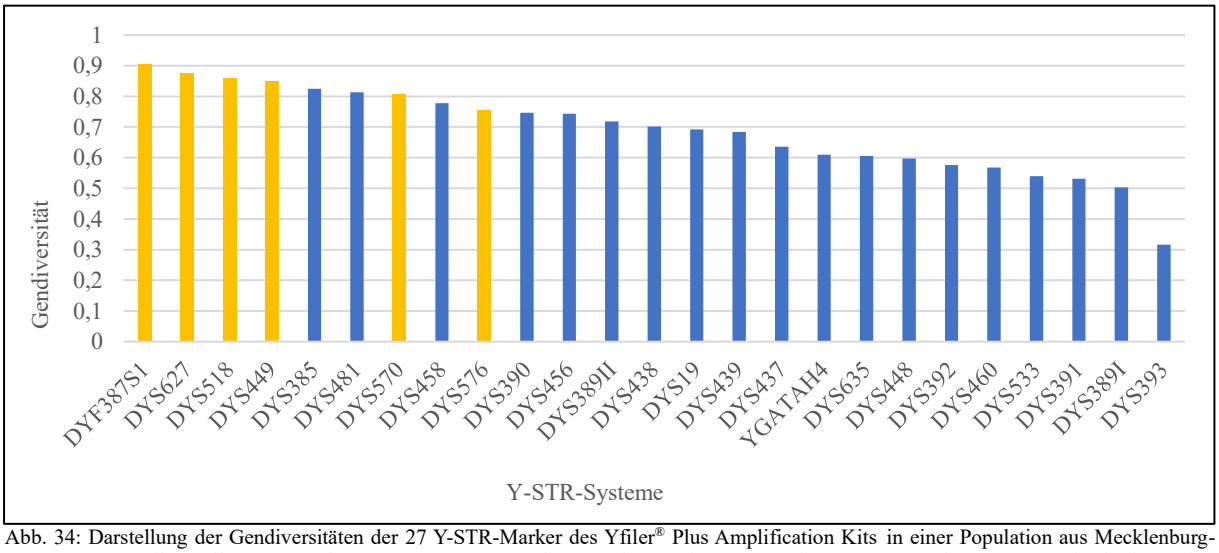

Abb. 34: Darstellung der Gendiversitäten der 27 Y-STR-Marker des Yfiler® Plus Amplification Kits in einer Population aus Mecklenburg-Vorpommern (gelbe Balken entsprechen RM-Y-STRs). Für die Berechnung der GD wurden DYS385 und DYF387S1 als single-marker verwendet.

Die Gendiversität variierte von 0,3 für das System DYS393 bis 0,9 für das System DYF387S1. Wie erwartet wurde eine signifikant höhere Gendiversität (GD) bei den RM-Y-STRs (DYF387S1, DYS627, DYS518, DYS449, DYS570, DYS576), hier farblich gelb hinterlegt, festgestellt, um eine bessere Individualisierung innerhalb einer paternalen Linie zu erreichen. Von den übrigen Y-STR-Systemen zeigen nur die Systeme DYS385, DYS481, DYS458 und DYS390 ähnlich hohe Gendiversitäten. Dabei zeigt der multi-copy locus DYS385 die höchste Gendiversität aller übrigen Y-STR-Systeme des Yfiler® Plus Kits.

4.3 Mutationsstudien

In dieser Studie wurden insgesamt 48 Vater-Sohn-Paare untersucht, bei denen die Vaterschaft nach ESSEN-MÖLLER mit 99,90% als praktisch erwiesen gilt. Bei 1296 Alleltransfers konnten 7 Allelabweichungen zwischen Vätern und Söhnen festgestellt werden, die sich ausschließlich auf Ein-Schritt-Mutationen zurückführen lassen. Dabei handelt es sich entweder um einen Gewinn oder den Verlust einer Wiederholungssequenz (Tabelle 30). Alle Allelabweichungen wurden erneut mit dem Yfiler® Plus Amplification Kit bzw. mit dem PowerPlex® Y23 Kit bestätigt. In den Systemen DYS627, DYS458, DYS391, DYS570, DYS385 und DYS439 wurde jeweils eine Mutation festgestellt, während sich im System DYS391 zwei Mutationen nachweisen ließen. In der Tabelle 29 sind die festgestellten

Allelabweichungen mit Darstellung der Mutationen in 27 Y-STR-Systemen zwischen den Vätern und Söhnen von 48 Vater-Sohn-Paaren dargestellt

Tab. 29: Darstellung der Mutationen in 27 Y-STR-Systemen zwischen den Vätern und Söhnen von 48 Vater-Sohn-Paaren.

System	Probennummer	Allel Vater	Allel Sohn	Gewinn/Verlust
DYS627	29	23	22	**-1**
DYS458	24	19	18	**-1**
DYS391	16	12	11	**-1**
DYS391	19	12	11	**-1**
DYS570	23	20	19	**-1**
DYS385	42	14	15	**1**
DYS439	46	12	11	**-1**

In sechs von sieben Mutationen wurde der Verlust einer Wiederholungseinheit beobachtet. Im System DYS385 wurde der Gewinn einer Wiederholungseinheit beobachtet. Die durchschnittliche Mutationsrate aller untersuchten Systeme beträgt $5{,}4 \times 10^{-3}$ (Tabelle 30) und liegt damit im erwarteten Bereich. Im Gegensatz dazu beträgt die durchschnittliche Mutationsrate der sechs im Yfiler® Plus Kit enthaltenen schnell mutierenden Y-STR-Marker (RM-Y-STRs) $5{,}95 \times 10^{-3}$ und liegt damit nicht im erwarteten Bereich. Jeweils eine Mutation wurde in den RM-Y-STR-Systemen DYS570 und DYS627 beobachtet.

Tab. 30: Darstellung der Mutationsraten pro System und dem Konfidenzintervall (95% CI).

Y-STR-System	Allelische Transfers	Mutationen	Mutationsrate x 10^{-3}	95% C.I. Wert 1	95% C.I. Wert 2
DYS19	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DY385	96	1	10,42	0,0003	0,0567
DYS389I	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DYS389II	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DYS390	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DYS391	48	2	41,67	0,0051	0,1425
DYS392	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DYS393	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DYS437	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DYS438	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DYS439	48	1	20,83	0,0005	0,1107
DYS448	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DYS456	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DYS458	48	1	20,83	0,0005	0,1107
DYS460	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DYS481	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DYS533	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DYS635	48	0	0,00	0,0000	0,0740
GATAH4	48	0	0,00	0,0000	0,0740
RM-Y-STR System					
DYS449	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DYS518	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DYS570	48	1	20,83	0,0005	0,1107
DYS576	48	0	0,00	0,0000	0,0740
DYS627	48	1	20,83	0,0005	0,1107
DYF387S1	96	0	0,00	0,0000	0,0377
Total	**1296**	**7**	**5,40**	**0,0022**	**0,0111**

4.4 Darstellung der genetischen Distanz zwischen ausgewählten europäischen Populationen

Die zur Bestimmung der genetischen Distanz zwischen Populationen benötigten Populationsdaten wurden von der YHRD-Referenzdatenbank bereitgestellt. Unter Verwendung des Online Tools „AMOVA and MDS“, das auf der Internetseite der YHRD-Referenzdatenbank verfügbar ist, können die Ergebnisse als multidimensionale Skalierung (MDS-Plot) visualisiert werden. Die AMOVA-Methode wird zur Untersuchung der genetischen Variabilität innerhalb von Populationen verwendet. Proben mit Nullallelen und Zwischenallelen, Diallele (Ausnahme DYS385 und DYF387S1) oder Triallele werden ausgeschlossen und gehen nicht in die Berechnung mit ein. Zur Ermittlung der genetischen Distanz zwischen Populationen werden R_{ST}-Messwerte ermittelt (Tab. 31).

Tabelle 31: R_{ST}-Werte (rot hervorgehobene Werte definieren nicht-signifikante RST-Werte) für alle Bevölkerungspaare unterhalb der Diagonale mit den korrespondierenden p-Werten (Signifikanzlevel <0,05, 10000 Permutationen) oberhalb der Diagonale

Population	Mecklenburg-Vorpommern	Österreich	Dänemark	Berlin-Brandenburg	Stuttgart	Italien	Polen	Schweiz
Mecklenburg-Vorpommern	-	**0**	**0.0114**	0.8031	**0**	**0**	**0**	**0**
Österreich	0.0199	-	**0.002**	**0.0002**	**0**	**0**	**0**	**0.0009**
Dänemark	0.0074	0.0125	-	0.0512	**0**	**0**	**0**	**0**
Berlin-Brandenburg	-0.0022	0.0203	0.0070	-	**0**	**0**	**0**	**0**
Stuttgart	0.0202	0.0153	0.0236	0.0294	-	**0**	**0**	**0.0478**
Italien	0.0600	0.0223	0.0506	0.0642	0.0233	-	**0**	**0.0008**
Polen	0.0715	0.1288	0.1096	0.0574	0.1618	0.2037	-	**0**
Schweiz	0.0357	0.0170	0.0271	0.0436	0.0052	0.0221	0.1948	-

Die genetische Distanz wurde für acht Populationen berechnet, davon wurden sieben aus der YHRD-Referenzdatenbank extrahiert (399 Haplotypen aus Mecklenburg-Vorpommern, 142 Haplotypen aus Italien, 215 Haplotypen aus Oberöstereich, 177 Haplotypen aus Dänemark, 130 Haplotypen aus Berlin-Brandenburg, 143 Haplotypen aus der Schweiz, 308 Haplotypen aus Stuttgart und 145 Haplotypen aus Krakau (Polen)) und als MDS-Plot dargestellt. Keine genetische Distanz wurde zwischen dieser Studie und der Stichprobe aus Berlin-Brandenburg festgestellt. Ebenso wurde eine sehr geringe Distanz zwischen den Populationsstichproben aus Stuttgart und der Schweiz festgestellt, die signifikant ist. In der Abbildung 35 lässt sich somit eine Clusterbildung zwischen Berlin-Brandenburg und Mecklenburg-Vorpommern (nicht signifikant), sowie zwischen Stuttgart und der Schweiz erkennen. Diese Haplotyp-Populationen sind besonders ähnlich. Ebenfalls kann eine geringe genetische Entfernung

zwischen Mecklenburg-Vorpommern und Dänemark beobachtet werden, die ebenfalls signifikant ist. Eine signifikante genetische Distanz wurde zwischen Mecklenburg-Vorpommern und Österreich, Mecklenburg-Vorpommern und Stuttgart, Mecklenburg-Vorpommern und Italien sowie Mecklenburg-Vorpommern und Polen festgestellt. Dabei wurde der höchste R_{ST}-Wert (R_{ST}=0,0715) zwischen Mecklenburg-Vorpommern und Polen festgestellt.

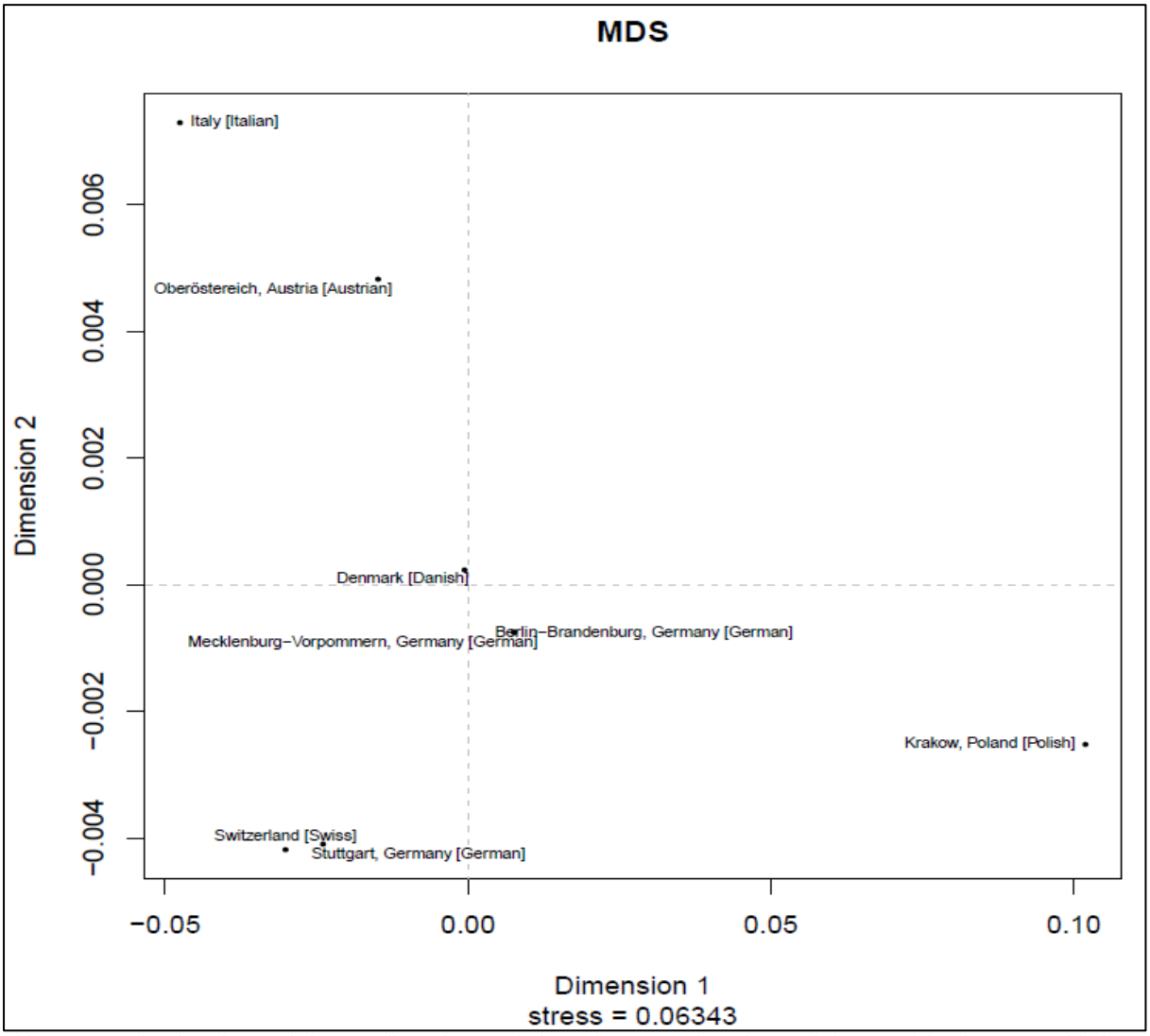

Abb.35: MDS-Plot, berechnet auf der Grundlage der genetischen Distanz R_{ST} für acht Populationen (Stichprobe aus Mecklenburg-Vorpommern und sieben YHRD-Populationen)

5. Diskussion

5.1. Populationsgenetische Parameter von 27 Y-chromosomalen STRs in Mecklenburg-Vorpommern

Das Hauptziel dieser Arbeit lag auf der populationsgenetischen Untersuchung Y-chromosomaler STRs von unverwandten männlichen Individuen aus Mecklenburg-Vorpommern (M-V), sowie der Untersuchung von 48 Vater-Sohn-Paaren in Hinblick auf eventuell entstandene Mutationen. Im Rahmen der populationsgenetischen Fragestellungen sollten ebenfalls Aussagen zur Allelverteilung bzw. Haplotypenverteilung dieser Studie im Vergleich zu anderen europäischen Studien getroffen werden. Zudem wurde die genetische Distanz der hier untersuchten Population aus M-V zu anderen europäischen Populationen untersucht.

Darüber hinaus sollte die Leistungsfähigkeit des Yfiler® Plus Kits zur besseren Differenzierung männlicher Linien im Vergleich zum deutlich älteren Yfiler® Kit gezeigt werden.

5.1.1 Vergleich der Allelverteilung dieser Studie mit anderen europäischen Populationen

Aufgrund der wenigen veröffentlichten europäischen Studien für das Yfiler® Plus Kit, werden die hier erhobenen Daten mit einer Studie aus Polen (Spolnicka et al., 2017) und einer Studie aus Österreich (Pickrahn et al., 2016) verglichen. Für eine bessere Übersicht werden die Allele und Allelfrequenzen der oben genannten Studien in einer Tabelle für die einzelnen Systeme, beginnend mit den schnell mutierenden Markern (RM-Y-STRs), dargestellt (Tabelle 32). Die rot markierten Allelkombinationen und Allele lassen sich ausschließlich in dieser Studie beobachten. Um signifikante Differenzen in der Allelverteilung in den zu vergleichenden Populationen darzustellen, wurden die einzelnen Y-STR-Systeme in Gruppen zusammengefasst und die Ergebnisse einiger Marker beispielhaft in Diagrammen visualisiert.

Tabelle 32: Vergleich der Allelverteilung von 27 Y-STRs einer Population aus M-V mit anderen ausgewählten europäischen Populationen

Locus	Allel	M-V (n=416)	Österreich (n=425)	Polen (n=496)
		Allelfrequenz diese Studie (2021)	Allelfrequenz Pickrahn et al., 2016	Allelfrequenz Spolnicka et al., 2017
DYF387S1 (RM-Y-STR)	33,36	0,005	0,000	0,000
	33,37	0,000	0,005	0,000
	33,38	0,002	0,002	0,000
	33,39	0,002	0,000	0,000
	34,34	0,000	0,002	0,002
	34,35	0,002	0,021	0,002
	34,36	0,007	0,021	0,000
	34,37	0,002	0,005	0,004
	34,38	0,002	0,007	0,006
	34,39	0,000	0,007	0,000
	35,35	0,050	0,033	0,073
	35,36	0,219	0,151	0,056
	35,36,38	0,002	0,000	0,004
	35,37	0,055	0,045	0,014
	35,38	0,038	0,016	0,022
	35,38,39	0,000	0,002	0,000
	35,39	0,002	0,002	0,008
	35,4	0,000	0,002	0,006
	36,36	0,053	0,082	0,030
	36,37	0,041	0,042	0,052
	36,37,38	0,007	0,005	0,014
	36,37,38,39	0,000	0,002	0,000
	36,37,39	0,000	0,002	0,002
	36,37,40	0,000	0,002	0,000
	36,38	0,125	0,047	0,212
	36,38,39	0,005	0,002	0,008
	36,38,40	0,000	0,002	0,002
	36,39	0,019	0,019	0,054
	36,4	0,005	0,005	0,008
	36,40,41	0,002	0,000	0,000
	36,41	0,000	0,000	0,002
	37,37	0,065	0,071	0,026
	37,37.1	0,000	0,002	0,000
	37,38	0,099	0,108	0,121
	37,38,39	0,000	0,002	0,006
	37,38,39,40	0,000	0,000	0,002
	37,39	0,038	0,040	0,038
	37,39,41	0,000	0,002	0,000
	37,4	0,005	0,009	0,010
	37,40,41	0,000	0,007	0,000
	37,41	0,002	0,005	0,000
	38,38	0,055	0,089	0,079
	38,39	0,058	0,056	0,083
	38,4	0,005	0,033	0,016
	38,40,41	0,000	0,002	0,000
	38,41	0,000	0,002	0,002
	38,41,42	0,000	0,002	0,000
	39,39	0,014	0,016	0,014
	39,4	0,005	0,002	0,010
	39,41	0,005	0,000	0,002
	40,40	0,000	0,007	0,006
	40,41	0,000	0,005	0,002
rot markiert = Allele / Allelhäufigkeiten, die nur in dieser Studie beobachtet wurden				

Locus	Allel	M-V	Österreich	Polen
DYS627 (RM-Y-STR)	14	0,002	0,000	0,000
	15	0,005	0,002	0,012
	16	0,127	0,042	0,181
	17	0,115	0,045	0,302
	18	0,041	0,047	0,067
	18.2	0,000	0,002	0,000
	19	0,120	0,146	0,081
	20	0,168	0,193	0,127
	21	0,118	0,209	0,123
	21.1	0,005	0,000	0,000
	22	0,173	0,184	0,067
	23	0,099	0,078	0,032
	24	0,014	0,040	0,008
	25	0,010	0,012	0,000
	26	0,002	0,000	0,000
DYS518 (RM-Y-STR)	33	0,000	0,002	0,000
	34	0,000	0,009	0,000
	35	0,017	0,009	0,010
	36	0,065	0,052	0,026
	37	0,130	0,158	0,048
	38	0,224	0,245	0,093
	39	0,178	0,221	0,163
	40	0,144	0,162	0,202
	41	0,113	0,082	0,159
	42	0,058	0,040	0,169
	43	0,036	0,016	0,077
	44	0,017	0,002	0,034
	45	0,019	0,000	0,014
	46	0,000	0,000	0,004
DYS449 (RM-Y-STR)	24	0,000	0,000	0,002
	25	0,002	0,007	0,004
	26	0,012	0,016	0,002
	27	0,036	0,071	0,028
	28	0,156	0,132	0,083
	29	0,221	0,275	0,103
	30	0,163	0,179	0,085
	31	0,142	0,144	0,214
	31.1	0,000	0,002	0,000
	32	0,142	0,085	0,274
	33	0,084	0,056	0,139
	34	0,026	0,024	0,046
	35	0,010	0,007	0,014
	36	0,002	0,002	0,006
	38	0,002	0,000	0,000
DYS570 (RM-Y-STR)	12	0,002	0,002	0,000
	14	0,002	0,002	0,002
	15	0,010	0,012	0,006
	16	0,089	0,082	0,052
	17	0,248	0,344	0,173
	18	0,243	0,245	0,254
	19	0,228	0,139	0,341
	20	0,120	0,099	0,127
	21	0,038	0,049	0,036
	22	0,012	0,024	0,004
	23	0,005	0,000	0,002
	24	0,000	0,000	0,002
	27	0,002	0,000	0,000

rot markiert = Allele / Allelhäufigkeiten, die nur in dieser Studie beobachtet wurden

Locus	Allel	M-V	Österreich	Polen
DYS576 (RM-Y-STR)	13	0,000	0,005	0,000
	14	0,012	0,007	0,006
	15	0,048	0,056	0,032
	16	0,149	0,219	0,145
	17	0,317	0,304	0,198
	18	0,332	0,254	0,373
	19	0,106	0,122	0,177
	20	0,031	0,024	0,067
	21	0,002	0,009	0,002
	22	0,002	0,000	0,000
DYS385	9,11	0,000	0,000	0,002
	9,14	0,000	0,002	0,008
	9,15	0,002	0,002	0,000
	9,17	0,002	0,000	0,000
	10,11	0,000	0,000	0,008
	10,14	0,053	0,024	0,194
	10,15	0,007	0,002	0,020
	10,16	0,002	0,000	0,002
	10,17	0,002	0,005	0,000
	11,11	0,024	0,007	0,008
	11,12	0,005	0,000	0,000
	11,12,14	0,000	0,002	0,000
	11,13	0,038	0,033	0,038
	11,13.2	0,000	0,002	0,000
	11,13,14	0,000	0,002	0,000
	11,14	0,389	0,285	0,294
	11.2,14	0,002	0,000	0,000
	11,15	0,091	0,061	0,067
	11,16	0,002	0,005	0,008
	11,17	0,002	0,007	0,000
	12,12	0,005	0,002	0,006
	12,13	0,002	0,009	0,006
	12,14	0,041	0,042	0,040
	12,15	0,017	0,016	0,008
	12,16	0,000	0,000	0,002
	12,18	0,000	0,000	0,002
	13,13	0,019	0,016	0,006
	13,14	0,079	0,087	0,038
	13,14,16	0,000	0,000	0,002
	13,15	0,014	0,052	0,016
	13,16	0,014	0,026	0,010
	13,17	0,012	0,031	0,006
	13,18	0,000	0,012	0,008
	13,19	0,000	0,007	0,004
	14,14	0,022	0,035	0,028
	14,15	0,034	0,073	0,081
	14,16	0,017	0,007	0,022
	14,17	0,002	0,007	0,004
	14,18	0,000	0,005	0,006
	14,20	0,000	0,005	0,000
	14,21	0,002	0,000	0,000
	15,15	0,022	0,016	0,008
	15,16	0,012	0,016	0,006
	15,17	0,002	0,009	0,004
	15,18	0,002	0,005	0,000
	15,19	0,000	0,005	0,004
	15,20	0,002	0,000	0,000
rot markiert = Allele / Allelhäufigkeiten, die nur in dieser Studie beobachtet wurden				

Locus	Allel	M-V	Österreich	Polen
	16,16	0,012	0,007	0,000
	16,17	0,010	0,012	0,002
	16,18	0,017	0,021	0,018
	16,19	0,005	0,005	0,000
	17,17	0,000	0,005	0,000
	17,18	0,005	0,016	0,012
	17,20	0,000	0,002	0,000
	17,21	0,002	0,000	0,000
	18,18	0,002	0,005	0,000
DYS481	19	0,002	0,002	0,002
	20	0,002	0,019	0,038
	21	0,022	0,080	0,048
	22	0,067	0,322	0,131
	23	0,300	0,214	0,218
	24	0,204	0,073	0,083
	25	0,072	0,129	0,288
	26	0,197	0,059	0,071
	27	0,067	0,038	0,026
	28	0,029	0,021	0,014
	29	0,007	0,005	0,028
	30	0,010	0,021	0,038
	31	0,007	0,016	0,014
	32	0,010	0,000	0,000
	33	0,002	0,000	0,000
DYS458	11	0,002	0,000	0,000
	13	0,005	0,009	0,006
	14	0,036	0,047	0,038
	15	0,240	0,209	0,218
	16	0,269	0,247	0,359
	16.2	0,002	0,000	0,000
	17	0,274	0,296	0,254
	17.2	0,000	0,002	0,010
	18	0,127	0,125	0,077
	18.2	0,000	0,007	0,000
	19	0,029	0,040	0,030
	19.2	0,002	0,007	0,000
	20	0,007	0,007	0,004
	20.2	0,002	0,000	0,000
	21	0,002	0,000	0,002
	22	0,000	0,002	0,000
	23.2	0,000	0,000	0,002
DYS390	20	0,000	0,002	0,000
	21	0,005	0,014	0,004
	22	0,125	0,205	0,079
	23	0,262	0,296	0,153
	24	0,315	0,344	0,292
	25	0,267	0,129	0,427
	26	0,022	0,009	0,040
	27	0,005	0,000	0,004
DYS456	12	0,007	0,002	0,000
	13	0,041	0,061	0,032
	14	0,161	0,193	0,107
	15	0,329	0,348	0,286
	16	0,329	0,275	0,367
	17	0,118	0,099	0,179
	18	0,014	0,021	0,020
	19	0,000	0,000	0,006
rot markiert = Allele / Allelhäufigkeiten, die nur in dieser Studie beobachtet wurden				

Locus	Allel	M-V	Österreich	Polen
DYS456	20	0,000	0,000	0,002
DYS389II	26	0,002	0,002	0,000
	27	0,007	0,009	0,002
	28	0,173	0,202	0,089
	29	0,401	0,384	0,282
	30	0,286	0,259	0,401
	31	0,096	0,120	0,171
	32	0,034	0,019	0,052
	33	0,000	0,002	0,002
	34	0,000	0,002	0,000
DYS438	8	0,005	0,000	0,000
	9	0,036	0,125	0,046
	10	0,300	0,393	0,290
	11	0,269	0,136	0,528
	12	0,368	0,341	0,127
	13	0,022	0,005	0,008
DYS19	13	0,070	0,075	0,050
	14	0,469	0,494	0,175
	14.1	0,000	0,002	0,000
	15	0,224	0,247	0,262
	16	0,175	0,134	0,274
	17	0,063	0,035	0,232
	18	0,000	0,000	0,006
DYS439	8	0,002	0,000	0,004
	9	0,000	0,005	0,010
	10	0,151	0,071	0,371
	11	0,413	0,428	0,329
	12	0,344	0,362	0,202
	12,13	0,002	0,000	0,000
	13	0,075	0,129	0,071
	14	0,012	0,005	0,010
	15	0,000	0,000	0,004
DYS437	13	0,000	0,000	0,004
	14	0,418	0,332	0,669
	15	0,399	0,456	0,216
	16	0,178	0,212	0,111
	17	0,005	0,000	0,000
YGATAH4	9	0,005	0,005	0,000
	10	0,043	0,031	0,022
	11	0,341	0,409	0,297
	12	0,514	0,473	0,549
	13	0,094	0,078	0,113
	14	0,002	0,005	0,018
DYS635	19	0,002	0,002	0,002
	20	0,026	0,049	0,016
	21	0,149	0,221	0,115
	22	0,108	0,144	0,097
	23	0,594	0,461	0,657
	24	0,091	0,094	0,097
	25	0,026	0,028	0,012
	26	0,002	0,000	0,004
DYS393	12	0,070	0,181	0,095
	13	0,817	0,628	0,794
	14	0,106	0,160	0,105
	15	0,007	0,028	0,006
	16	0,000	0,002	0,000
rot markiert = Allele / Allelhäufigkeiten, die nur in dieser Studie beobachtet wurden				

Locus	Allele	M-V	Österreich	Polen
DYS448	14.4	0,000	0,002	0,000
	16	0,000	0,002	0,000
	17	0,005	0,009	0,000
	18	0,038	0,019	0,016
	18.4	0,000	0,000	0,002
	19	0,399	0,407	0,192
	20	0,490	0,426	0,712
	21	0,060	0,104	0,073
	22	0,002	0,024	0,004
	23	0,002	0,002	0,002
	24	0,002	0,002	0,000
DYS392	6	0,002	0,000	0,000
	9	0,000	0,125	0,000
	10	0,000	0,393	0,004
	11	0,552	0,136	0,806
	12	0,046	0,341	0,020
	13	0,340	0,005	0,125
	14	0,053	0,000	0,038
	15	0,007	0,000	0,006
DYS460	8	0,002	0,000	0,000
	9	0,038	0,078	0,032
	10	0,329	0,393	0,325
	11	0,565	0,475	0,558
	12	0,065	0,052	0,083
	13	0,000	0,002	0,002
DYS533	7	0,000	0,002	0,000
	9	0,019	0,040	0,014
	10	0,017	0,049	0,012
	11	0,219	0,224	0,163
	12	0,635	0,581	0,690
	12.1	0,002	0,005	0,000
	13	0,101	0,085	0,115
	13.1	0,000	0,005	0,000
	14	0,007	0,005	0,006
	14.1	0,000	0,005	0,000
DYS391	7	0,000	0,002	0,000
	9	0,012	0,040	0,004
	10	0,548	0,576	0,646
	11	0,411	0,365	0,334
	12	0,029	0,014	0,016
DYS389I	10	0,000	0,002	0,000
	11	0,000	0,002	0,000
	12	0,216	0,280	0,000
	13	0,661	0,539	0,000
	14	0,118	0,169	0,006
	15	0,005	0,007	0,032
	16	0,000	0,000	0,145
	17	0,000	0,000	0,198
	18	0,000	0,000	0,373
	19	0,000	0,000	0,177
	20	0,000	0,000	0,067
	21	0,000	0,000	0,002
rot markiert = Allele / Allelhäufigkeiten, die nur in dieser Studie beobachtet wurden				

Gruppe 1: Y-STR-Systeme mit signifikant unterschiedlicher Allelverteilung in ausgewählten Populationen

In den Y-STR-Systemen DYS576 (RM-Y-STR-System), DYS389II, DYS448, DYS627 (RM-Y-STR-System), DYS19, DYS456, DYS438, DYS392, DYS390, DYS518 (RM-Y-STR-System), DYS439, DYS570 (RM-Y-STR-System) und DYS449 (RM-Y-STR-System) konnten signifikante Unterschiede in den Allelhäufigkeiten insbesondere zwischen dieser Studie und der polnischen Populationsstudie beobachtet werden. Die allgemeine Verteilung von Allelen eines Y-STR-System gleicht in der Regel einer Gaußschen Normalverteilung. Besonders auffällig in einigen der oben erwähnten Systeme ist, dass eine Verschiebung der Häufigkeitsverteilung in Richtung der längeren Allele in der polnischen Population (z. B. DYS518, DYS449, DYS570) zu beobachten ist. In der polnischen Population traten diese längeren Allele im Vergleich zu den beiden anderen europäischen Studien (M-V, Österreich) signifikant häufiger auf. Im Gegensatz dazu wurden im System DYS627 besonders häufig die kürzeren Allele 16 (ca. 18 %) und 17 (ca. 30%) in der polnischen Population beobachtet. Diese Allele gehören mit einer Häufigkeit von ca. 11-13% (diese Studie) eher zu den gering auftretenden Allelen der männlichen Bevölkerung in M-V. Grundsätzlich ist zu beobachten, dass die Unterschiede in den Allelhäufigkeiten zwischen dieser Studie und der österreichischen Population geringer ausfallen als zwischen dieser Studie und der Population aus Polen.

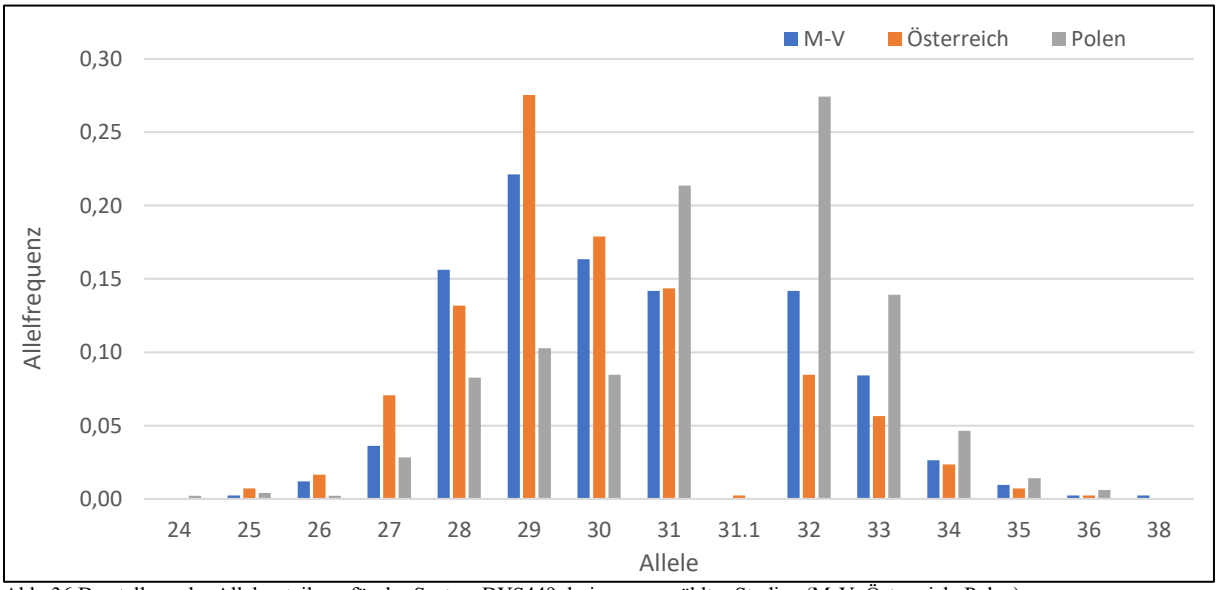

Abb. 36 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS449 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

Stellvertretend für die o. g. Beobachtungen hinsichtlich der Allelverteilung bzw. Allelhäufigkeiten in der o. g. Gruppe sollen die Systeme DYS449 und DYS518 näher betrachtet werden (Abb. 36, 37). Wie erwähnt ist hier eine Verschiebung in der

Allelverteilung in Richtung der längeren Allele in der polnischen Populationsstudie zu beobachten. So wurde im System DYS449 das Allel 32 mit einer Häufigkeit von ca. 27% als häufigstes Allel in der polnischen Population festgestellt, während in den beiden anderen Studien die Häufigkeit dieses Allels zwischen 8,5% und 14,2% liegt. Wiederum wurde das Allel 29 am häufigsten in der österreichischen Studie (27,5%) bzw. in dieser Studie (22,1%) beobachtet. Die Häufigkeit für das Allel 29 in der polnischen Studie liegt dagegen bei 10,3%. Diese signifikanten Unterschiede zwischen den Allelhäufigkeiten der polnischen Studie und dieser Studie bzw. der Studie aus Österreich konnten unter anderem auch in den Systemen DYS518 (Häufigkeit Allel 42: Polen 16,2%, Österreich 4%; M-V 5,8%; Häufigkeit Allel 38: Polen 9,3%, Österreich 24,5%; M-V 22,4%), DYS390 (Häufigkeit Allel 25: Polen 42,7%, Österreich 12,9%; M-V 26,7%; Häufigkeit Allel 23: Polen 15,3%, Österreich 29,6%, M-V 26,2%) und im System DYS19 (Häufigkeit Allel 16: Polen 27,4%, Österreich 13,4%, M-V 17,5%; Häufigkeit Allel 14: Polen 17,5%, Österreich 49,4%, M-V 46,9%) beobachtet werden.

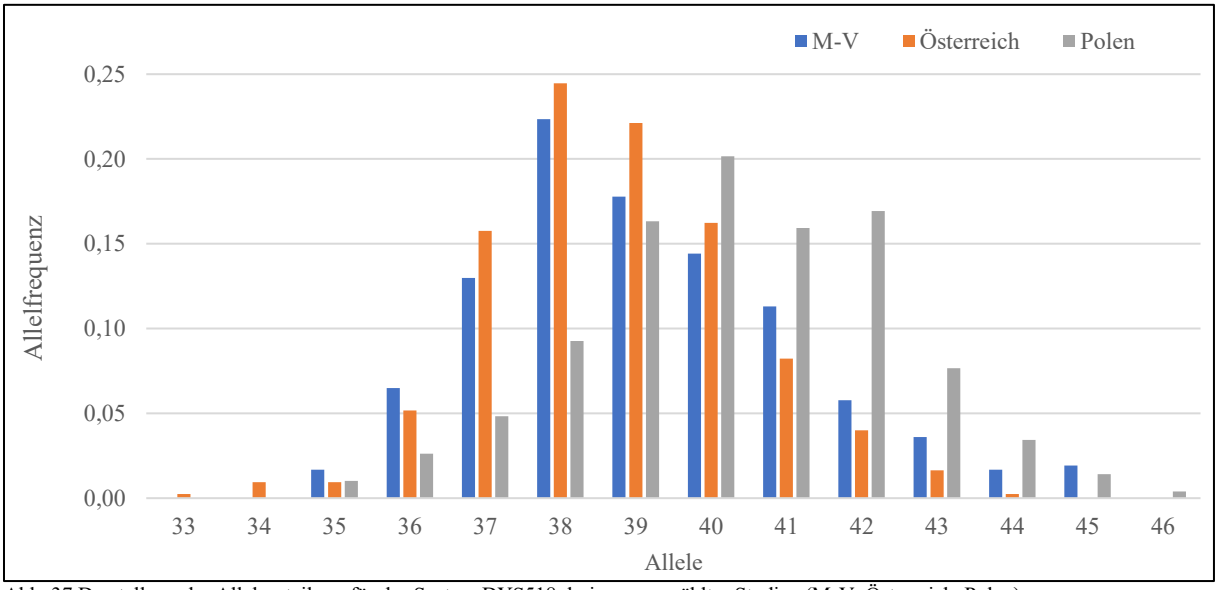

Abb. 37 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS518 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

Gruppe 2: Y-STR-Systeme mit ähnlicher Allelverteilung in ausgewählten Populationen

In dieser Gruppe von Y-STRs lassen sich keine oder nur geringe Unterschiede in der Häufigkeitsverteilung der einzelnen Allele in den ausgewählten Populationen feststellen. Die Systeme DYS635, DYS460, DYS458, DYS391, DYS393, DYS437, DYS533 und YGATAH4 spiegeln diese Ähnlichkeit in den drei untersuchten europäischen Studien (M-V, Österreich, Polen) wider.

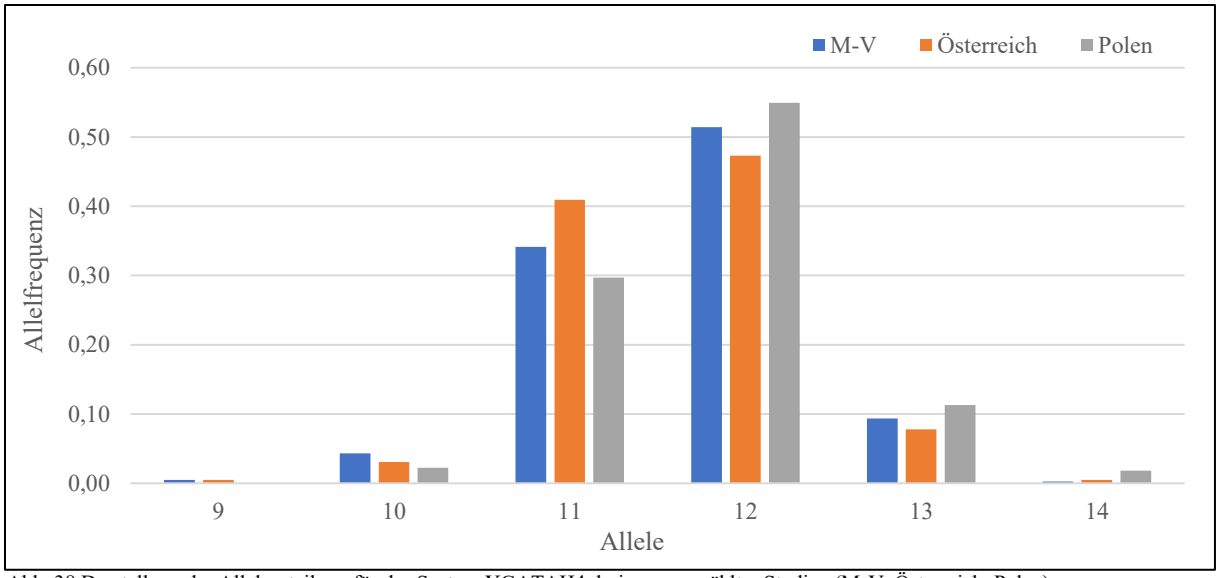

Abb. 38 Darstellung der Allelverteilung für das System YGATAH4 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

Beispielhaft soll die Allelverteilung für das System YGATAH4 (Abb. 38) näher betrachtet werden. In allen drei Studien wurde das Allel 12 mit der häufigsten Allelfrequenz detektiert. Die Häufigkeit in allen drei Populationen liegt zwischen ca. 47,3% -54,9%. Die Verteilung der Häufigkeit ist sowohl in der polnischen als auch in der österreichischen und in dieser Studie sehr ähnlich, sodass hier keine signifikanten Unterschiede in den Allelhäufigkeiten zwischen den ausgewählten Populationen zu beobachten sind. Ähnliche Ergebnisse lassen sich unter anderem in den Systemen DYS460 (Häufigkeit Allel 11: Polen ca. 55,8%, Österreich 47,5%, M-V, 56,5%), DYS391 (Häufigkeit Allel 10: Polen, 64,6%, Österreich, 57,6%, M-V 54,8%) und DYS393 (Häufigkeit Allel 13: Polen, 79,4%, Österreich, 62,8%, M-V 81,7%) ebenfalls beobachten.

Gruppe 3: Allelverteilung in den Multi-Copy-Systemen DYF387S1 und DYS385

In diesen hochvariablen Systemen wurden zwischen 45 (DYS385) und 52 (DYF387S1) verschiedene Allelkombinationen gefunden. Dabei lässt sich die Allelkombination 11,14 im System DYS385 in allen drei Studien mit 29,4% für Polen, 28,5% für Österreich und 38,9% für M-V am häufigsten beobachten (siehe Anhang). Die Allelkombination 10,14 zeigt sich in der polnischen Studie mit 19,4% zusätzlich signifikant häufiger als in der österreichischen Studie (2,4%) und dieser Studie (5,3%). Des Weiteren gibt es einige Allelkombinationen, die nur in einzelnen Subpopulationen zu finden sind. So werden die Allelkombinationen 11,12; 11.2,14; 14,21; 15,20 und 17,21 nur in der hier untersuchten Population von M-V nachgewiesen. In der Abbildung 39 wird das System DYF387S1 näher betrachtet.

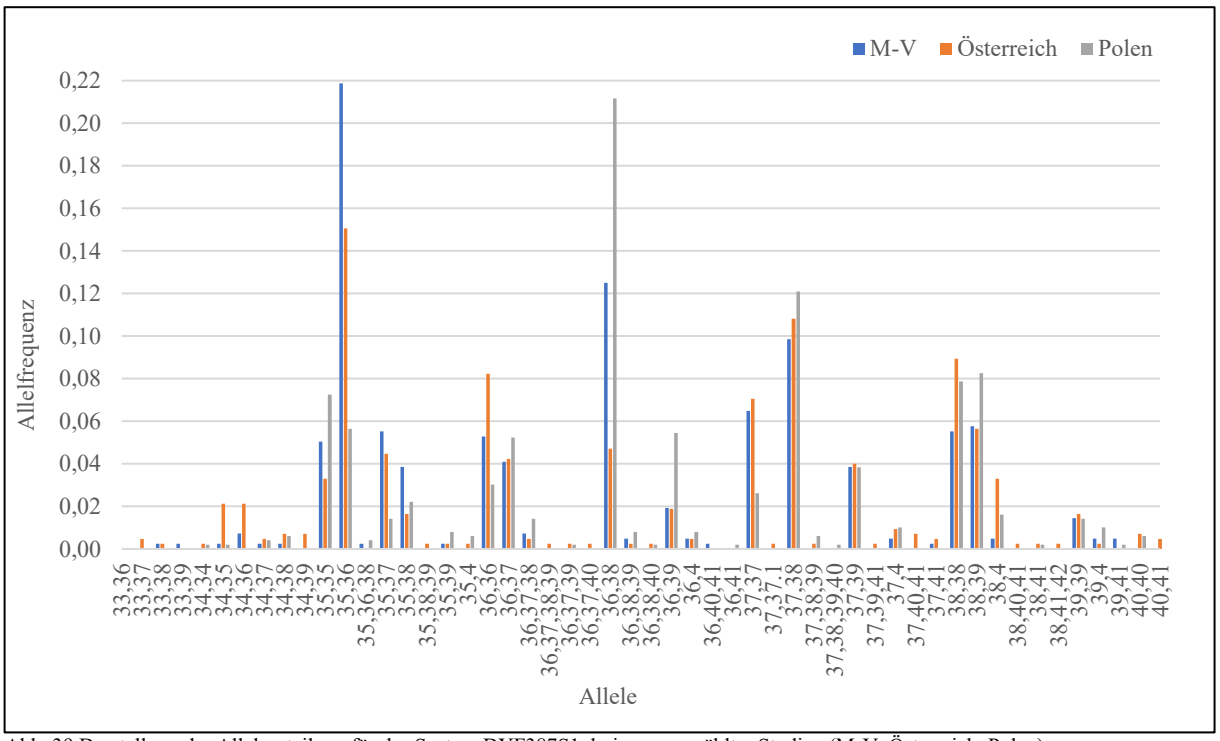

Abb. 39 Darstellung der Allelverteilung für das System DYF387S1 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

Auffällig ist, dass die Allelkombination 35,36 besonders häufig in der Studie aus Österreich (15,1%) und dieser Studie (21,9%) beobachtet wurde, während in der polnischen Studie diese Allelkombination lediglich mit einer Häufigkeit von 5,6% festgestellt wurde. Darüber hinaus wurde die Allelkombination 36,38 in Polen mit einer Häufigkeit von ca. 21% deutlich seltener nachgewiesen als in Österreich (4,7%) bzw. in dieser Studie (12,5%). Triallelische Allelkombinationen konnten in allen drei ausgewählten Populationsstudien festgestellt werden. Zusätzlich wurde eine tetraallelische Kombination in den österreichischen Populationsdaten (36,37,38,39) beobachtet. Abgesehen von den tri- und tetraallelischen Kombinationen, weisen die übrigen Allelkombinationen in den jeweiligen Studien eine ähnliche Verteilung auf.

Y-STR-System DYS389I

Dieses System wird aufgrund seiner stark unterschiedlichen Allelverteilung für die einzelnen Studien gesondert betrachtet. Es zeigt insgesamt 12 verschiedene Allele. In dieser Studie wurden nur 4 der 12 Allele beobachtet und zeigen eine ähnliche Allelverteilung wie die österreichische Studie. Einzig die Allele 10 und 11 werden nur in Österreich gefunden. Das Allel 13 ist für beide Studien (Österreich: 53,9%, M-V: 66,1%) das häufigste Allel, während dieses Allel in der polnischen Studie nicht ein einziges Mal beobachtet werden konnte. Bei Betrachtung der polnischen Ergebnisse (Abb. 40) wird ersichtlich, dass die Allele 16-21

ausschließlich in der polnischen Population festgestellt werden, wobei das Allel 18 mit 37,3% am häufigsten detektiert wurde. Wie bereits für die Y-STR-Systeme DYS518, DYS449, DYS570 beschrieben, ergibt sich auch hier eine Verschiebung der Allelverteilung in Richtung der längeren Allele in der polnischen Population.

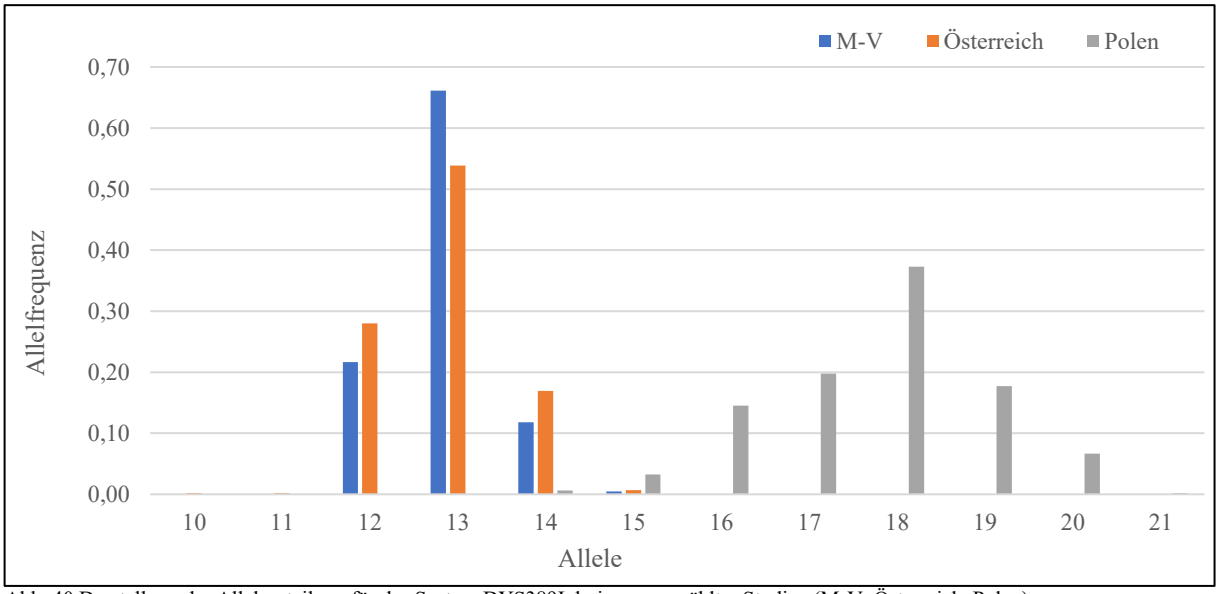

Abb. 40 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS389I dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

Insgesamt wurden in dieser Studie je System zwischen 4 (DYS393, DYS389I, DYS391, DYS437) und 15 (DYS481) Allelvarianten gefunden. Auch konnte bei den RM-Y-STR-Systemen DYS627 (n=14) und DYS570 (n=13) eine hohe Anzahl an verschiedenen Allelen beobachtet werden. Diese Daten decken sich mit denen der polnischen Studie (Spolnicka et al., 2017), der österreichischen Studie (Pickrahn et al., 2016), sowie einer Studie aus Kasachstan (Zhabagin et al., 2018).

Zusammenfassend lässt sich feststellen, dass in der Mehrzahl der untersuchten Systeme signifikante Unterschiede in der Häufigkeitsverteilung der Allele in der männlichen Population insbesondere zwischen dieser Studie und der polnischen Studie festgestellt wurden. Dabei war die Ähnlichkeit der Allelverteilung zwischen der Studie aus M-V und der Studie aus Österreich deutlich ausgeprägter. Auf der Basis der Allelhäufigkeiten der hier untersuchten Y-STR-Systeme konnte somit ein signifikanter Unterschied zwischen der polnischen und hier untersuchten Population aus M-V gezeigt werden.

5.1.2 Vergleich der Gendiversitäten dieser Studie mit anderen ausgewählten europäischen Populationsstudien

Durch die Nutzung der RM-Y-STR-Systeme steigt die Wahrscheinlichkeit nah verwandte männliche Individuen innerhalb einer männlichen Linien in Populationen mit geringer genetischer Vielfalt eher differenzieren zu können. Die in dieser Studie festgestellten Gendiversitäten der einzelnen Y-STR-Systeme wurden mit den Ergebnissen aus drei europäischen Ländern verglichen. Dazu wurden Studien aus Polen (n=496), Österreich (n=425), sowie Norditalien (n=150) herangezogen (Spolnicka et al., 2017; Prickhahn et al., 2016; Ottaviani et al., 2015).

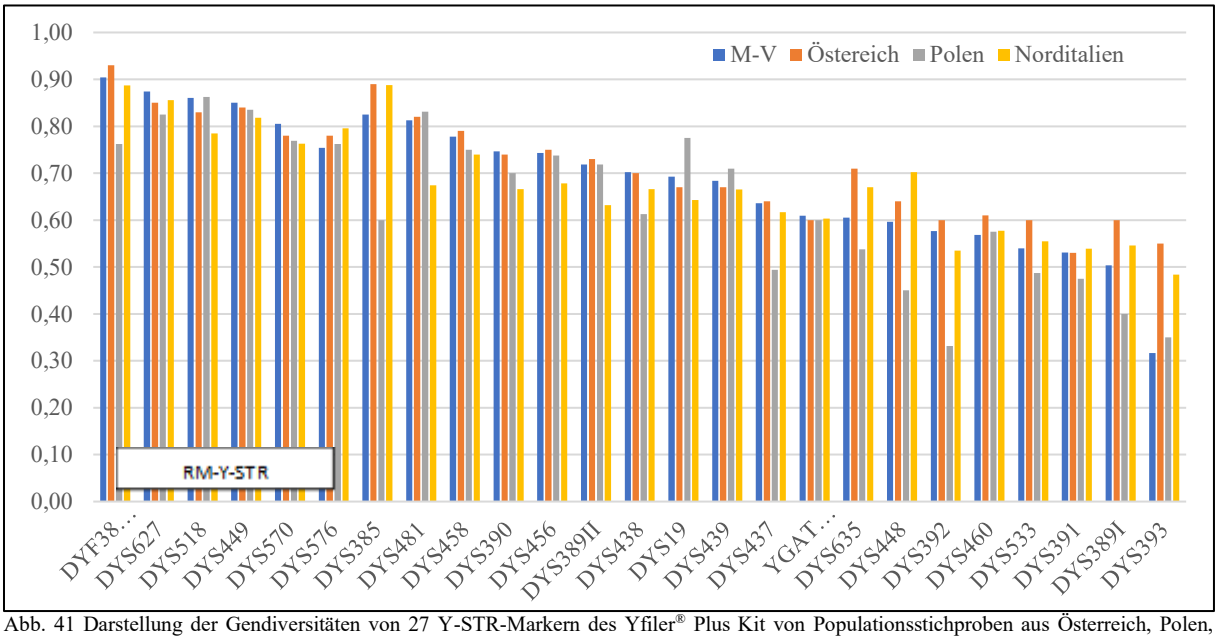

Abb. 41 Darstellung der Gendiversitäten von 27 Y-STR-Markern des Yfiler® Plus Kit von Populationsstichproben aus Österreich, Polen, Norditalien und dieser Studie (M-V)

Die höchsten Gendiversitäten (GD) befinden sich wie erwartet bei allen vier Vergleichsstudien in den RM-Y-STR-Systemen (DYF387S1, DYS627, DYS518, DYS449, DYS570, DYS576,), sowie im Multi-Copy-System DYS385 und im System DYS458. Die Werte bewegen sich dabei im Bereich zwischen 0,7 und 1,0 und zeigen damit eine signifikant höhere Gendiversität. Der Einsatz von RM-Y-STRs steigert durch die erhöhte Mutationsrate somit die Wahrscheinlichkeit der Einzigartigkeit der jeweiligen Y-STR-Haplotypen. Differenzen in den dargestellten Gendiversitäten zeigen sich vor allem für die polnische und italienische Population. In den beiden Multi-Copy-Systemen DYF387S1 und DYS385 ist die Gendiversität in der polnischen Studie um einiges niedriger (0,763 und 0,600), auch im System DYS392 halbiert sich die Gendiversität fast, während die Gendiversität im System DYS19 (0,775) gegenüber den anderen Studien höher ist. Die Probengröße der einzelnen Studien nimmt klar Einfluss auf die Höhe der Gendiversität. So können die Werte der

norditalienischen Studie, aufgrund der kleineren Probengröße, verzerrt sein. Ähnliche Ergebnisse lassen sich in weiteren Studien wiederfinden (Olofsson et al., 2015; Rapone et al., 2016).

5.1.3 Vergleich populationsgenetischer Parameter ausgewählter Populationen

Es ist nicht überraschend, dass sowohl die Haplotypdiversität (HD), als auch die Diskriminationskapazität (DC) mit einer höheren Anzahl untersuchter Y-STR-Systeme steigt. Die Tabelle 33 veranschaulicht die Gegenüberstellung der beobachteten Haplotypen, sowie die HD, MP (Trefferwahrscheinlichkeit) und DC für das Yfiler® Kit (17 Y-STR-Systeme) und das Yfiler® Plus Kit (27 Y-STR-Systeme). Zusammengefasst wurden die Daten aus dieser Studie, mit den Daten aus Italien (Rapone et al., 2016), aus Österreich (Pickrahn et al., 2016), aus Polen (Spolnicka et el., 2017) und aus Dänemark (Olofsson et al., 2015). In allen Studien, unabhängig von der Probengröße, fällt auf, dass die Anzahl der beobachteten einzigartigen Haplotypen mit der Verwendung des Yfiler® Plus Kits steigt und so mehr als 97% einzigartige Haplotypen gefunden wurden. Ebenso reduziert sich die Anzahl der mehrfach detektierten Haplotypen. Die Haplotypdiversität (HD) für die im Yfiler® Plus Kit enthaltenen Y-STR-Marker liegt hier bei allen Studien über 0.9998. Daraus ergibt sich eine signifikante Steigerung der Haplotypdiversität und Diskriminationskapazität gegenüber dem älteren Yfiler® Kit und erlaubt somit eine bessere Differenzierung nicht verwandter männlicher Linien. Österreich und Dänemark zeigen die höchste Haplotypdiversität bei der Verwendung des Yfiler® Plus Kit. Nur ein einziger Haplotyp lässt sich in Österreich zweimal beobachten. In der dänischen Studie ließen sich dagegen nur einzigartige Haplotypen feststellen, wobei die Probengröße in Dänemark gegenüber der zu Österreich nur in etwa die Hälfte zählt. Auch die Diskriminationskapazität liegt bei allen europäischen Studien über 0,98; in der hier durchgeführten Populationsstudie liegt die Diskriminationskapazität sogar bei mehr als 0,99. Ebenso verändert sich die Trefferwahrscheinlichkeit (MP) und sinkt mit der steigenden Anzahl an untersuchten Y-STR-Systemen. In allen fünf Studien ist die Wahrscheinlichkeit, dass Y-STR-Haplotypen zweier unverwandter Personen identisch sind, gesunken und veranschaulichen ebenfalls eine höhere Effektivität des Yfiler® Plus Kits bei der Differenzierung männlicher unverwandter Personen.

Tabelle 33: Forensische Parameter für 27 Y-STR Loci einiger ausgewählter Populationen aus Italien (Rapone et al. 2016), Österreich (Pickrahn et al., 2016), Polen (Spolnicka et el., 2017) und Dänemark (Olofsson et al., 2015)

	M-V (n=416; diese Studie)		Italien (n=203)		Österreich (n=425)		Polen (n=496)		Dänemark (n=185)	
Häufigkeit des beobachteten Haplotyps	Yfiler®	Yfiler® Plus	Yfiler®	Yfiler® Plus	Yfiler®	Yfiler® Plus	Yfiler	Yfiler® Plus	Yfiler®	Yfiler® Plus
1	387	408	191	197	407	423	438	487	179	185
2	10	4	6	3	9	1	20	3	3	
3	2						1	1		
4							1			
5							1			
6							1			
verschiedene Haplotypen	399	412	197	200	416	424	462	491	182	185
HD	0,99955	**0,99988**	0,99970	**0,99990**	0,9999	**0,999989**	0,99956	**0,999988**	0,99990	**0,99999**
MP	0,00286	**0,002525**	0,00520	**0,005100**	0,00245	**0,002364**	0,00246	**0,00207**	0,00558	**0,00541**
DC	0,9600	0,9900	0,97040	0,98520	0,97882	0,997647	0,93150	0,9899	0,9800	0,99999

5.2 Seltene Allele, di- und triallelische Varianten, Nullallele

In dieser Studie wurden 8 seltene Allele, 5 di- und triallelische Varianten sowie ein Nullallel detektiert. Nachfolgende Tabelle zeigt einen Überblick dieser besonderen Ergebnisse.

Tabelle 34: Besonderheiten, Microvarianten bzw. selten beobachtete Allelkombinationen für 27 Y-STR Loci in einer Population aus M-V

Y-STR-System	**Allel**	**Häufigkeit**
DYS385a/b	11.2,14	1
DYS439	12,13	1
DYS458	16.2	1
	19.2	1
	20.2	1
DYS533	12.1	1
DYS570	27	1
DYS627	21.1	2
DYF387S1	35,36,38	1
	36,37,38	3
	36,38,39	2
	36,40,41	1
DYS392	Nullallel	1

Eine Ausnahme wurde beim Nachweis des Allels 27 bei Probe D106 im System DYS570 festgestellt. Während dieses Allel unter Nutzung des Yfiler® Plus Kit benannt werden konnte, erfolgte unter Nutzung des PowerPlex® Y23 Kit kein Nachweis im DYS570. Dagegen wurde ein sog. Off-Ladder-Allel im System DYS635 nachgewiesen (Abb. 39 und 40). Hier zeigt sich, dass die räumliche Enge der einzelnen Systeme im PowerPlex® Y23 zueinander keinen Spielraum für Allele außerhalb der Leiter lassen. Eine Recherche in der YHRD-Datenbank (Release 63, Sept. 2020) ergab, dass das Allel 27 im DYS570 bisher nicht beobachtet werden konnte.

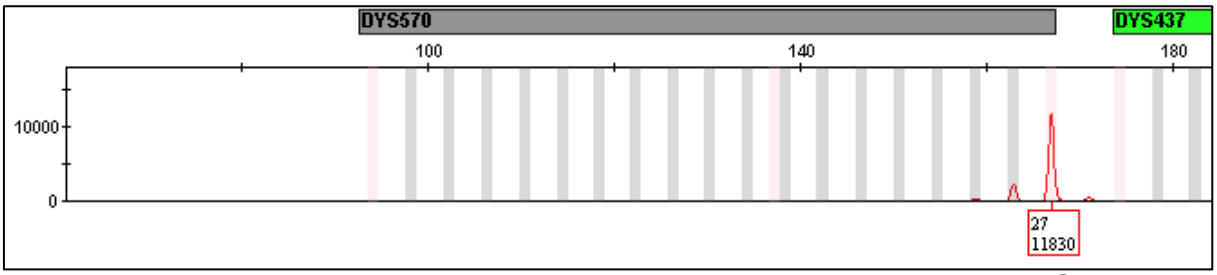

Abb.42: Darstellung bzw. Erstnachweis des Allel 27 im System DYS570 der Probe D106 nach Amplifikation mittels Yfiler® Plus Kit.

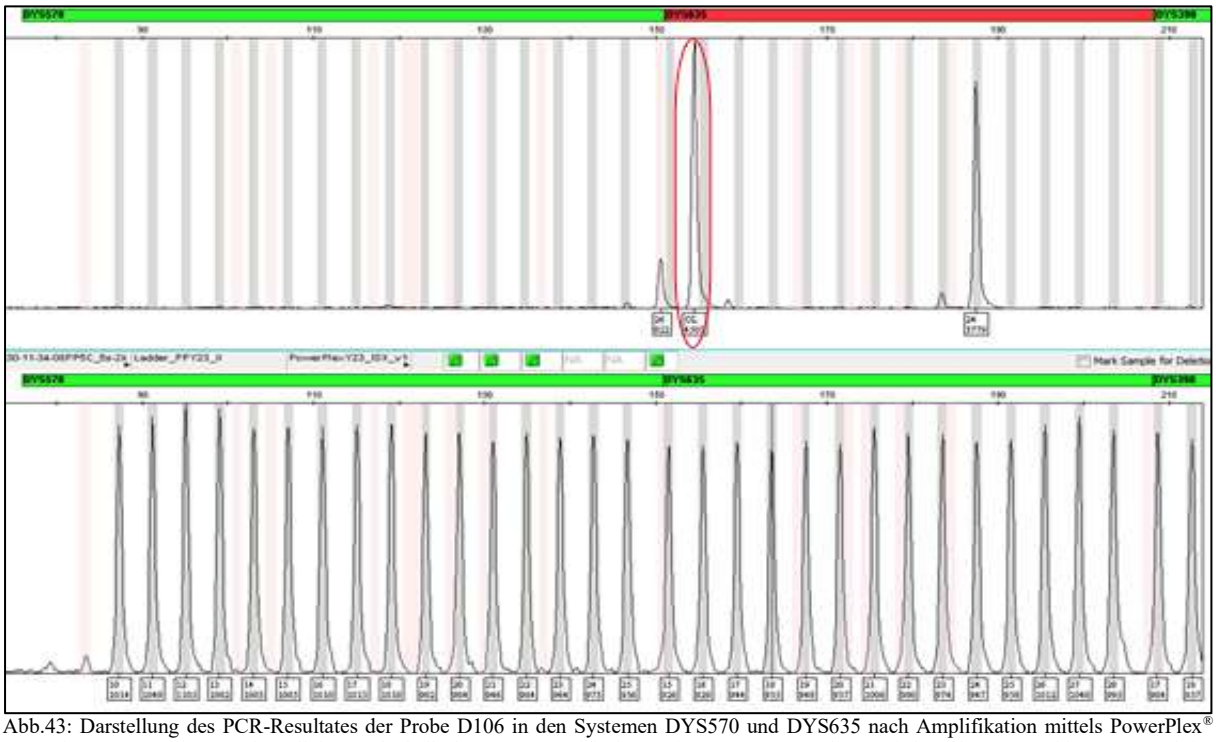
Abb.43: Darstellung des PCR-Resultates der Probe D106 in den Systemen DYS570 und DYS635 nach Amplifikation mittels PowerPlex® Y23 Kit (Fa. Promega). Da das Allel 27 außerhalb der systemspezifischen Leiter von DYS570 liegt, wird es als OFF-Ladder (OL)-Peak im nachfolgenden System DYS635 dargestellt. Allel 26 ist das letztmögliche Allel im DYS570, welches gemäß der Leiter noch korrekt benannt werden kann. Im DYS570 wird kein Allel detektiert.

Die hier detektierten Punktallele wurden bereits durch andere Autoren beschrieben. So wurde das Allel 16.2 im System DYS458 ebenfalls in einer Studie (Coble et al., 2013) beschrieben. Auch das Allel 19.2 desselben Systems wurde mehrfach beobachtet (Coble et al., 2013), (Pickrahn et al., 2016), (Zgonjanin et al., 2017), (Zhabagin et al., 2018).

Ebenfalls sind die detektierten Punktallele 12.1 (DYS533), 21.1 (DYS627), 11.2 (DYS385) bereits mehrfach beschrieben worden (García et al., 2016). Das Nullallel im System DYS392 wurde laut YHRD-Recherche (Stand 2020) bereits 35-mal beobachtet (Abb. 41), unter anderem in der polnischen Populationsstudie (Spólnicka et al., 2017). Ein Nullallel kann unter anderem auftreten, wenn sich durch Punktmutationen die Primerbindungsstelle so verändert hat, dass eine Bindung des Primer nicht mehr möglich ist. Es entsteht eine sog. Primerbindungsmutation, so dass eine Amplifikation des Allels nicht stattfinden kann (Butler; 2001).

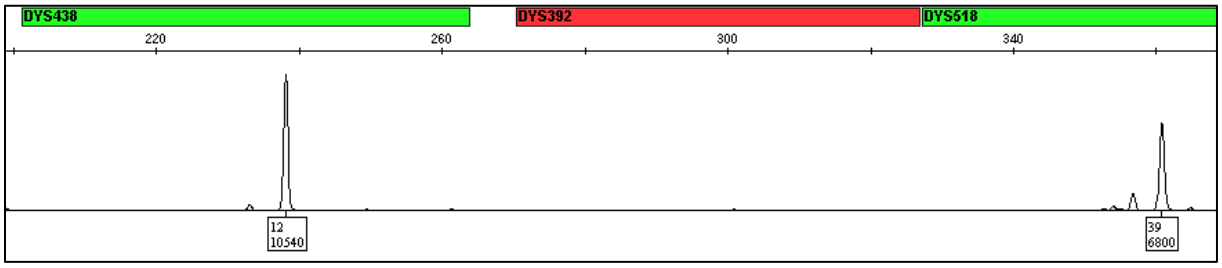

Abb.44: Darstellung eines Nullallels im System DYS392 der Probe 15458 nach Amplifikation mittels Yfiler® Plus-Kit.

Vier triallelische Kombinationen konnten im System DYF387S1 beobachtet werden. Diese Ergebnisse decken sich mit Ergebnissen anderer Studien. Iacovacci et al. beschrieb eine triallelische Kombination (35,37,38) (Iacovacci et al., 2017), Spólnicka et al. dagegen beobachtete 18 triallelische Kombinationen, die teilweise ebenfalls in dieser Studie beobachtet worden (35,36,38; 36,38,39) (Spólnicka et al., 2017).
Die in dieser Studie festgestellte Allelkombination 36,40,41 im DYF387S1 wurde weltweit siebenmal beobachtet, wobei diese aber bisher nicht in der westeuropäischen Metapopulation beobachtet wurde (YHRD, Release 63) (Abb. 42).

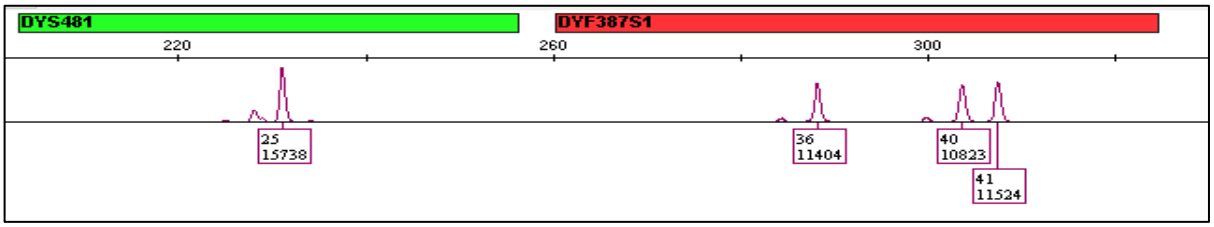

Abb. 45: Darstellung eines triallelischen Befundes der Probe D128 im System DYF387S1 mit der Allelkombination 36,40,41

Die im System DYS439 nachgewiesene seltene Allelkombination 12,13, wurde in Westeuropa kein weiteres Mal beobachtet. Weltweit trat diese heterozygote Allelkombination 4-mal im Yfiler® Plus Kit und 12-mal im Yfiler® Kit auf (YHRD, Release 63). Die Ursache für diese Allelkombination könnte ein lokalisiertes Duplikationsereignis oder eine chromosomale Aneuploidie sein (Findlay et al., 1998), wobei die Allele meist gleich hoch

erscheinen und sie sich häufig nur durch eine einzige Wiederholungseinheit unterscheiden. Lokalisierte Duplikationen auf Chromosomen sind auf dem Y-Chromosom häufiger als auf Autosomen (Butler et al., 2005) (Abb. 43). Auch sind Duplikationen dieser Art in anderen Studien beobachtet worden (García et al., 2016).

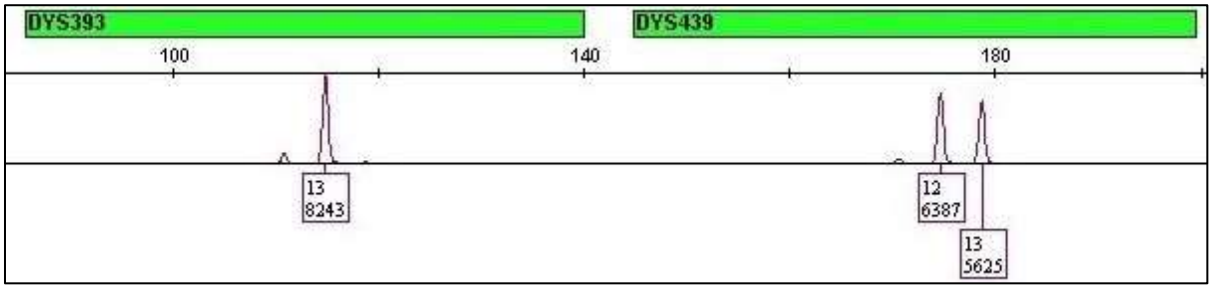

Abb.46: Darstellung der heterozygoten Allelkombination 12,13 der Probe D422 im System DYS439

5.3 Mutationen

In der Literatur wurde der Nutzen von schnell mutierenden Markern, sog. RM-Y-STR-Systeme, mehrfach beschrieben. So konnte durch den Einsatz von 13 RM-Y-STR-Systemen (DYF387S1, DYF399S1, DYF403S1, DYF404S1, DYS449, DYS518, DYS526, DYS547, DYS570, DYS576, DYS612, DYS626, DYS627) die Fähigkeit der stärkeren Differenzierung von nahen Verwandten innerhalb einer väterlichen Linie anhand von Mutationen gesteigert und somit ein wichtiger Beitrag in der forensischen Interpretation von Y-STR-Befunden geleistet werden (Ballantyne et al., 2014). Sechs dieser Marker (DYS449, DYS518, DYS570, DYS576, DYS628, DYF387S1) sind Bestandteil des in dieser Studie verwendeten Yfiler® Plus Kit.

Im Rahmen dieser Mutationsstudie wurden nach Untersuchung von 48 Vater-Sohn-Paaren 7 Allelabweichungen beobachtet. Sechs Mutationen weisen einen Verlust, eine Mutation weist einen Gewinn auf, wobei sich alle Mutationen auf Einschritt-Mutationen zurückführen lassen. Die durchschnittliche Mutationsrate für alle Systeme bei der Untersuchung von 48 Vater-Sohn-Paaren beträgt 5,4 x 10^{-3} und liegt somit im erwarteten Bereich. Dennoch ergaben sich Abweichungen zu anderen Mutationsstudien. Im Vergleich mit der Studie (Ying et al.,2016) und einer Mutationsrate von 4,4 x $10^{-3,}$ erscheint diese etwas höher. Ein Grund dafür könnte die deutlich höhere Anzahl der untersuchten Vater-Sohn-Paare in dieser Studie sein (Ying: n=1033). Eine Studie mit ähnlicher Probenanzahl (n=53) ergab eine durchschnittliche Mutationsrate von rund 7,0 x 10^{-3} bei 10 Mutationen (Gopinath et al., 2016). Verlässliche Aussagen lassen sich aufgrund der zu geringen Probenanzahl nicht treffen. Aufgrund der hohen Variabilität der RM-Y-STR-Systeme ist davon auszugehen, dass Mutationen vermehrt

in diesen STR-Markern zu finden sind. Die Gesamtmutationsrate steigt mit dem Einsatz dieser Marker an (Robino et al., 2015). Die erst kürzlich beschriebene Gruppe von 13 schnell mutierenden Y-STRs weist eine mittlere Mutationsrate von mehr als 1 x 10^{-2} auf (Ballantyne et al. 2012). In den RM-Y-STR Systemen wurde in dieser Studie jeweils eine Mutation in den Systemen DYS570 und DYS627 festgestellt und eine durchschnittliche Mutationsrate von 5,95 x 10^{-3} berechnet. Diese Mutationsrate ist höher als die der 17 am häufigsten verwendeten Y-STR-Marker, die eine durchschnittliche Mutationsrate von 1,9 x 10^{-3} aufweisen (Gopinath et al., 2016). Sie liegt jedoch nicht im erwarteten Bereich der schnell mutierenden Y-STR-Marker. Die hier ermittelten Daten stimmen nicht mit den Daten anderer Studien (Spolnicka et al., 2017; Ying et al., 2016, Ballantyne et al., 2012) überein. Eine vergleichende Übersicht über die Mutationsrate der im YfilerPlus-Kit enthaltenen RM-Y-STR-Systeme zeigt Tabelle 35. Die anderen 5 Mutationen werden in den Systemen DYS391, DYS458, DYS439 und DYS385 identifiziert.

Tabelle 35: Übersicht über die Anzahl der Mutationen und die Mutationsraten der RM-Y-STR Systeme dreier ausgewählter Studien sowie der Mutationsraten in der YHRD-Referenz-Datenbank

RM-Y-STR System	Anzahl der Mutationen			Mutationsrate x10^{-2}			
	diese Studie	Spolnicka et al., 2017	Ying et al., 2016	diese Studie (allelische Transfers = 336)	Spolnicka et al., 2017 (allelische Transfers = 630)	Ying et al., 2016 (allelische Transfers = 7242)	YHRD-Referenz-Datenbank (Release 65, allelische Transfers = 38152)
DYS449	0	1	6	0	1,1	0,58	1,02
DYS518	0	4	14	0	4,4	1,36	1,19
DYS570	1	1	6	2,08	1,1	0,58	0,92
DYS576	0	1	18	0	1,1	1,74	1,21
DYS627	1	1	11	2,08	1,1	1,06	1,47
DYF387S1	0	3	10	0	1,6	0,48	0,79
durchschnittliche Mutationsrate x10^{-2}				**0,59**	**1,75**	**0,9**	**0,89**

Auch lässt sich keine eindeutige Aussage über die Verteilung von „Repeat“-Gewinn bzw. -Verlust der jeweiligen Y-STR-Systeme treffen (Antão-Sousa et al., 2017), (Ying et al.,2016), (Goedbloed et al., 2009), (Decker et al., 2008). Die in dieser Studie festgestellten Abweichungen zu anderen Studien können mit der zu geringen Probengröße erklärt werden.

5.4 Untersuchung der genetischen Distanz zwischen ausgewählten europäischen Populationen

In dem MDS-Plot (Abb. 35) lässt sich eine Clusterbildung zwischen Berlin-Brandenburg und Mecklenburg-Vorpommern, sowie zwischen Stuttgart und der Schweiz erkennen. Auf der Basis der R_{st}-Werte gibt es keine genetische Distanz zwischen dieser Studie und der Stichprobe aus Berlin-Brandenburg, das sich durch den sehr geringen geografischen Abstand und permanente Migrationsbewegungen erklären lässt. Ähnlichkeiten zwischen Haplotyppopulationen zeigen sich ebenfalls zwischen Stuttgart und der Schweiz. Zudem wird deutlich, dass die genetische Distanz zwischen der Stichprobe aus M-V deutlich geringer zu der dänischen Population ist als die genetische Distanz zur Population aus Oberösterreich bzw. Italien. Die Ergebnisse der AMOVA-Analyse zeigen eindrucksvoll, wie die ständige Zu- und Abwanderung über die Jahrhunderte u.a. durch Kriege, Fluchten oder der Industrialisierung vor allem zwischen den skandinavischen Ländern und Norddeutschland von Bedeutung ist. Durch Kriege siedelten sich vermehrt Männer an und durch Fluchten wanderten eher Frauen, Kinder oder ältere Menschen ein. Aufgrund dieses geschichtlichen Hintergrundes kann von einer Durchmischung der Bevölkerung ausgegangen werden, welche sich auch in der Allel- und Haplotypverteilung bemerkbar macht. Interessanterweise wurde die größte genetische Distanz dieser Studie zur polnischen Population festgestellt, obwohl es sich hierbei direkt um ein Nachbarland handelt. Aufgrund der geografischen Nähe und historischer Migrationsbewegungen wären größere Ähnlichkeiten zwischen diesen beiden Populationen zu erwarten. In einer Studie aus 2002 (Ploski et al., 2002) geht hervor, dass in der Geschichte Polens durch politische Veränderungen, Kriege, etc. große Bevölkerungsverschiebungen, wie die Bewegung der polnischen Bevölkerung in den Osten (heutige Ukraine und Weißrussland), das Ansiedeln deutscher Bevölkerungsgruppen und die Vernichtung von polnischen Juden während der 2. Weltkrieges, stattfanden. Nach politischer Stärkung jedoch wurden sämtliche Bevölkerungsgruppen nichtpolnischer Abstammung wieder vertrieben. Als Beispiel kann hier die Zurückdrängung der Deutschen aus Regionen wie Schlesien, Pommern, West- und Ostpreußen genannt werden. Der Anteil nichtpolnischer Bevölkerungsgruppen sank daraufhin rapide ab, sodass eine gewisse genetische Homogenität der väterlichen Linien entstand. Diese Beobachtung spiegelt sich auch in einer Studie aus 2005 wider (Kayser et al., 2005). Es zeigten sich statistisch signifikante Unterschiede bei der Untersuchung von Y-STRs und Y-SNPs in der Verteilung von väterlichen Linien zwischen Polen und Deutschland. Eine Nord-Süd- und Ost-West-Kluft kann hier ebenfalls, wie zuvor in einer europäischen Analyse, bestätigt werden (Roewer et al., 2005).

6. Zusammenfassung

Im Rahmen dieser populationsgenetischen Studie wurden 416 männliche in Mecklenburg-Vorpommern geborene nicht verwandte Personen und 48 Vater-Sohn-Paare mit dem kommerziell erhältlichen Yfiler® Plus Kit untersucht, welches die simultane Amplifikation von 27 Y-chromosomalen STR-Markern erlaubt. Neben den Y-chromosomalen STR-Systemen DYS389I, DYS635, DYS389II, DYS460, DYS458, DYS19, YGATAH4, DYS448, DYS391, DYS456, DYS390, DYS438, DYS392, DYS437, DYS385, DYS393, DYS439, DYS481 und DYS533, besitzt das Yfiler® Plus Kit zusätzlich die schnell mutierenden STR-Systeme (RM-Y-STRs) DYS576, DYS627, DYS518, DYS570, DYS449 und DYF387S1. Durch deren Verwendung können eng verwandte männliche Personen besser differenziert werden. Für die forensische Anwendung in der Spurenanalytik wurden STRs mit kurzen Allelfragmenten implementiert, so dass auch die Untersuchung von degradierter DNA gelingt. Die entsprechenden Allelhäufigkeiten der Y-chromosomalen STR-Loci wurden bestimmt. Innerhalb der 416 untersuchten Proben wurden 408 (98,08%) einzigartige Haplotypen beobachtet. Vier Haplotypen (0,96%) traten zweimal auf. Die Ergebnisse dieser Studie wurden mit den Ergebnissen weiterer europäischer Studien (Polen, Österreich, Dänemark, Italien) hinsichtlich populationsgenetischer Parameter verglichen. Die Haplotypdiversität für die im Yfiler® Plus Kit enthaltenen Y-STR-Marker liegt über 0.9998 und stimmt mit denen anderer europäischer Stichproben überein. Eine signifikante Steigerung der Haplotypdiversität gegenüber dem älteren Yfiler® Kit wurde festgestellt. Die höchsten Gendiversitäten (GD) befinden sich bei allen vier Vergleichsstudien in den RM-Y-STR-Systemen, sowie im Multi-Copy-System DYS385 und im System DYS458 (0,7-1,0) und zeigen signifikant höhere Werte als die herkömmlichen Systeme.

In der hier untersuchten Stichprobe aus M-V wurden seltene Allele, Triallele und Allelvarianten detektiert. Neben acht Zwischenallelen (11.2/14 im System DYS385; 16.2, 19.2, 20.2 im System DYS458; 12.1 im System DYS533 und 21.1 im System DYS627), die ebenfalls in anderen Studien beobachtet wurden, konnte ein Nullallel im System DYS392 festgestellt werden. Im System DYS570 zeigte sich ein bisher nicht beobachtetes Allel, Allel 27. Vier triallelische Alellkombinationen (35,36,38; 36,37,38; 36,38,39; 36,40,41) konnten im System DYF387S1 nachgewiesen werden. Die durchschnittliche Mutationsrate, der im Yfiler Plus Kit enthaltenen Y-STR-Marker, beträgt $5{,}4 \times 10^{-3}$ und stimmt mit anderen Mutationsstudien überein. Insgesamt wurden sieben Einschritt-Mutationen beobachtet. In den schnellmutierenden Y-STRs DYS570 und DYS627 zeigte sich jeweils eine Mutation. Die in

den RM-Y-STRs erwartete durchschnittlich höhere Mutationsrate von $>10^{-2}$ konnte in dieser Studie nicht bestätigt werden. Dies ist vermutlich der zu geringen Probengröße an Vater-Sohn-Paaren geschuldet.

Vergleichspopulationsstudien sind Subpopulationen Deutschlands und weitere Regionen Europas, bei denen sich zum Teil historische Bezüge herstellen lassen. Die genetische Distanz zwischen ausgewählten Haplotyppopulationen wurde mit Hilfe des von der YHRD bereitgestellten „AMOVA and MDS“ Tools berechnet und visualisiert. Es wurde keine genetische Distanz zwischen den Proben dieser Studie und einer Studie aus Berlin-Brandenburg festgestellt. Im Gegensatz dazu konnte eine geringe, aber signifikante genetische Distanz zwischen den Haplotyppopulationen dieser Studie und Dänemark festgestellt werden. Die größten signifikanten Unterschiede konnten zur polnischen Population festgestellt werden, welche bereits in früheren Studien beschrieben wurden.

Diese populationsgenetische Untersuchung ist die größte regionale Studie der Bundesrepublik Deutschland (Stand 2019), die bisher für Haplotypen im Yfiler® Plus Format durchgeführt wurde. Die Ergebnisse dieser Arbeit fließen in kürze in die YHRD ein, bei der es sich um die größte nichtkommerzielle Referenzdatenbank für Y-Chromosomen handelt. Die Ergebnisse dieser Arbeit verbessern die statistische Grundlage für die populationsbezogene Bewertung von Haplotyphäufigkeiten. Zusätzlich wurde die Datenlage durch die zur Verfügung gestellten systemspezifischen Mutationsdaten der 48 Vater-Sohn-Paare erweitert.

Literaturverzeichnis

Antão-Sousa, Sánchez-Diz, Abovich, Alvarez, Carvalho, Silva, Domingues, Farfán, Gutierrez, Pontes, Porto, Posada, Restrepo, Rodenbusch, Santapá, Schumacher, Suárez, Silva, Vullo, Pinto, Gusmão, (2017): *Mutation rates and segregation data on 16 Y-STRs: An update to previous GHEP-ISFG studies*, Forensic Sci Int (6) e601-e602

Ballantyne, Keerl, Wollstein, Choi, Zuniga, Ralf, Vermeulen, de Knijff, Kayser, (2012): *A new future of forensic Y-chromosome analysis: rapidly mutating Y-STRs for differentiating male relatives and paternal lineages*, Forensic Sci Int Genet (6) 208–218

Ballantyne, Ralf, Aboukhalid, Achakzai, Anjos, Ayub, Balazic, Jack Ballantyne, Ballard, Berger, Bobillo, Bouabdellah, Burri, Capal, Caratti, Cardenas, Cartault, Carvalho, Carvalho, Cheng, Coble, Comas, Corach, D'Amato, Davison, de Knijff, De Ungria, Decorte, Dobosz, Dupuy, Elmrghni, Gliwinski, Gomes, Grol, Haas, Hanson, Henke, Henke, Herrera-Rodriguez, Hill, Holmlund, Honda, Immel, Inokuchi, Jobling, Kaddura, Kim, S. Kim, W. Kim, King, Klausriegler, Kling, Kovacevic, Kovatsi, Krajewski, Kravchenko, Larmuseau, Lee, Lessig, Livshits, Marjanovic, Minarik, Mizuno, Moreira, Morling, Mukherjee, Munier, Nagaraju, Neuhuber, Nie, Nilasitsataporn, Nishi, Oh, Olofsson, Onofri, Palo, Pamjav, Parson, Petlach, Phillips, Ploski, Prasad, Primorac, Purnomo, Purps, Rangel-Villalobos, Rbała, Rerkamnuaychoke, Gonzalez, Robino, Roewer, Rosa, Sajantila, Sala, Salvador, Sanz, Schmitt, Sharma, Silva, Shin, Sijen, Sirker, Sivakova, Skaro, Solano-Matamoros, Souto, Stenzl, Sudoyo, Syndercombe-Court, Tagliabracci, Taylor, Tillmar, Tsybovsky, Tyler-Smith, van der Gaag, Vanek, Völgyi, Ward, Willemse, Yap, Yong, Zupanic Pajnic, Manfred Kayser, (2014*): Toward Male Individualization with Rapidly Mutating Y-Chromosomal Short Tandem Repeats*, Human Mutation, Vol. 35, No. 8, 1021–1032

Bär, Brinkmann, Budowle, Carracedo, Gill, Lincoln, Mayr, Olaisen, (1997): *DNA recommendations, Further report of the DNA Commission of the ISFH regarding the use of short tandem repeat systems*, Int J Legal Med 110: 175–176

Bräuer, (1982): *Early anatomically modern man in Africa and the replacement of the Mediterranean and European Neanderthals*, I. Congrès International de Paléontologie Humaine, Resumés: 112

Butler, (2001): *Forensic DNA typing - Biology and technology behind STRmarkers*, Academic Press, San Diego, ISBN 978-0121479510

Butler, Decker, Kline, Vallone, (2005): *Chromosomal duplications along the Y-chromosome and their potential impact on Y-STR interpretation*, Forensic Sci. (50) 853–9

Coble, Hill, Butler, (2013): *Haplotype data for 23 Y-chromosome markers in four U.S. population groups*, Forensic Sci Int Gen (7) e66–e68

Decker, Kline, Redman, Reid, Buttler, (2008): *Analysis of mutations in father-son pairs with 17 Y-STR loci*, Forensic Sci Int Genet (2) e31- e35

Edwards, Civitello, Hammond, Caskey, (1991): *DNA typing and genetic mapping with trimeric and tetrameric tandem repeats*, Am J Hum Genet 49(4): 746–756

Excoffier, Smouse, Quattro, (1992): *Analysis of Molecular Variance Inferred From Metric Distances Among DNA Haplotypes: Application to Human Mitochondrial DNA Restriction Data*, Genetics 131(2): 479-91

Findlay, Tóth, Matthews, Marton, Quirke, Papp, (1998): *Rapid trisomy diagnosis (21, 18, and 13) using fluorescent PCR and short tandem repeats: applications for prenatal diagnosis and preimplantation genetic diagnosis*, J Assist Reprod Genet. (15) 266–75

García, Yurrebaso, Mancisidor, López, Alonso, Gusmão, (2016): *Data for 27 Y-chromosome STR loci in the Basque Country autochthonous population*, Forensic Sci Int Genet (20) e10–e12

Goedbloed, Vermeulen, Fang, Lembring, Wollstein, Ballantyne, Lao, Brauer, Krüger, Roewer, Lessig, Ploski, Dobosz, Henke, J. Henke, Furtado, Kayser, (2009): *Comprehensive mutation analysis of 17 Y-chromosomal short tandem repeat polymorphisms included in the AmpFlSTR® Yfiler® PCR amplification kit*, Int J Legal Med 123: 471–482

Gopinath, Zhong, Nguyen, Ge, Lagacé, Short, Mulero, (2016): *Developmental validation of the Yfiler®Plus PCR Amplification Kit: An enhanced Y-STR multiplex for casework and database applications*, Forensic Sci Int Genet (24) 164–175

Gordon-Reed, (1998): *Thomas Jefferson and Sally Hemings: An American Controversy*, University of Virginia Press, Charlottesville, ISBN 9780813918334

Gusmão, Butler, Linacre, Parson, Rower, Schneider, Carracedo, (2017): *Revised guidelines for the publication of genetic population data*, Forensic Sci Int Genet (30) 160-163

Holsinger, Weir, (2009): *Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting F_{ST},* Nat Rev Genet. 10(9): 639–650.

Iacovacci, D'Atanasio, Marini, Coppa, Sellitto, Trombetta, Berti, Cruciani, (2017): *Forensic data and microvariant sequence characterization of 27 Y-STR loci analyzed in four Eastern African countries*, Forensic Sci Int Genet (27) 123–131

Jeffreys, Wilson, (1985): *Hypervariable ´minisatellite´ regions in human DNA*, Nature 314: 67-73

Jones, (1972): *Blood samples: probability of discrimination*, Forensic Sci (12) 355-359

Kayser, Caglià, Corach, Fretwell, Gehrig, Graziosi, Heidorn, Herrmann, Herzog, Hidding, Honda, Jobling, Krawczak, Leim, Meuser, Meyer, Oesterreich, Pandya, Parson, Penacino, Perez-Lezaun, Piccinini, Prinz, Schmitt, Roewer, (1997): *Evaluation of Y-chromosomal STRs: a multicenter study*, Int J Legal Med 110: 125–133

Kayser, Lao, Anslinger, Augustin, Bargel, Edelmann, Elias, Heinrich, Henke, Henke, Hohoff, Illing, Jonkisz, Kuzniar, Lebioda, Lessig, Lewicki, Maciejewska, Monies, Pawłowski, Poetsch, Schmid, Schmidt, Schneider, Stradmann-Bellinghausen, Szibor, Wegener, Wozniak, Zoledziewska, Roewer, Dobosz, Ploski, (2005): *Significant genetic differentiation between Poland and Germany follows present-day political borders, as revealed by Y-chromosome analysis*, Hum Genet 117: 428–443

Kayser, (2017): *Forensic use of Y-chromosome DNA: a general overview*, Hum Genet 136: 621–635

Kimpton, Fisher, Watson, Adams, Urquhart, Lygo, Gill, (1994): *Evaluation of an automated DNA profiling system employing multiplex amplification of four tetrameric STR loci*, Int J Legal Med volume 106: 302–311

Levinson, Gutman, (1987): *Slipped-Strand Mispairing: A Major Mechanism for DNA Sequence Evolution*, Mol Biol Evol. 4(3): 203-21

Mullis, (1990): *The unusual origin of the polymerase chain reaction*, Sci Am 262(4): 56-61

Olofsson, Smidt Mogensen, Buchard, Børsting, Morling, (2015): *Forensic and population genetic analyses of Danes, Greenlanders and Somalis typed with the Yfiler® Plus PCR amplification kit*, Forensic Sci Int Genet (16) 232–236

Ottaviani, Vernarecci, Asili, Agostino, Montagna, (2015): *Preliminary assessment of the prototype Yfiler® Plus kit in a population study of Northern Italian males*, Int J Legal Med 129: 729–730

Pickrahn, Müller, Zahrer, Dunkelmann, Cemper-Kiesslich, Kreindl, Neuhuber, (2016): Yfiler®Plus amplification kit validation and calculation of forensic parameters for two Austrian populations, Forensic Sci Int Genet (21) 90–94

Ploski, Wozniak, Pawlowski, Monies, Branicki, Kupiec, Kloosterman, Dobosz, Bosch, Nowak, Lessig, Jobling, Roewer, Kayser, (2002): *Homogeneity and distinctiveness of Polish paternal lineages revealed by Y chromosome microsatellite haplotype analysis*, Hum Genet 110: 592–600

Poznik, Xue, Mendez, Willems, Massaia, Wilson Sayres, Ayub, McCarthy, Narechania, Kashin, Chen, Banerjee, Rodriguez-Flores, Cerezo, Shao, Gymrek, Malhotra, Louzada, Desalle, Ritchie, Cerveira, Fitzgerald, Garrison, Marcketta, Mittelman, Romanovitch, Zhang, Zheng-Bradley, Abecasis, McCarroll, Flicek, Underhill, Coin, Zerbino, Yang, Lee, Clarke, Auton, Erlich, Handsaker, The 1000 Genomes Project Consortium, Bustamante, Tyler-Smith, (2016): *Punctuated bursts in human male demography inferred from 1,244 worldwide Y-chromosome sequences*, Nat Genet 48: 593-599

Pumpernik, Oblak, and Borštnik, (2008): *Replication slippage versus point mutation rates in short tandem repeats of the human genome*, Mol Genet Genomics (279) 53–61

Purps, Geppert, Nagy, Roewer, (2015): *Validation of a combined autosomal/Y-chromosomal STR approach for analyzing typical biological stains in sexual-assult cases*, Forensic Sci Int Genet (19) 238-242

Rapone, D'Atanasiob, Agostino, Mariano, Papaluca, Cruciani, Berti, (2016*): Forensic genetic value of a 27 Y-STR loci multiplex (Yfiler® Plus kit) in an Italian population sample*, Forensic Sci Int Genet (21) e1–e5

Robino, Ralf, Pasino, De Marchi, Ballantyne, Barbaro, Bini, Carnevali, Casarino, Di Gaetano, Fabbri, Ferri, Giardina, Gonzalez, Matullo, Nutini, Onofri, Piccinini, Piglionica, Ponzano, Previderè, Resta, Scarnicci, Seidita, Sorçaburu-Cigliero, Turrina, Verzeletti, Kayser, (2015): *Development of an Italian RM Y-STR haplotype database: Results of the 2013 GEFI collaborative exercise*, Forensic Sci Int Genet (15) 56-63

Roewer, Croucher, Willuweit, Lu, Kayser, Lessig, de Knijff, Jobling, Tyler-Smith, Krawczak, (2005): *Signature of recent historical events in the European Y-chromosomal STR haplotype distribution*, Hum Genet 116:279–291

Roewer, (2009): *Y chromosome STR typing in crime casework*, Forensic Sci Med Pathol (5) 77–84

Saiki, Gelfand, Stoffel, Scharf, Higuchi, Horn, Mullis, Erlich, (1988): *Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase*, Science 239 (4839): 487-491

Sánchez-Diz, Alves, Carvalho, Carvalho, Espinheira, García, Pinheiro, Pontes, Porto, Santapa, Silva, Sumita, Valente, Whittle, Yurrebaso, Carracedo, Amorim, Gusmão, GEP-ISFG (The Spanish and Portuguese Working Group of the International Society for Forensic Genetics), (2008): *Population and segregation data on 17 Y-STRs: results of a GEP-ISFG collaborative study*, Int J of Legal Med 122: 529–533

Schmidtke, Müller-Röber, van den Daele, Hucho, Köchy, Sperling, Reich, Rheinberger, Wobus, Boysen, Domasch (Herausgeber), (2007): *Gendiagnostik in Deutschland, Status quo und Problemerkundung, Supplement zum Gentechnologiebericht, Forschungsberichte der Interdisziplinären Arbeitsgruppen der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften,* Limburg: Forum W, 208 Seiten, broschiert, ISBN: 978-3-940647-00-9

Seielstad, Minch, Cavalli-Sforza, (1998): *Genetic evidence for a higher female migration rate in humans,* Nat Genet (20) 278-280

Sinclair, Berta, Hawkins, Taylor, Griffith, Goodfellow, Fellous, (1990): *Genetic evidence equating SRY and the testis-determining factor*, Nature 348 (6300):448-50

Slatkin, (1995): *A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies,* Genetics 139(1): 457-62

Spólnicka, Dąbrowska, Szabłowska-Gnap, Pałeczka, Jabłońska, Zbieć-Piekarska, Pięta, Boroń, (2017): *Intra- and inter-population analysis of haplotype diversity in Yfiler® Plus system using a wide set of representative data from Polish population*, Forensic Sci Int Genet (28) e22-e25

Stringer, (2011): *The Origin of Our Species*, Penguin / Allen Lane, 2011, ISBN 978-1846141409

Vermeulen, Wollstein, van der Gaag, Lao, Xue, Wangd, Roewer, Knoblauch, Tyler-Smith, de Knijff, Kayser, (2009*): Improving global and regional resolution of male lineage differentiation by simple single-copy Y-chromosomal short tandem repeat polymorphisms*, Forensic Sci Int Genet (3) 205–213

Vuichard, Borer, Bottinelli, Cossu, Malik, Meier, Gehrig, Sulzer, Morerod, Castella (2011): *Differential DNA extraction of challenging simulated sexual-assult samples: a Swiss collaborative study*, Investig Genet 2:11

Walsh, Metzger, Higuchi, (1991): *Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material*, Biotechniques, 10(4):506-513

Weber, May, (1989): *Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction*, Am J Hum Genet. 44(3) 388–396

Willems, Gymrek, Poznik, Tyler-Smith, 1000 Genomes Project Chromosome Y Group, Erlich, (2016): *Population scale sequencing data enable precise estimates of Y-STR mutation rates*, Am J Hum Genet (98) 919-933

Willuweit, Roewer, (2007): *International Forensic Y Chromosome User Group: Y Chromosome Haplotyp Reference Database (YHRD): update*, Forensic Sci Int Genet (2) 83-87

Willuweit, Roewer, (2015): *The new Y Chromosome Haplotype Reference Database*, Forensic Sci Int Genet (15) 43–48

Wright, (1978): *Evolution and the Genetics of Populations. Vol. 4*, University of Chicago Press, Chicago

Xu, X., Peng, Fang, Xu, X., (2000). *The direction of microsatellite mutations is dependent upon allele length*, Nat Genet (24) 396–399

Ying, Yong-ji, Chu-chua, Rana, Yanga, Xue-linga, Da-yuea, Hong-yua, (2016): Genetic polymorphisms and mutation rates of 27 Y-chromosomal STRs in a Han population from Guangdong Province, Southern China, Forensic Sci Int Genet (21) 5–9

Zgonjanin, Alghafri, Antov, Stojiljkovic, Petkovic, Vukovic, Draškovic, (2017): *Genetic characterization of 27 Y-STR loci with the Yfiler®Plus kit in the population of Serbia*, Forensic Sci Int Genet (31) e48–e49

Zhabagin, Sarkytbayeva, Tazhigulova, Yerezhepov, Li, Akilzhanov, Yeralinov, Sabitov, Akilzhanov, Yeralinov, Sabitov, Akilzhanova, (2018): *Development oft he Kazakhstan Y-chromosome haplotype reference database: analysis of 27 Y-STR in Kazakh population*, Int J Legal Med 133,1029–1032

Abbildungsverzeichnis

Abb. 1 Sequenzstruktur eines STR-Systems: Person A und Person B mit jeweils unterschiedlichen Allelen. Die Allelnomenklatur der Allele 4/7 und 5/6 basiert auf der Anzahl der 4-bp-Wiederholungseinheiten (ATCT) **3**

Abb.2 Darstellung eines Y-Chromosoms und dessen Auswahl häufig verwendeter Y-STR Marker, die sowohl auf dem p-kurzen Arm (Yp), als auch auf dem q-langen Arm (Yq) lokalisiert sind. Die orangefarben markierten distalen Enden sind die telomeren pseudoautomalen Regionen. (modifiziert nach STRBase: https://strbase.nist.gov/ystrpos1.htm) ……**6**

Abb. 3 Ablauf der PCR-Amplifikation. Der DNA-Doppelstrang wird im 1. Schritt getrennt. Anschließend lagern sich die Primer an die spezifischen DNA-Abschnitte an. Die Verlängerung (Elongation) der Primer geschieht durch den Einsatz der Taq-Polymerase, die die einzelnen Nukleotide zu einer neuen Matritze verbauen. Ein zum Mutterstrang (A) komplementärer Tochterstrang (a) entsteht. Dieser Ablauf wird zumeist 30-40 Mal wiederholt, wobei in jedem Zyklus eine Verdopplung stattfindet ……...**17**

Abb. 4 Darstellung eines Y-chromosomalen DNA-Profils (Y-STR-Haplotyp) aus Mecklenburg-Vorpommern. Folgende Y-STR-Systeme sind mit Hilfe des Yfiler® Plus Amplification Kits untersucht worden: DYS576, DYS389I, DYS635, DYS389II, DYS627, DYS460, DYS458, DYS19, YGATAH4, DYS448, DYS391, DYS456, DYS390, DYS438, DYS392, DYS518, DYS570, DYS437, DYS385, DYS449, DYS393, DYS439, DYS481, DYF387S1, DYS533……...……..……...**20**

Abb. 5 Darstellung eines Elektropherogramms einer mitgelieferten Allelleiter des Yfiler® Plus Amplification Kit……..**20**

Abb. 6 Darstellung eines Y-chromosomalen DNA-Profils (Y-STR-Haplotyp) einer männlichen Person aus Mecklenburg-Vorpommern. Folgende Y-STR-Systeme sind mit Hilfe des PowerPlex® Y23 Kits untersucht worden: DYS576, DYS389I/II, DYS448, DYS19, DYS391, DYS481, DYS549, DYS533, DYS438, DYS437, DYS570, DYS635, DYS390, DYS439, DYS392, DYS643, DYS393, DYS458, DYS385, DYS456, YGATAH …...……..**22**

Abb. 7 Prinzip der Kapillarelektrophorese. Die PCR-Produkte werden am Einsatz elektrokinetisch in eine Kapillare injiziert. Nach Anlegen einer Spannung wandern die DNA-Fragmente durch die mit Polymer gefüllte Kapillare in Richtung Anode. Bei Passieren des Laserfensters beginnen die farbmarkierten DNA-Fragmente zu fluoreszieren und senden bestimmte Wellenlängen aus. Diese werden von der CCD-Kamera erfasst und an die Software weitergeleitet, die im Anschluss die Daten analysiert ……...……**23**

Abb. 8 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS576 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……..…**32**

Abb. 9 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS389I einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern …..……**33**

Abb. 10 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS635 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern …...……**34**

Abb.11 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS389II einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern..……**35**

Abb. 12 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS627 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**36**

Abb. 13 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS460 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**37**

Abb. 14 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS458 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**38**

Abb. 15 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS19 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……..**39**

Abb. 16 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System YGATAH4 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……..**40**

Abb. 17 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS448 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**41**

Abb. 18 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS391 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**42**

Abb. 19 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS456 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**43**

Abb. 20 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS390 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**44**

Abb. 21 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS438 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**45**

Abb. 22 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS392 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**46**

Abb. 23 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS518 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**47**

Abb. 24 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS570 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**48**

Abb. 25 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS437 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**49**

Abb. 26 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS385 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**51**

Abb. 27 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS449 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**52**

Abb. 28 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS393 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**53**

Abb. 29 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS439 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**54**

Abb. 30 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS481 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**55**

Abb. 31 Darstellung des triallelischen Musters der Probe D141 im Y-STR-System DYF387S1 mit der Allelkombination 35/36/38 ……..**57**

Abb. 32 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYF387S1 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**57**

Abb. 33 Graphische Darstellung der Allele und Allelfrequenzen für das System DYS533 einer männlichen Untersuchungsgruppe aus Mecklenburg-Vorpommern ……...**58**

Abb. 34 Darstellung der Gendiversitäten der 27 Y-STR-Marker des Yfiler® Plus Amplification Kits in einer Population aus Mecklenburg-Vorpommern (gelbe Balken entsprechen RM-Y-STRs). Für die Berechnung der GD wurden DYS385 und DYF387S1 als single-marker verwendet……..……**61**

Abb. 35 MDS-Plot, berechnet auf der Grundlage der genetischen Distanz RST für sieben Populationen (Stichprobe aus Mecklenburg-Vorpommern und 6 YHRD-Populationen)……....**64**

Abb. 36 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS449 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen) …….……...**72**

Abb. 37 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS518 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)……**73**

Abb. 38 Darstellung der Allelverteilung für das System YGATAH4 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..……...**74**

Abb. 39 Darstellung der Allelverteilung für das System DYF387S1 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen) ……...**75**

Abb. 40 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS389I dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen) ……..…….....**76**

Abb. 41 Darstellung der Gendiversitäten der Yfiler® Plus Systeme von Studien aus Österreich, Polen, Norditalien und dieser Studie ……**77**

Abb. 42 Darstellung bzw. Erstnachweis des Allel 27 im System DYS570 der Probe D106 nach Amplifikation mittels Yfiler® Plus Kit……...**80**

Abb. 43 Darstellung des PCR-Resultates der Probe D106 in den Systemen DYS570 und DYS635 nach Amplifikation mittels PowerPlex® Y23 Kit (Fa. Promega). Da das Allel 27 außerhalb der systemspezifischen Leiter von DYS570 liegt, wird es als OFF-Ladder (OL)-Peak im nachfolgenden System DYS635 dargestellt. Allel 26 ist das letztmögliche Allel im DYS570, welches gemäß der Leiter noch korrekt benannt werden kann. Im DYS570 wird kein Allel detektiert……..……**80**

Abb. 44 Darstellung eines Nullallels im System DYS392 der Probe 15458 nach Amplifikation mittels Yfiler® Plus-Kit ……**81**

Abb. 45 Darstellung eines triallelischen Befundes der Probe D128 im System DYF387S1 mit der Allelkombination 36,40,41……....**81**

Abb. 46 Darstellung der heterozygoten Allelkombination 12,13 der Probe D422 im System DYS439……**82**

Abb. 47 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS576 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**118**

Abb. 48 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS385 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**118**

Abb. 49 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS635 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**118**

Abb. 50 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS448 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**119**

Abb. 51 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS627 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**119**

Abb. 52 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS460 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**119**

Abb. 53 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS458 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**120**

Abb. 54 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS19 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….**120**

Abb. 55 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS391 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**120**

Abb. 56 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS438 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**121**

Abb. 57 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS392 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….**121**

Abb. 58 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS390 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**121**

Abb. 59 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS437 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**122**

Abb. 60 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS439 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**122**

Abb. 61 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS481 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**122**

Abb. 62 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS570 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**123**

Abb. 63 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS393 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**123**

Abb. 64 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS533 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**123**

Abb. 65 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS389II dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..……..…...**124**

Abb. 66 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS456 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)…..…….....**124**

Tabellenverzeichnis

Tab. 1 Darstellung der Allele auf dem Y-Chromosom, in der Allelleiter, den enthaltenen Repeats und dem Farblevel des Yfiler® Plus Amplification Kit ……...**18**

Tab. 2 Forensische Parameter für 27 Y-STR Loci einer Population aus Mecklenburg-Vorpommern (M-V) …….**31**

Tab. 3 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS576 …….**31**

Tab. 4 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS389I ……**32**

Tab. 5 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS635 …….**33**

Tab. 6 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS389II ……..**34**

Tab. 7 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS627 …….**35**

Tab. 8 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS460 …….**36**

Tab. 9 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS458 …….**37**

Tab. 10 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS19 ……...**38**

Tab. 11 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System YGATAH4 ……**39**

Tab. 12 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS448 ……**40**

Tab. 13 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS391 …….....**41**

Tab. 14 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS456 …….....**42**

Tab. 15 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS390 …….**43**

Tab. 16 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS438 …….**44**

Tab. 17 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS392 …….**45**

Tab. 18 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS518 …….**46**

Tab. 19 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS570 …….**47**

Tab. 20 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS437 …….**48**

Tab. 21 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS385 …….**50**

Tab. 22 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS449 …….**51**

Tab. 23 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS393 …….**52**

Tab. 24 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS439 …….**53**

Tab. 25 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS481 …….……**54**

Tab. 26 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYF387S1 ….……**56**

Tab. 27 Allelhäufigkeiten und -frequenzen mit den dazugehörigen Standardfehlern, der Gendiversität und dem Diskriminationsindex für das Y-STR-System DYS533 …….**57**

Tab. 28 Allelfrequenzen einer Bevölkerungsstichprobe aus Mecklenburg-Vorpommern (n = 416) für 27 Y-STR-Systeme ……**59**

Tab. 29 Darstellung der Mutationen in 27 Y-STR-Systemen zwischen Vätern und Söhnen von 48 Vater-Sohn-Paaren ……**62**

Tab. 30 Darstellung der Mutationsraten pro System und dem Konfidenzintervall (95% CI) ……**62**

Tab. 31 R_{ST}-Werte für alle Bevölkerungspaare; P-Werte oberhalb der Diagonale …...**63**

Tab. 32 Vergleich der Allelverteilung von 27 Y-STRs einer Population aus M-V mit anderen ausgewählten europäischen Populationen ……...……...**66**

Tab. 33 Forensische Parameter für 27 Y-STR Loci einiger ausgewählter Populationen aus Italien (Rapone et al. 2016), Österreich (Pickrahn et al., 2016), Polen (Spolnicka et el., 2017) und Dänemark (Olofsson et al., 2015) ……..……**79**

Tab. 34 Besonderheiten, Microvarianten bzw. selten beobachtete Allelkombinationen für 27 Y-STR Loci in einer Population aus M-V……..……**79**

Tab. 35 Übersicht über die Anzahl der Mutationen und die Mutationsraten der RM-Y-STR Systeme dreier ausgewählter Studien sowie der Mutationsraten in der YHRD-Referenz-Datenbank…….**83**

Tab. 36 Allelverteilung der untersuchten männlichen Probanden in Mecklenburg-Vorpommern ...……..**99**

Tab. 37 Allelverteilung der untersuchten Vater-Sohn-Paare in Mecklenburg-Vorpommern, wobei Kleinbuchstaben “a” den Vater und “b” den Sohn darstellen ……**113**

Thesen

1. Die forensische Genetik ist ein Teilgebiet der Rechtsmedizin.
2. Neben der Typisierung autosomaler STR-Marker ist die Y-chromosomale STR-Analyse heute fester Bestandteil der molekulargenetischen Untersuchung im Bereich der Abstammungsbegutachtung bzw. forensischen Spurenanalyse.
3. Besonders beim Vorliegen von Mischspuren können durch Amplifikation Y-chromosomaler STR-Marker wertvolle Hinweise auf die Identität eines männlichen Verursachers erzielt werden, wenn die konventionelle autosomale STR-Analyse ergebnislos bleibt.
4. Y-STR-Haplotypen werden mit Ausnahme seltener Ereignisse (Mutationen) unverändert innerhalb der paternalen Linie vererbt.
5. Der zusätzliche Einsatz schnell mutierender Y-STR-Systeme („rapidly mutating Y-STR“- oder RM-Y-STR) ermöglicht zudem eine bessere Individualisierung nah verwandter männlicher Personen.
6. Das in dieser Populationsstudie kommerziell erhältliche Yfiler® Plus-PCR-Amplification-Kit (Thermo Fisher Scientific) enthält sieben RM-Y-STRs und besitzt mit insgesamt 27 amplifizierbaren Y-STRs den aktuell höchsten Informationsgehalt (Stand 2018).
7. Die Y-Chromosome Haplotype Reference Database (YHRD) ist die größte nicht-kommerzielle und nicht-polizeiliche Referenzdatenbank für Y-Chromosomen. Den geringsten Anteil der Datenbank stellen derzeit Haplotypen im Yfiler® Plus-Format dar.
8. Für die exakte Interpretation von Y-STR-Befunden im Rahmen der Abstammungsbegutachtung und Spurenanalyse ist zudem die Kenntnis von Mutationsraten der Y-STR-Loci essenziell.
9. Ziel dieser umfangreichen Populationsstudie ist die Erhebung populationsgenetischer Daten für die Region Mecklenburg-Vorpommern sowie die Bestimmung von System-spezifischen Mutationsraten.
10. Es wurden 416 nicht verwandte Männer und 48 Vater-Sohn-Paare aus Mecklenburg-Vorpommern typisiert.
11. Unter den 416 untersuchten Proben wurden 408 (98,08%) einzigartige Haplotypen beobachtet und 4 (0,96%) Haplotypen festgestellt, die zweimal auftraten.
12. Die Haplotypdiversität ergab einen Wert von 0.999879.

13. Eine signifikante Steigerung der Haplotypdiversität gegenüber dem älteren Yfiler® Kit wurde festgestellt.
14. Die Diskriminationskapazität ergab einen Wert von 0,990385.
15. Die Gendiversität variiert zwischen 0,3 für das System DYS393 und 0,9 für das System DYF387S1.
16. Es wurde eine signifikant höhere Gendiversität für die RM-Y-STRs festgestellt.
17. Beim Vergleich der Gendiversitäten mit drei weiteren europäischen Ländern (Polen, Norditalien, Österreich) befinden sich die höchsten Gendiversitäten ebenfalls in den RM-Y-STR-Systemen, sowie im Multi-Copy-System DYS385 und im System DYS458.
18. Acht Zwischenallele konnten in vier verschiedenen Y-STR-Loci (DYS385; DYS458; DYS533; DYS627) festgestellt werden. Im Multi-Copy System DYF387S1 wurden 4 triallelische Befunde detektiert.
19. Im System DYS570 konnte ein bisher nicht beschriebenes Allel, Allel 27, beobachtet werden.
20. Im System DYS392 wurde außerdem ein Nullallel beobachtet und im System DYS439 zeigte sich die seltene heterozygote Allelkombination 12,13.
21. Im Rahmen der Mutationsstudie ergaben sich bei der Untersuchung von 48 Vater-Sohn-Paaren 7 Allelabweichungen zwischen den Vätern und den Söhnen.
22. Die durchschnittliche Mutationsrate pro Locus beträgt 5.4×10^{-3} und liegt damit im erwarteten Bereich.
23. Zwei von sieben Mutationen sind in den RM-Y-STRs DYS570 und DYS627 zu finden. Die durchschnittliche Mutationsrate der schnell mutierenden Y-STR-Marker beträgt $0,59 \times 10^{-2}$ und liegt nicht im erwarteten Bereich von $>1 \times 10^{-2}$.
24. Die genetische Distanz zwischen ausgewählten Haplotyppopulationen wurde mit Hilfe des „AMOVA and MDS“ Tools berechnet und visualisiert.
25. Es wurde keine genetische Distanz zwischen den Proben aus dieser Studie und einer Studie aus Berlin-Brandenburg festgestellt.
26. Die größten signifikanten Unterschiede konnten zur polnischen Population festgestellt werden.
27. Die Ergebnisse dieser Arbeit verbessern die statistische Grundlage für die populationsbezogene Bewertung von Haplotyphäufigkeiten.

Anlagen

Tab. 36: Allelverteilung der untersuchten männlichen Probanden in Mecklenburg-Vorpommern

	DYS576	DYS389I	DYS635	DYS389II	DYS627	DYS460	DYS458	DYS19	YGATAH4	DYS448	DYS391	DYS456	DYS390	DYS438	DYS392	DYS518	DYS570	DYS437	DYS385	DYS449	DYS393	DYS439	DYS481	DYS387S1	DYS533
1	18	13	23	31	17	11	14	17	13	20	10	16	25	11	11	39	19	14	11/13	32	13	10	23	36/38	12
2	18	13	23	31	16	11	15	16	12	20	10	16	25	11	11	41	18	14	11/14	35	13	11	24	38/39	12
3	17	13	23	29	19	11	18	15	12	20	9	15	24	12	13	38	18	15	11/15	31	13	13	22	35/36	12
4	15	14	22	30	21	10	17	15	12	19	11	12	24	10	14	39	18	14	11/12	28	15	10	20	36/36	11
5	18	12	22	30	20	11	15	14	11	19	10	13	22	10	11	38	20	16	13/13	28	13	11	26	37/37	12
6	16	14	22	30	21	10	17	15	12	19	11	13	23	10	14	38	20	14	11/13	28	14	10	20	36/36	11
7	17	13	23	29	22	11	17	14	12	19	10	16	23	12	13	39	16	15	11/14	29	13	12	22	35/36	12
8	19	13	23	28	22	11	16	14	13	19	11	16	24	13	13	36	18	15	11/14	29	13	12	22	35/36	12
9	16	12	21	28	19	11	17	15	11	18	10	12	24	9	11	38	18	16	15/18	29	12	13	23	37/38	12
10	17	13	23	29	16	12	15	15	13	20	10	17	25	11	11	40	19	14	11/15	29	13	11	23	37/39	12
11	18	13	23	29	16	10	15	15	13	20	10	16	26	11	11	43	18	14	10/14	31	13	10	23	36/37	12
12	18	14	23	30	21	11	19	14	12	19	11	15	24	12	13	38	20	15	11/14	30	13	11	22	35/36	12
13	16	12	22	28	20	12	15	14	11	21	10	14	23	10	11	39	19	16	14/14	27	13	11	25	37/37	11
14	16	12	22	28	20	10	15	14	11	20	10	14	22	10	11	38	19	16	13/14	29	13	11	25	37/38	11
15	16	13	21	29	23	9	17	15	11	20	10	14	22	9	11	37	16	15	13/15	30	12	11	24	37/41	11
		1	1	2	2	1	1	1		12	2	1	1	2	1	1	3	1	1	13/1	3	1	1	2	37/3	
17	18	13	23	31	17	11	14	16	12	20	11	15	25	11	11	40	20	14	11/14	32	13	10	23	36/38	12
18	15	13	21	29	21	10	16	14	11	21	10	15	23	9	11	37	16	14	13/16	30	12	11	25	36/40	12
19	17	13	23	29	24	11	17	14	12	19	11	18	24	13	13	38	16	14	11/14	29	13	12	21	35/37	12
20	17	14	23	30	22	11	17	14	12	19	10	16	23	12	14	36	16	15	12/15	31	12	11	22	35/36	12
21	17	13	23	31	19	10	18	13	11	19	10	15	24	11	11	39	17	14	17/18	33	13	12	25	39/41	10
22	17	13	23	30	17	11	16	16	11	20	11	17	25	11	11	42	18	14	11/14	31	13	11	23	37/38	12
23	17	12	23	28	23	10	16	14	12	19	10	16	25	12	14	38	18	15	11/14	28	13	12	23	36/36	12
24	17	13	23	29	21	11	18	14	11	19	10	17	23	12	13	38	17	15	11/14	30	13	12	21	35/36	12
25	19	13	23	31	16	11	15	16	12	20	10	16	25	11	11	43	17	14	11/14	31	13	10	23	36/37	12
26	16	12	22	28	19	10	15	14	11	20	10	14	23	10	11	38	19	16	13/14	28	13	11	25	38/38	11
27	19	12	22	28	19	11	15	14	10	20	10	16	22	10	11	39	19	16	13/14	27	13	11	25	38/38	11
28	19	12	25	30	17	11	16	16	12	20	11	16	24	11	11	41	19	14	11/15	32	13	11	23	38/38	11
29	16	12	20	29	18	10	17	15	11	21	10	16	22	10	11	36	17	16	15/15	31	14	11	21	39/39	9
30	14	12	21	27	19	10	15	14	11	20	10	14	22	10	11	36	19	16	14/14	32	14	11	26	37/37	12
31	16	12	21	29	19	10	16	14	11	20	10	14	22	10	11	41	18	16	13/14	28	13	11	25	37/37	11

32	17	13	23	29	22	11	16	14	12	19	11	15	23	12	13	37	17	15	11/14	29	13	12	22	35/36	12
33	18	13	23	30	17	11	16	16	12	20	10	16	25	11	11	39	18	14	10/14	31	13	10	25	36/38	12
34	18	14	23	32	16	11	15	16	12	19	10	16	25	11	11	41	20	14	11/14	31	13	10	23	37/38	12
35	17	13	23	29	19	11	17	15	12	20	11	15	25	12	13	35	19	14	11/14	29	13	12	22	35/36	12
36	19	13	23	29	16	11	17	16	12	20	10	17	25	11	11	43	18	14	11/14	32	13	12	25	36/38	12
37	17	12	25	29	20	10	17	16	11	20	10	16	23	10	11	40	15	15	12/14	35	13	11	25	39/39	12.1
38	18	13	23	29	23	11	17	14	11	18	11	16	24	13	13	38	17	14	11/14	29	13	13	23	35/36	12
39	18	13	23	31	20	10	17	16	11	20	11	15	24	10	11	39	18	15	14/15	32	13	14	27	38/39	13
40	20	13	23	29	17	10	16	16	12	20	10	17	25	11	11	41	20	14	11/14	32	13	11	25	36/38	12
41	16	12	22	28	19	10	15	14	11	20	11	14	22	10	11	38	19	16	13/14	28	13	11	26	37/38	11
42	18	13	23	29	23	11	16	15	13	18	11	15	24	12	13	39	17	15	11/14	31	12	12	23	35/35	12
43	18	12	21	30	19	10	18	13	9	20	10	15	23	10	11	42	18	14	16/16	31	13	12	26	38/39	11
44	14	12	20	29	18	10	16	15	13	21	10	15	22	10	11	37	17	16	14/15	31	14	11	21	38/39	9
45	16	13	21	29	22	10	15	14	11	20	10	14	23	10	11	41	20	16	13/14	28	13	11	22	33/39	11
46	18	13	23	28	20	10	15	14	13	20	11	15	23	12	13	36	15	15	11/14	30	13	11	22	35/36	12
47	18	13	23	30	17	11	15	17	12	20	10	16	25	11	11	41	18	14	10/14	31	13	11	25	37/38	12
48	18	14	23	32	16	11	15	16	12	19	10	16	25	11	11	40	20	14	11/14	31	13	10	23	37/38	12
49	17	15	21	31	20	10	21	15	11	18	10	14	23	10	11	39	18	14	12/14	31	13	11	27	37/38	13
50	19	14	23	30	23	11	20	13	12	20	12	16	24	12	13	38	19	15	13/15	30	13	11	21	34/35	13
51	19	13	23	29	24	11	19	14	11	19	10	16	24	12	13	39	17	15	11/15	29	13	12	22	35/36	12
52	17	13	21	29	23	10	14	14	11	20	11	15	22	10	11	39	18	16	13/13	29	13	11	25	37/37	11
53	18	13	23	30	18	11	17	17	12	20	10	16	25	11	11	42	21	14	10/14	32	13	10	25	36/38	12
54	17	14	23	30	22	10	17	15	12	19	11	13	23	10	14	40	18	14	12/13	28	14	10	20	35/35	11
55	17	12	22	29	22	10	15	14	11	20	10	14	23	10	11	38	19	16	14/14	27	13	11	24	37/37	11
56	17	13	24	29	23	12	16	14	11	18	11	14	24	12	13	38	18	14	11/14	30	13	11	23	35/36	12
57	17	13	23	29	23	11	16	14	13	19	10	16	24	12	13	41	17	16	11/14	30	13	13	22	36/37	12
58	18	13	23	29	22	10	17	14	11	19	11	16	24	12	13	38	17	15	11/14	29	13	11	21	35/36	12
59	19	13	23	30	20	11	17	14	12	19	10	16	25	12	13	39	18	14	11/14	32	12	11	22	35/35	12
60	17	13	23	29	16	11	17	16	13	20	10	16	25	11	11	44	19	14	11/14	33	13	11	25	36/38	12
61	17	13	23	30	20	10	17	14	11	19	11	15	24	12	13	38	17	15	11/14	30	13	12	22	35/36	13
62	18	13	24	30	16	12	15	17	12	20	10	15	25	11	11	41	19	14	11/15	33	13	13	25	38/38	13
63	16	13	23	29	23	10	17	14	12	19	10	15	25	12	14	36	17	16	11/14	29	13	13	22	35/36	12
64	17	13	21	29	21	12	14	15	12	20	10	15	23	9	11	36	16	15	13/16	29	12	12	22	38/39	11
65	17	13	21	30	22	10	16	15	10	20	10	14	23	10	12	38	19	15	15/15	29	14	11	28	37/37	11
66	16	13	23	30	22	10	17	14	12	19	10	15	24	12	13	39	18	15	11/14	31	13	11	21	35/36	13
67	18	13	23	29	20	11	17	14	10	19	11	15	24	12	13	36	18	15	11/14	28	13	12	22	36/36	12

68	17	13	23	31	17	11	14	16	12	20	10	14	25	11	11	41	18	14	11/14	32	13	10	23	38/38	12
69	18	13	24	30	16	11	15	16	12	19	10	16	24	11	11	40	18	14	11/14	34	13	11	23	38/39	12
70	17	13	22	31	19	10	17	13	12	20	10	17	24	10	11	38	18	14	16/17	31	13	12	22	36/38	12
71	17	13	23	30	21	11	16.2	14	13	19	11	15	25	12	13	36	17	15	11/11	30	13	11	22	35/36	12
72	20	14	24	30	20	11	17	14	12	19	10	16	24	12	13	39	17	14	9/15	29	13	12	23	35/35	12
73	16	14	21	30	22	10	17	15	12	19	11	13	24	10	15	39	18	14	11/13	28	14	10	20	35/35	11
74	17	13	23	29	22	11	19	13	11	19	11	16	23	12	13	36	17	15	11/13	29	13	12	22	35/37	12
75	17	12	22	29	22	10	15	14	11	20	10	14	23	10	11	38	19	16	14/14	27	13	11	24	37/37	11
76	17	13	23	29	23	10	17	14	12	19	11	17	24	12	13	36	17	15	11/15	29	13	12	23	36/36	12
77	18	14	23	30	23	11	18	14	12	19	11	15	24	12	13	38	18	15	11/14	34	13	8	22	36/36	12
78	18	13	22	32	20	9	16	13	12	21	11	15	24	10	11	42	21	14	16/18	32	13	11	22	35/38	12
79	20	13	23	29	25	11	17	14	11	19	11	15	24	12	13	37	16	15	12/14	28	13	12	22	35/35	12
80	17	13	23	29	19	11	17	15	12	20	11	15	25	12	13	35	19	14	11/14	29	13	12	22	35/36	12
81	18	14	23	30	16	11	16	16	12	20	10	16	25	11	11	45	18	14	11/15	32	13	11	25	36/38	12
82	17	13	23	30	17	11	15	16	13	20	11	16	25	11	11	44	18	14	11/13	32	13	11	23	37/38	12
83	18	13	23	29	21.1	11	18	14	12	19	11	15	24	13	13	37	17	15	12/15	28	13	12	23	35/37	12
84	18	12	21	28	20	10	15	14	11	20	10	14	22	10	6	36	20	16	15/15	28	13	12	25	37/37	11
85	17	13	23	30	16	12	15	15	13	20	10	16	25	11	11	42	16	14	10/14	33	13	10	23	36/36	12
86	19	13	23	29	16	11	16	15	12	20	10	16	25	11	11	40	18	14	11/11	32	13	11	25	36/38	12
87	18	13	23	31	20	10	16	16	11	19	10	15	24	10	11	40	19	14	14/16	30	13	12	30	38/38	12
88	15	12	23	29	22	11	18	14	12	19	11	15	23	12	13	37	17	15	12/14	29	13	12	22	36/36	12
89	19	13	23	29	21	11	15	14	13	19	11	16	24	11	12	39	17	14	11/14	29	13	11	22	35/36	12
90	17	13	23	29	25	10	17	14	12	19	10	15	24	12	13	37	17	15	11/14	30	13	12	22	34/36	12
91	18	12	21	29	21	10	15	15	11	20	10	14	23	10	11	40	21	16	14/14	29	13	11	23	37/38	12
92	17	13	23	29	22	11	18	14	12	19	11	15	24	12	12	37	17	16	10/15	31	13	12	22	35/36	12
93	17	13	21	30	24	9	15	13	12	20	10	15	24	10	11	40	20	14	16/19	33	13	12	21	35/36	12
94	15	13	23	29	23	11	18	14	11	19	12	16	24	12	13	38	17	15	11/15	30	13	11	22	35/36	13
95	18	13	23	29	22	11	17	14	11	20	11	16	23	12	13	38	18	15	11/14	28	13	12	22	35/38	11
96	18	13	23	29	16	11	16	17	12	20	10	16	25	11	11	43	19	14	11/14	33	13	12	25	36/38	12
97	17	14	23	31	17	11	15	16	12	20	11	17	25	11	11	41	20	14	11/14	32	13	10	23	37/38	12
98	17	13	25	29	22	10	16	14	12	19	11	16	24	12	13	38	18	15	11/15	28	13	12	23	33/36	12
99	14	12	22	28	20	11	19	16	11	19	10	13	24	9	11	41	18	16	13/17	31	12	11	23	38/38	12
100	18	13	24	31	16	12	14	15	14	19	10	15	24	11	11	42	27	14	11/15	32	13	10	23	38/39	12
101	18	13	23	31	20	10	17	16	11	20	11	15	24	10	11	40	18	14	14/16	33	13	13	31	38/39	13
102	17	13	23	29	21	10	16	14	12	19	11	16	24	12	13	38	18	15	11/15	29	14	12	23	33/36	12
103	18	14	22	31	19	11	15	15	12	20	11	15	23	10	12	41	20	15	15/16	28	14	11	27	37/37	12

104	17	13	25	30	16	11	17	15	12	20	10	16	25	11	11	39	18	14	11/14	35	13	10	25	37/39	13
105	17	13	23	30	20	10	16	14	11	19	11	14	24	12	13	38	17	15	11/14	30	14	12	21	35/36	12
106	16	14	23	30	22	11	16	14	12	19	11	15	24	12	13	39	18	15	11/15	28	13	12	22	35/35	12
107	18	13	23	29	21	10	16	14	13	19	11	15	23	12	13	40	16	15	11/14	29	13	12	22	35/36	13
108	16	12	23	28	20	10	17	14	10	20	10	14	23	8	11	40	19	16	13/14	30	13	11	26	36/39	11
109	19	13	23	29	22	11	19	14	11	19	11	15	23	13	13	36	18	15	11/13	28	13	12	23	35/36	12
110	18	13	24	29	23	10	17	15	12	17	10	15	24	12	13	37	17	15	11/14	31	13	11	22	35/37	12
111	15	12	22	28	22	11	15	15	11	20	10	13	22	10	11	39	19	16	13/14	29	13	11	26	38/39	11
112	19	13	23	30	20	10	17	16	11	20	11	15	24	10	11	38	18	15	14/15	31	13	13	29	37/38	13
113	17	14	23	30	16	11	16	16	12	20	10	17	25	11	11	42	18	14	11/14	33	13	12	25	36/38	12
114	18	13	23	29	16	11	16	16	12	20	10	16	26	11	11	44	19	14	11/11	31	13	11	25	36/38	11
115	19	13	23	31	17	11	17	17	12	20	10	14	25	11	11	41	19	14	10/14	33	13	10	25	36/38	12
116	18	13	20	31	20	12	16	15	11	21	10	15	24	10	11	39	19	14	18/18	33	12	12	22	35/36	12
117	17	14	22	31	21	9	15	14	12	20	10	17	24	10	11	40	19	14	16/17	30	13	13	22	35/38	12
118	17	13	23	29	20	10	19	14	12	19	11	15	23	12	13	40	17	15	11/14	29	13	12	23	35/36	12
119	16	13	23	29	22	8	17	14	12	19	11	15	24	12	14	39	17	14	11/14	29	13	12	22	36/37	12
120	20	13	23	30	17	11	14	16	12	20	10	14	25	11	11	41	20	14	11/14	30	13	10	24	36/38	13
121	17	13	23	29	22	11	18	14	11	19	11	16	23	12	13	41	17	15	11/14	30	13	13	22	35/38	12
122	17	13	21	30	20	11	15	14	10	21	10	17	22	9	11	39	16	15	15/15	31	12	11	25	36/40/41	11
123	18	13	23	29	23	11	17	14	11	19	10	17	24	12	14	39	16	15	11/13	30	12	12	22	35/36	12
124	19	13	23	30	17	10	15	15	13	20	10	17	25	11	11	42	19	14	11/15	31	13	10	22	37/37	11
125	18	13	24	29	17	11	17	17	12	20	10	15	25	11	11	42	19	14	10/14	33	13	10	24	36/38	12
126	16	12	22	28	20	10	15	14	11	20	10	14	23	10	11	38	21	16	13/14	28	13	11	25	37/39	11
127	17	12	22	27	19	11	15	14	10	20	10	15	22	10	11	38	19	16	13/14	26	13	12	26	38/38	11
128	20	13	24	28	22	11	18	14	12	19	10	15	23	12	13	39	17	15	11/14	30	13	12	23	35/36	12
129	18	13	23	29	21	12	18	14	12	19	11	15	24	12	14	37	18	15	11/15	29	13	13	22	35/36	11
130	18	13	23	29	23	11	16	14	12	19	11	16	23	12	13	38	18	15	11/11	28	13	12	22	36/36	12
131	19	12	24	28	22	12	16	14	12	19	10	15	24	12	13	38	18	15	11/16	29	13	12	22	35/36	12
132	20	13	25	30	18	11	15	16	12	20	10	15	25	11	11	45	19	14	10/16	33	13	11	23	37/38	12
133	19	13	23	30	20	11	16	14	12	20	12	18	24	12	13	38	18	15	11/14	31	12	12	22	35/35	13
134	16	12	23	28	19	11	16	15	11	19	10	13	24	9	11	41	17	16	13/17	27	12	12	23	38/39	11
135	15	13	21	30	21	11	17	14	12	20	11	14	24	9	11	39	16	16	13/15	30	12	11	24	37/39	12
136	16	12	22	29	19	10	16	14	11	20	10	14	22	10	11	38	19	16	12/15	29	13	13	24	36/38	11
137	19	13	24	30	19	10	18	16	11	19	11	15	24	10	11	39	18	15	14/15	29	13	13	30	38/39	13
138	18	13	21	31	20	10	16	16	11	19	11	15	24	10	11	40	18	15	14/16	30	13	13	29	38/38	13
139	20	14	23	30	20	11	15	14	12	19	11	15	24	12	13	40	17	15	11/14	30	13	12	23	35/36	12

140	17	13	23	30	22	11	16	14	12	21	10	16	24	12	13	38	17	15	11/15	31	13	12	22	35/38	12
141	17	14	23	30	20	10	17	14	12	19	11	17	23	12	13	40	19	15	11/14	29	13	12	22	35/36	12
142	17	13	23	29	17	11	15	16	13	20	11	15	25	11	11	42	18	14	11/13	31	13	12	23	37/38	12
143	16	14	21	30	23	11	18	15	11	21	10	14	23	11	11	38	18	15	12/12	31	13	10	21	35/37	11
144	17	12	23	28	21	10	18	14	11	19	11	16	24	12	13	36	16	15	11/14	31	13	12	22	35/36	12
145	18	13	23	30	21	11	16	14	12	19	11	16	24	12	13	38	18	15	11/14	33	12	12	22	35/35	13
146	18	13	23	29	23	11	17	14	12	20	10	16	23	12	13	39	16	15	11/14	29	13	12	22	35/36	12
147	18	13	21	30	21	9	15	13	11	20	10	18	25	11	11	40	20	15	16/18	33	13	11	23	34/38	12
148	18	13	23	30	17	11	15	15	13	20	12	15	24	11	11	40	19	14	11/14	31	13	10	24	39/39	12
149	18	13	23	30	21.1	11	18	14	12	19	11	16	24	13	13	37	17	15	12/15	28	13	11	21	35/37	12
150	16	13	23	30	17	11	16	15	12	19	11	17	25	11	11	40	18	14	11/14	30	13	11	23	37/39	12
151	17	13	23	29	21	10	17	14	12	18	10	16	24	12	14	37	20	15	11/14	29	13	14	22	35/36	12
152	18	13	23	31	17	12	16	16	11	20	11	16	26	11	11	41	19	14	10/14	31	13	10	26	36/38	12
153	17	13	23	29	21	10	18	14	12	19	11	15	23	12	13	39	16	15	11/14	28	13	11	22	35/36	11
154	17	13	23	29	16	11	16	15	12	20	10	16	25	11	11	45	19	14	11/14	32	13	11	25	38/39	12
155	17	13	24	29	22	11	16	14	11	19	11	16	24	12	13	37	17	15	11/14	29	13	12	21	35/35	11
156	18	14	23	31	17	11	16	17	12	20	10	17	24	11	11	40	17	14	11/14	32	13	11	25	36/38	12
157	16	13	21	30	19	11	15	14	10	20	10	15	22	10	11	39	22	16	14/16	26	13	11	26	37/37	12
158	17	13	21	30	19	10	16	13	13	20	9	15	25	9	11	38	12	14	16/19	30	14	12	26	37/37	11
159	16	12	22	28	21	10	15	14	11	20	10	14	22	10	11	38	20	16	13/14	28	13	11	24	37/38	11
160	16	12	22	28	19	10	15	14	11	20	10	14	23	10	11	40	22	16	13/14	28	13	11	25	38/38	11
161	17	13	23	30	17	11	17	16	13	19	11	17	25	10	11	40	19	14	11/15	30	13	11	23	36/38	12
162	18	13	23	30	18	11	14	17	12	20	11	16	25	11	11	40	19	14	11/14	31	13	10	23	38/38	12
163	18	13	23	31	16	11	14	17	12	20	11	16	25	8	11	41	20	14	11/14	32	13	11	23	36/38	12
164	17	13	23	31	20	10	17	16	11	19	11	15	23	10	11	41	18	15	16/16	28	13	14	30	36/39	13
165	16	12	22	28	19	10	15	14	11	20	10	14	24	10	11	37	22	16	13/14	28	13	11	25	38/38	11
166	18	13	23	29	22	10	17	15	13	18	11	16	23	12	14	36	17	14	11/11	28	13	12	21	36/36	12
167	16	12	21	28	22	9	17	16	10	21	11	14	25	10	11	35	18	15	13/16	25	13	11	24	36/37	11
168	18	13	23	30	16	11	14	16	13	20	12	16	25	11	11	41	19	14	11/14	32	13	10	23	36/38	12
169	16	12	21	29	18	10	16	14	11	21	10	15	22	10	11	41	22	16	13/14	28	13	11	25	37/38	11
170	17	12	22	28	21	12	16	15	11	19	10	13	24	9	11	38	17	16	13/17	29	12	12	22	37/38	12
171	21	13	23	30	16	11	16	16	12	20	10	16	25	11	11	42	20	14	11/14	33	13	11	25	36/37	12
172	17	13	23	29	23	11	16	14	11	19	11	17	23	12	13	38	19	15	11/11	29	13	11	22	35/37	11
173	15	13	25	30	23	11	16	14	12	19	11	16	23	12	13	40	17	15	11/14	29	14	12	22	35/38	12
174	17	13	22	30	19	11	20	15	10	20	10	15	22	10	11	38	17	16	12/14	27	14	12	21	37/38	9
175	19	13	23	29	16	11	16	15	11	20	10	16	24	11	11	40	19	14	11/14	32	13	11	25	36/38	12

176	16	12	21	28	19	10	15	14	11	20	10	14	22	10	11	39	20	16	13/14	26	13	12	25	37/39	11
177	15	13	22	29	19	10	15	14	11	20	10	14	22	10	11	39	20	16	13/14	28	13	11	25	38/39	11
178	19	13	23	30	16	11	16	16	12	20	10	17	25	11	11	41	19	14	11/14	32	13	11	25	36/38	12
179	18	13	23	29	21	11	18	16	12	18	11	16	23	12	13	38	17	15	11/12	28	13	12	24	36/36	11
180	18	13	23	29	16	11	16	16	12	20	11	17	25	11	11	45	19	14	11/14	34	13	11	25	36/38	12
181	18	13	23	29	23	9	17	14	12	19	11	16	24	12	14	39	16	15	12/14	30	13	11	22	35/36	12
182	18	13	23	30	16	11	15	15	12	20	10	16	25	11	11	42	18	14	11/14	31	13	10	23	36/37	12
183	17	13	24	29	22	11	18	14	11	19	11	17	24	12	13	38	17	15	11/14	30	13	12	22	35/37	12
184	19	14	23	30	23	11	17	15	13	19	11	16	23	12	14	38	17	15	11/15	29	13	11	21	35/36	12
185	17	14	23	30	26	11	17	14	12	19	12	15	23	12	13	38	16	15	11/14	28	13	11	22	35/36	11
186	19	13	23	31	21	10	17	14	12	19	11	16	25	12		39	18	15	12/15	29	12	12	22	35/36	12
187	18	13	23	29	23	11	16	14	12	19	11	17	24	12	13	38	18	15	11/14	30	13	12	22	35/36	13
188	16	13	23	29	23	10	14	17	12	22	9	16	24	10	11	38	17	14	13/15	33	13	11	22	37/38	12
189	16	12	22	29	18	10	15	14	11	20	10	14	22	10	11	38	21	16	13/13	28	13	11	25	36/38	11
190	17	12	24	28	20	11	17	13	12	19	11	16	23	12	13	39	18	15	11/15	29	13	12	21	35/36	12
191	18	12	21	28	20	10	15	14	11	20	10	14	23	10	11	40	19	15	14/14	30	13	12	25	37/38	11
192	17	13	23	30	17	11	15	16	12	20	10	16	26	11	11	44	17	14	12/14	32	13	10	23	37/37	12
193	16	12	19	29	20	11	16	15	11	20	10	14	24	9	11	40	19	14	16/17	31	12	11	22	38/38	11
194	18	13	23	28	25	12	17	14	12	20	11	15	24	13	13	38	16	15	11/14	30	13	12	22	35/36	12
195	17	13	23	29	22	12	17	14	11	19	10	18	23	12	13	38	17	15	11/14	29	13	12	21	35/36	12
196	18	13	24	30	17	11	16	15	12	20	11	16	25	12	11	39	18	14	12/14	34	13	10	23	36/38	12
197	16	12	21	28	19	11	17	14	11	20	10	14	22	10	11	40	17	16	13/14	26	13	11	25	37/38	11
198	18	13	21	30	19	9	15	13	12	20	10	15	24	10	11	39	19	14	15/20	33	13	11	23	36/39	12
199	18	13	24	28	20	11	17	14	12	19	10	16	24	12	13	38	17	15	11/14	32	13	12	22	35/36	12
200	18	13	23	29	17	11	16	16	12	20	10	17	25	11	11	43	19	14	11/15	32	13	11	25	36/38	12
201	18	13	23	29	16	11	16	15	12	19	10	17	26	11	11	42	19	14	11/14	32	13	11	25	36/38	12
202	17	13	21	29	19	10	16	14	11	20	10	15	22	10	11	39	20	16	13/13	28	13	11	26	37/38	11
203	18	13	24	30	21	11	17	15	11	20	11	15	24	10	11	42	18	15	14/15	32	13	14	31	38/39	13
204	17	14	23	31	17	11	15	14	12	21	11	17	25	11	11	42	19	14	11/14	32	13	10	24	37/38	12
205	18	13	26	31	16	11	17	14	11	20	11	16	25	11	11	39	19	14	11/14	33	13	10	24	36/37	13
206	16	13	23	29	22	12	19	14	12	19	10	16	24	12	13	38	20	15	11/14	29	13	12	23	35/36	12
207	17	12	21	28	22	10	18	17	10	21	11	14	25	10	11	38	18	15	13/17	28	14	11	24	36/37	11
208	18	13	23	29	21	11	18	15	12	18	11	16	23	12	13	37	20	15	11/14	29	13	11	22	36/37	12
209	18	13	23	29	17	11	16	16	11	20	10	17	25	11	11	44	19	14	11/14	32	12	11	25	36/40	12
210	18	13	22	31	18	10	17	13	12	21	10	15	23	10	11	40	17	14	16/17	31	13	12	25	39/40	10
211	17	13	23	29	23	11	18	13	11	19	11	16	24	12	13	38	17	15	12/14	29	13	12	22	35/36	12

212	18	12	23	29	20	10	15	14	11	20	10	14	22	10	11	40	19	16	13/13	29	13	11	26	38/38	11
213	19	13	23	29	23	11	16	14	12	19	12	16	25	12	13	39	16	15	13/14	32	13	12	24	35/36	12
214	19	13	23	30	18	11	18	17	12	20	10	16	24	11	11	43	20	14	10/14	32	13	10	25	36/36	12
215	17	13	23	28	23	12	17	14	13	19	12	16	22	12	13	39	17	15	11/14	31	13	11	22	35/36	12
216	17	13	23	29	22	11	19	14	12	20	11	15	24	11	13	40	16	15	11/14	29	13	12	22	35/36	12
217	15	12	22	28	19	11	15	14	11	20	10	14	23	10	11	37	21	15	13/14	28	13	11	25	37/38	11
218	19	14	23	30	20	12	17	14	12	20	11	16	25	12	13	38	17	15	11/14	30	13	11	23	35/35	11
219	20	13	23	30	21	10	16	14	12	19	11	16	23	12	13	39	17	15	11/15	33	12	13	22	35/36	12
220	17	13	23	29	21	9	17	14	12	19	11	15	24	12	13	38	17	15	11/14	30	13	12	23	35/36	12
221	14	12	20	30	18	10	17	15	12	21	10	15	22	10	12	37	17	16	13/14	30	14	11	22	38/39	9
222	17	14	23	31	17	10	15	15	11	21	11	16	23	11	11	41	18	14	11/14	32	13	11	23	37/38	13
223	19	12	23	30	20	11	16	14	11	18	11	16	25	12	13	38	17	14	11/14	29	13	12	23	35/36	12
224	18	13	22	30	19	10	16	15	12	20	10	15	25	10	11	41	17	15	14/15	31	13	12	32	38/39	12
225	18	13	23	29	20	11	18	14	12	19	12	15	24	12	13	37	17	15	11/15	30	14	12	23	35/36	13
226	19	13	21	31	22	11	15	15	11	20	10	17	23	10	12	39	18	14	15/15	27	14	11	27	37/38	12
227	15	12	21	28	21	9	15	14	10	20	10	15	22	10	11	39	19	16	13/14	26	13	12	26	38/38	12
228	17	13	20	29	21	11	11	16	12	20	10	16	23	10	13	38	21	15	15/16	28	14	12	27	37/40	13
229	15	13	23	29	22	11	17	14	12	20	11	16	23	12	13	37	19	15	11/14	30	13	12	22	36/36	12
230	17	14	23	30	16	11	16	15	12	20	10	17	25	11	11	42	19	14	11/14	32	13	12	25	36/38	12
231	15	12	22	29	21	10	15	14	11	20	10	14	23	10	11	38	19	16	15/15	27	13	11	25	37/39	12
232	16	12	21	28	20	10	15	14	11	20	10	14	22	10	11	38	23	16	14/16	28	13	11	25	37/38	11
233	16	12	23	29	19	10	15	13	11	20	10	14	23	10	11	40	20	16	13/14	28	13	11	25	37/38	11
234	17	12	23	28	22	10	18	14	12	19	11	16	24	12	13	38	16	15	11/14	31	13	13	22	35/36	12
235	17	13	23	28	22	11	15	14	12	19	10	16	23	12	13	36	16	15	11/14	28	13	12	23	36/36	12
236	16	12	21	28	21	11	13	14	11	19	10	15	22	10	11	37	18	16	12/14	29	13	12	25	37/39	11
237	19	12	23	29	19	12	17	17	12	20	10	16	25	11	11	41	20	14	10/14	33	13	10	25	36/38	12
238	16	12	21	30	18	10	16	14	11	20	11	14	22	10	11	39	21	16	14/15	29	13	11	25	37/38	12
239	18	13	23	29	22	11	16	14	12	19	11	17	24	12	13	38	18	15	11/14	30	13	12	23	35/36	13
240	18	13	24	30	17	11	16	16	13	20	11	15	25	11	11	44	18	14	11/14	34	13	10	23	38/39	12
241	18	13	23	29	17	11	16	14	11	19	11	15	24	12	13	39	16	15	11/13	29	13	11	20	36/36	12
242	19	13	23	29	23	11	17	13	12	19	11	15	23	11	13	38	17	15	11/15	29	13	11	23	35/37	12
243	17	14	23	31	17	12	15	16	10	20	11	16	25	11	11	42	20	14	11/14	31	13	10	23	37/38	12
244	17	12	21	28	18	10	15	14	11	20	10	15	22	10	11	36	19	16	13/14	28	13	11	27	37/37	12
245	17	12	22	29	20	10	15	14	11	20	10	14	23	10	11	38	20	16	14/15	29	13	11	25	37/37	11
246	16	12	21	28	19	10	15	14	11	20	10	14	22	10	11	39	21	16	13/14	28	14	11	25	38/39	11
247	17	13	22	30	22	11	15	15	10	20	9	14	23	10	12	39	20	14	15/15	28	14	11	29	37/37	11

248	17	13	23	30	25	12	18	14	11	19	11	15	24	12	13	41	17	15	11/15	30	13	11	22	35/36	12
249	18	14	23	30	22	11	16	13	13	19	11	15	24	12	13	40	19	15	11/14	29	12	12	22	35/36	12
250	17	13	21	32	20	9	16	13	12	21	11	15	25	10	11	42	23	14	16/18	33	13	12	22	35/38	12
251	19	13	25	30	15	11	18	15	12	20	11	16	25	11	11	40	19	14	11/14	34	13	10	24	36/38	12
252	17	13	23	29	23	11	17	15	12	17	10	16	24	12	13	38	17	15	11/15	30	13	10	22	36/36	11
253	16	13	23	29	22	11	17	14	12	19	11	16	24	12	13	37	18	15	11/15	30	13	12	22	35/36	12
254	18	13	23	29	16	10	16	16	12	19	10	16	26	11	11	43	19	14	11/14	30	13	11	25	36/38	12
255	16	13	23	29	22	10	17	14	12	19	11	15	24	12	13	38	18	15	11.2/14	29	13	11	21	35/35	13
256	16	13	23	29	20	11	20.2	13	12	21	10	16	23	10	11	37	19	14	12/15	30	12	11	26	37/39	14
257	19	13	23	29	24	11	19	15	12	19	11	15	24	12	13	39	17	15	11/15	30	13	11	22	35/36	12
258	18	13	23	29	17	12	16	17	12	20	10	17	25	11	11	45	19	14	11/14	32	13	11	26	36/38	12
259	17	13	23	29	22	11	18	14	11	19	11	17	23	12	13	38	17	15	10/14	29	13	14	22	34/37	12
260	17	13	23	29	16	12	16	16	13	20	11	17	25	11	11	40	18	14	11/14	30	13	11	23	36/38	12
261	18	13	23	28	16	10	16	16	11	20	10	16	25	11	11	43	19	14	10/14	32	13	11	25	38/38	12
262	17	13	21	29	20	10	18	15	11	19	10	14	22	10	14	37	15	15	9/17	28	12	13	25	38/40	12
263	19	12	23	28	22	11	18	14	11	19	11	15	24	12	13	36	17	15	11/11	29	13	12	23	35/35	12
264	16	12	22	28	19	10	15	14	11	20	10	13	22	10	13	40	17	16	13/14	30	13	11	25	36/38	11
265	19	13	23	29	21	11	17	15	12	19	11	16	24	12	13	40	17	15	11/14	29	13	11	22	35/36	12
266	18	13	23	29	16	11	16	16	12	20	10	17	26	11	11	45	19	14	11/14	32	13	11	26	36/38	12
267	18	12	23	30	20	10	18	16	11	20	11	15	24	10	11	41	19	15	14/15	31	13	12	31	38/39	13
268	19	14	24	30	20	11	18	15	12	20	10	15	22	11	11	40	17	15	14/21	31	13	10	24	37/37	10
269	17	13	25	30	17	11	18	15	12	20	10	15	25	11	11	40	18	14	11/14	34	13	10	24	36/39	13
270	17	13	23	28	21	11	16	14	13	19	11	15	23	12	13	37	17	15	11/14	31	13	11	22	35/36	12
271	16	12	22	28	19	10	16	14	11	20	10	14	22	10	11	38	19	15	13/13	27	13	11	28	37/37	11
272	18	13	22	30	17	11	15	15	10	20	10	14	23	10	12	40	20	14	15/16	27	14	11	27	37/37	11
273	18	14	23	30	22	11	18	15	11	19	10	16	24	12	13	38	17	15	11/13	29	13	12	23	35/36	13
274	18	12	20	28	23	10	16	15	11	19	10	12	24	9	11	38	17	16	13/17	28	12	12	23	37/39	12
275	17	12	21	28	19	10	16	14	11	20	10	13	22	10	11	37	20	16	13/14	30	13	11	25	38/38	11
276	18	13	23	28	21	11	17	14	12	21	10	15	24	12	13	39	19	15	11/15	31	13	13	23	36/36	12
277	18	13	24	28	22	11	17	14	12	19	10	15	23	12	14	37	16	15	11/14	30	13	11	23	35/38	12
278	20	13	23	29	22	11	17	14	13	19	11	16	24	12	13	37	16	15	13/14	29	13	13	23	35/37	11
279	18	13	23	29	16	11	16	17	12	20	10	17	25	11	11	41	20	14	11/14	33	13	11	25	36/37/38	12
280	18	13	23	31	17	11	16	16	12	20	10	16	25	11	11	41	19	14	10/15	31	13	11	25	36/38	12
281	18	13	23	29	21	10	16	14	12	19	11	15	23	12	13	39	19	15	11/13	28	13	12	22	35/37	12
282	17	12	25	28	20	11	17	14	12	19	10	15	23	12	13	40	17	15	11/14	29	13	12	22	34/36	12
283	16	12	21	28	19	10	15	14	11	21	10	15	22	10	11	39	20	16	13/16	29	14	11	27	38/40	11

284	18	13	23	28	20	11	17	15	12	19	11	16	23	12	13	37	18	15	11/14	29	13	12	24	35/37	12
285	17	12	21	28	19	11	17	15	11	19	10	14	24	9	11	39	17	17	10/17	29	12	11	23	38/38	13
286	17	13	23	29	22	11	17	14	11	19	11	17	23	12	13	41	17	15	11/14	28	13	12	22	35/38	12
287	17	13	23	29	20	11	17	15	12	19	11	15	24	12	13	40	17	15	11/14	30	13	12	23	34/36	12
288	18	13	23	29	22	11	18	14	12	19	11	17	24	12	13	38	16	15	12/14	31	13	12	22	35/36	12
289	19	13	23	30	16	10	16	15	13	20	11	15	25	11	11	40	17	14	11/15	33	13	10	24	37/37	12
290	18	13	23	29	21	11	18	13	12	18	12	15	24	12	13	42	17	15	11/14	29	12	13	22	35/37	11
291	18	12	22	28	20	10	15	14	11	20	10	15	23	10	11	39	16	16	14/14	28	13	11	25	37/38	11
292	17	13	24	32	17	11	15	15	12	18	10	15	25	11	11	45	20	14	11/14	32	13	10	23	39/39	13
293	15	14	22	30	20	10	17	14	11	19	11	13	25	10	14	41	18	14	11/13	28	14	10	21	35/35	11
294	18	13	23	29	20	11	17	14	12	19	10	16	24	12	13	38	18	15	11/15	29	13	12	22	35/35	13
295	18	13	24	30	17	11	18	15	12	20	11	16	25	12	11	40	19	14	12/14	33	13	10	24	36/38	12
296	18	13	24	29	21	11	17	15	12	19	11	16	23	12	13	39	17	14	11/11	30	13	12	21	35/36	12
297	15	13	24	29	22	11	15	14	11	19	11	15	24	12	13	37	17	15	11/14	29	13	13	21	35/35	12
298	18	13	23	29	16	11	16	16	12	20	10	17	25	11	11	41	20	14	11/14	33	13	11	25	36/37/38	12
299	16	13	24	29	23	12	18	14	12	19	11	15	23	12	13	40	18	15	11/14	29	13	11	24	35/38	12
300	17	14	24	30	22	10	17	14	12	19	11	16	23	12	13	38	18	15	11/14	29	13	12	22	35/36	12
301	17	13	23	28	22	11	17	14	12	19	10	15	23	12	13	36	16	15	11/14	29	13	12	23	36/36	12
302	17	13	23	30	17	11	16	16	12	20	11	16	25	11	11	41	19	14	11/14	32	13	10	22	37/37	13
303	18	13	23	31	21	10	17	15	11	20	11	15	24	10	11	39	18	14	14/15	32	13	12	29	38/39	14
304	18	13	23	29	16	11	17	16	12	20	10	17	26	11	11	43	20	14	11/14	32	13	13	25	35/38	12
305	18	13	23	30	17	12	17	16	12	20	10	16	25	11	11	41	18	14	10/14	31	13	11	25	36/38	13
306	17	13	24	29	22	10	17	14	12	19	10	16	23	12	13	37	18	15	11/14	29	13	12	22	35/36	12
307	16	13	20	30	19	10	19.2	14	12	20	10	14	23	11	11	38	19	14	14/16	30	13	12	26	38/38	11
308	18	13	23	30	16	11	17	15	13	20	10	15	25	11	11	44	17	14	10/14	30	13	10	23	36/37	12
309	17	13	23	29	17	11	15	15	13	20	10	16	24	11	11	41	19	14	11/14	36	13	10	22	37/40	12
310	17	14	21	30	21	11	16	15	12	19	11	13	23	10	14	39	21	14	11/13	28	14	10	20	36/36	11
311	17	13	23	30	16	11	15	15	13	19	11	17	25	11	11	39	18	14	11/14	30	13	11	23	36/38	12
312	16	13	22	30	19	9	15	13	12	20	10	15	25	10	11	38	19	14	16/18	32	13	12	22	33/38	12
313	22	13	23	29	21	10	16	14	12	20	11	16	24	12	13	39	18	15	11/11	29	13	11	22	36/36	12
314	18	14	23	30	22	11	16	14	12	19	11	15	24	12	13	38	18	15	11/14	29	13	13	22	36/37	12
315	17	13	24	32	21	11	18	13	11	20	10	15	23	10	11	38	18	14	16/16	30	14	12	26	39/41	10
316	20	13	23	29	23	11	17	14	12	19	11	15	23	12	13	39	17	15	11/15	29	14	12	22	35/36	12
317	17	14	24	30	21	11	16	14	12	19	11	17	23	12	14	39	17	15	11/14	28	13	11	22	35/36	12
318	20	13	25	30	16	11	17	15	12	20	11	16	25	11	11	40	19	14	12/14	34	13	10	24	36/38	13
319	17	13	23	28	23	12	18	14	11	19	10	15	23	12	12	37	19	15	11/14	29	13	11	23	36/37	12

320	18	14	23	30	20	10	19	16	11	18	10	14	23	10	11	37	20	14	10/15	29	13	12	27	36/38	13
321	15	12	21	29	20	11	17	15	11	19	10	13	27	9	11	38	17	17	14/17	30	12	11	23	38/39	12
322	17	13	22	31	20	9	16	13	12	20	10	17	25	10	11	42	20	14	17/18	33	13	12	22	35/38	12
323	18	12	21	28	17	10	15	14	11	20	10	14	22	10	11	39	19	16	13/14	29	13	11	25	36/39	11
324	17	13	23	28	22	12	16	14	12	19	10	16	23	12	13	36	18	15	11/14	30	13	11	22	35/36	12
325	19	13	23	30	18	11	16	17	12	20	10	16	24	11	11	40	19	14	10/14	32	13	10	26	35/36/38	12
326	17	14	23	31	18	11	15	16	12	20	11	17	25	11	11	42	19	14	11/14	32	13	10	23	37/39	12
327	17	15	24	32	24	10	16	15	11	19	11	17	24	12	13	37	17	14	11/13	30	13	13	22	35/37	12
328	17	13	23	29	22	11	17	14	11	19	11	16	24	12	12	37	17	15	11/14	30	13	12	22	35/38	12
329	18	13	24	31	20	10	18	17	11	20	11	15	24	10	11	41	18	15	14/15	33	13	12	31	38/39	13
330	18	13	23	29	16	11	17	16	13	20	10	17	25	11	11	43	21	14	12/14	33	13	11	25	36/38	12
331	17	13	23	29	22	11	19	14	12	19	11	16	24	12	13	39	19	15	11/14	31	14	11	23	35/38	12
332	17	12	23	27	20	11	15	14	11	20	10	15	23	10	11	38	21	16	14/14	28	13	11	27	37/38	11
333	20	13	23	29	24	11	17	13	12	19	12	15	24	13	13	38	17	15	11/14	32	13	12	22	35/36	12
334	16	12	22	28	20	10	15	15	11	20	10	14	21	10	11	38	21	16	13/14	28	13	11	23	37/38	11
335	18	12	21	30	19	10	18	13	9	20	10	15	23	10	11	42	18	14	16/16	31	13	12	26	38/39	11
336	18	12	23	28	21	10	13	14	11	18	11	16	24	12	13	38	17	14	11/14	31	13	12	23	35/36	12
337	15	12	24	29	20	11	17	15	11	19	10	16	23	9	15	35	16	14	16/16	35	13	12	26	37/39	11
338	18	13	23	30	16	11	15	16	13	20	10	16	25	11	11	43	17	14	10/14	30	13	10	23	36/36	12
339	18	12	23	28	22	11	16	14	12	19	10	15	24	12	13	37	16	15	11/14	32	13	12	22	35/35	10
340	19	13	22	32	21	9	15	13	12	20	10	16	26	10	11	42	20	14	16/18	34	13	12	22	35/37	12
341	18	14	23	31	17	11	16	17	12	20	10	15	25	11	11	42	19	14	10/14	32	13	10	25	36/38	12
342	17	13	23	29	16	11	16	16	12	20	10	16	25	12	11	43	18	14	11/14	33	13	11	25	36/38/39	12
343	18	13	23	29	22	11	16	14	12	18	11	16	24	12	13	37	17	14	11/14	29	13	12	22	35/35	12
344	16	13	23	29	22	11	17	14	11	19	10	15	23	12	13	36	17	15	11/13	30	13	11	23	35/35	12
345	17	13	24	29	21	10	18	14	12	19	10	16	23	12	13	35	16	15	11/14	29	13	11	22	35/37	12
346	17	13	25	31	16	11	16	15	12	20	10	15	25	11	11	40	20	14	11/14	33	13	10	24	36/38	13
347	18	13	20	29	20	10	17	14	11	19	10	14	22	10	11	41	20	16	13/15	28	13	11	25	37/38	11
348	19	13	23	30	17	11	14	17	13	21	11	16	25	11	11	39	19	14	11/14	33	13	11	23	36/38	12
349	18	14	23	31	21	10	15	14	12	19	10	16	24	12	13	38	18	15	11/14	31	12	12	22	35/36	13
350	18	13	23	29	16	11	16	16	12	20	10	17	25	11	11	41	18	14	11/14	31	13	11	26	36/37/38	11
351	17	13	23	29	23	11	17	14	12	19	10	16	23	12	14	38	17	15	11/14	29	12	12	23	35/36	12
352	15	12	21	30	22	10	16	15	11	24	10	18	21	10	12	36	18	15	13/16	30	14	11	21	37/38	10
353	19	13	23	28	23	10	17	14	11	21	11	14	24	12	13	38	18	15	11/14	29	13	12	22	35/36	12
354	18	13	23	29	14	11	16	16	12	20	10	16	25	11	11	43	18	14	11/14	31	13	12	25	36/39	12
355	16	14	24	32	16	11	18	15	12	20	11	16	25	11	11	38	20	14	11/14	33	13	10	24	37/39	13

356	18	13	23	30	17	11	15	17	12	19	10	15	25	11	11	41	18	14	11/14	32	13	11	22	37/37	12
357	16	12	20	30	18	10	14	15	11	21	10	15	22	10	11	36	19	16	14/15	32	14	11	21	39/39	9
358	16	12	21	29	20	11	15	14	11	20	11	14	22	10	11	39	21	16	13/13	28	13	12	25	38/39	11
359	19	13	24	30	16	11	17	15	12	20	11	16	25	11	11	40	17	14	11/14	34	13	10	24	36/38	14
360	14	12	20	29	18	11	17	15	12	21	10	15	22	10	11	37	18	16	14/16	31	13	11	21	39/39	9
361	17	12	23	28	19	10	16	14	11	20	10	14	22	10	11	37	20	16	14/15	29	13	11	25	37/38	11
362	16	14	21	32	20	11	15	15	10	20	10	14	23	10	12	37	19	14	15/16	27	15	11	28	37/38	12
363	17	12	23	28	19	11	16	14	11	19	11	14	24	12	13	37	16	15	11/14	30	13	12	21	35/36	12
364	18	13	21	30	19	11	18	14	12	19	10	15	23	11	11	39	17	14	17/21	32	13	12	22	36/37	11
365	16	12	21	28	20	11	16	15	10	20	11	14	23	10	12	41	17	15	15/16	28	14	11	26	37/39	11
366	18	13	23	26	22	11	16	14	12	19	10	15	23	12	13	36	16	15	11/14	29	14	11	23	36/36	12
367	17	12	21	28	19	10	17	16	11	19	10	14	22	10	11	35	22	16	13/15	29	13	12	25	37/39	11
368	18	13	23	29	22	10	17	14	12	19	11	15	24	12	13	39	17	14	11/14	28	13	13	21	35/37	12
369	18	13	23	29	22	10	16	14	11	19	10	16	24	12	14	37	16	16	11/14	30	13	12	23	35/37	12
370	18	13	23	29	23	11	17	16	12	20	10	13	23	10	11	37	19	15	12/12	29	13	11	22	36/37	12
371	17	13	23	29	16	11	14	16	12	20	10	18	25	11	11	45	20	14	11/15	32	13	11	25	36/38/39	12
372	16	13	23	29	22	11	16	14	12	19	11	16	23	12	13	36	18	15	11/15	28	13	12	22	35/36	12
373	18	13	23	30	16	10	15	16	13	20	10	16	25	11	11	39	17	14	11/14	31	13	10	23	37/37	12
374	17	13	22	30	20	9	15	13	11	20	10	15	24	10	11	40	21	14	16/18	32	13	12	20	35/37	12
375	18	13	23	32	16	11	15	16	12	20	11	16	25	11	11	40	19	14	11/14	32	13	13	22	36/39	11
376	17	12	22	28	19	10	15	14	11	20	10	14	23	10	11	39	19	16	13/14	29	14	11	25	37/38	11
377	19	13	23	29	22	11	16	14	13	19	11	16	24	12	13	40	14	16	11/14	29	13	13	22	35/36	12
378	15	14	21	30	22	10	17	15	12	19	11	13	23	10	15	40	18	14	11/11	28	14	10	20	35/35	11
379	18	13	23	30	17	11	16	17	12	20	10	15	25	11	11	40	20	14	10/14	32	13	10	26	38/38	12
380	17	13	23	29	21	10	20	14	12	20	11	15	23	12	13	38	16	15	11/14	29	13	12	23	35/36	12
381	17	13	23	28	23	11	18	14	12	19	11	16	24	12	13	37	17	15	11/14	31	13	12	22	35/36	12
382	16	12	22	28	19	10	16	14	11	20	10	14	23	10	11	38	19	16	14/14	28	13	11	26	37/37	12
383	18	13	22	32	19	9	15	13	12	20	10	15	25	10	11	41	20	14	16/18	33	13	12	22	35/39	12
384	17	14	21	30	20	11	15	15	10	20	10	14	22	10	12	39	21	14	15/15	28	15	11	26	35/38	13
385	18	14	23	30	23	11	18	15	12	18	11	15	25	12	13	37	18	15	11/14	30	13	12	22	35/37	12
386	16	12	21	28	20	10	17	16	10	19	10	13	27	10	11	39	18	15	13/16	28	13	11	23	37/37	10
387	18	13	23	29	16	11	17	15	12	20	11	16	25	11	11	43	19	14	11/14	33	13	11	25	36/38	12
388	19	13	23	29	17	10	17	16	12	20	10	17	25	11	11	43	19	14	11/14	31	13	11	26	36/39	12
389	17	13	23	29	19	10	15	14	11	20	10	14	22	10	11	40	20	16	13/13	29	14	11	26	39/40	11
390	16	12	21	28	19	10	16	15	11	20	11	14	22	10	11	39	17	16	13/14	28	13	11	25	38/38	11
391	17	13	24	31	15	10	15	16	13	20	12	15	25	11	11	40	20	14	11/15	32	13	10	24	37/38	12

392	16	13	23	30	16	11	15	16	13	20	11	16	25	11	11	37	20	14	11/14	31	14	11	23	36/37	12
393	18	13	23	29	23	10	16	14	12	19	10	16	25	12	14	38	17	15	11/14	32	14	12	22	35/36	12
394	17	12	21	28	19	11	19	15	11	20	10	15	22	10	11	37	17	16	12/14	27	14	12	21	37/38	9
395	17	13	21	31	20	11	15	16	11	20	10	16	23	10	12	37	19	14	15/15	27	14	11	27	37/38	12
396	19	14	23	30	21	10	18	13	12	19	11	15	23	13	13	39	18	15	11/14	30	13	12	22	35/36	12
397	15	14	21	30	20	10	17	14	12	20	11	13	23	10	14	41	18	14	11/13	28	14	10	20	35/35	11
398	18	13	23	31	17	11	17	17	12	20	10	16	25	11	11	40	19	14	10/14	32	13	10	25	36/38	12
399	19	13	23	29	20	11	18	15	11	19	10	16	24	12	12	37	17	15	11/15	31	13	12	22	35/36	12
400	18	14	21	32	20	11	14	16	11	20	10	15	23	10	12	37	18	14	14/15	27	14	11	27	36/37	12
401	18	14	23	32	20	11	15	17	11	20	10	15	23	10	12	39	18	14	15/17	30	14	11	25	38/38	12
402	16	13	23	29	22	11	18	14	11	19	11	17	23	12	13	37	16	15	10/14	29	13	13	22	35/37	12
403	16	13	23	29	22	11	18	14	11	19	11	17	23	12	13	37	16	15	10/14	28	13	13	22	35/37	12
404	18	13	23	29	22	10	17	14	12	19	11	15	23	12	13	38	18	15	11/14	32	13	12	22	35/36	12
405	18	12	21	28	20	10	15	14	12	20	10	14	22	11	11	41	20	16	13/14	29	13	11	24	36/37	11
406	17	13	23	29	23	11	17	14	12	19	10	15	24	12	13	37	18	14	11/15	30	13	11	22	35/36	12
407	18	13	24	29	23	10	17	14	12	19	11	15	24	12	13	38	19	15	11/15	31	13	12	22	35/36	12
408	20	13	23	29	22	11	17	14	12	20	10	16	24	12	13	38	17	14	11/17	29	13	13	22	35/36	12
409	17	13	23	30	17	11	15	16	11	20	11	15	25	11	11	41	19	14	12/14	32	13	11	18	38/38	12
410	19	13	23	29	22	11	16	14	12	19	11	16	23	12	13	37	17	14	11/15	30	14	12	23	35/37	13
411	16	13	21	30	20	10	15	13	12	23	9	14	23	10	11	38	19	14	12/15	38	13	1213	19	35/38	12
412	17	13	24	29	23	11	18	14	11	19	11	15	24	12	12	36	17	15	11/14	27	13	12	22	35/36	12
413	17	13	23	29	17	11	15	17	12	20	10	15	25	11	11	41	19	14	10/14	31	14	10	25	36/38	12
414	18	13	23	29	21	10	16	14	11	19	10	17	24	12	13	35	17	15	11/15	30	13	13	22	35/36	12
415	18	13	24	30	16	12	16	15	12	20	11	16	24	12	11	40	19	14	12/14	34	13	10	24	36/38	13
416	18	13	23	30	17	11	15	17	12	19	10	15	25	11	11	41	18	14	11/14	32	13	11	22	37/37	12

Tab. 37: Allelverteilung der untersuchten Vater-Sohn-Paare in Mecklenburg-Vorpommern, wobei Kleinbuchstaben “a” den Vater und “b” den Sohn darstellen

	DYS576	DYS389I	DYS635	DYS389II	DYS627	DYS460	DYS458	DYS19	YGATAH4	DYS448	DYS391	DYS456	DYS390	DYS438	DYS392	DYS518	DYS570	DYS437	DYS385	DYS449	DYS393	DYS439	DYS481	DYF387S1	DYS533
1a	17	13	21	30	22	10	16	15	10	20	10	14	23	10	12	38	19	15	15,15	29	14	11	28	37,37	11
1b	17	13	21	30	22	10	16	15	10	20	10	14	23	10	12	38	19	15	15,15	29	14	11	28	37,37	11
2a	17	12	22	29	22	10	15	14	11	20	10	14	23	10	11	38	19	16	14,14	27	13	11	24	37,37	11
2b	17	12	22	29	22	10	15	14	11	20	10	14	23	10	11	38	19	16	14,14	27	13	11	24	37,37	11
3a	16	12	21	28	21	11	13	14	11	19	10	15	22	10	11	37	18	16	12,14	29	13	12	25	37,39	11
3b	16	12	21	28	21	11	13	14	11	19	10	15	22	10	11	37	18	16	12,14	29	13	12	25	37,39	11
4a	17	13	23	28	22	11	15	14	12	19	10	16	23	12	13	36	16	15	11,14	28	13	12	23	36,36	12
4b	17	13	23	28	22	11	15	14	12	19	10	16	23	12	13	36	16	15	11,14	28	13	12	23	36,36	12
5a	14	12	20	30	18	10	17	15	12	21	10	15	22	10	12	37	17	16	13,14	30	14	11	22	38,39	9
5b	14	12	20	30	18	10	17	15	12	21	10	15	22	10	12	37	17	16	13,14	30	14	11	22	38,39	9
6a	15	12	22	29	21	10	15	14	11	20	10	14	23	10	11	38	19	16	15,15	27	13	11	25	37,39	12
6b	15	12	22	29	21	10	15	14	11	20	10	14	23	10	11	38	19	16	15,15	27	13	11	25	37,39	12
7a	17	13	23	28	21	11	16	14	13	19	11	15	23	12	13	37	17	15	11,14	31	13	11	22	35,36	12
7b	17	13	23	28	21	11	16	14	13	19	11	15	23	12	13	37	17	15	11,14	31	13	11	22	35,36	12
8a	18	13	24	30	17	11	18	15	12	20	11	16	25	12	11	40	19	14	12,14	33	13	10	24	36,38	12
8b	18	13	24	30	17	11	18	15	12	20	11	16	25	12	11	40	19	14	12,14	33	13	10	24	36,38	12
9a	16	12	21	28	19	10	15	14	11	21	10	15	22	10	11	39	20	16	13,16	29	14	11	27	38,4	11
9b	16	12	21	28	19	10	15	14	11	21	10	15	22	10	11	39	20	16	13,16	29	14	11	27	38,4	11
10a	18	13	24	29	21	11	17	15	12	19	11	16	23	12	13	39	17	14	11,11	30	13	12	21	35,36	12
10b	18	13	24	29	21	11	17	15	12	19	11	16	23	12	13	39	17	14	11,11	30	13	12	21	35,36	12
11a	18	13	23	29	20	11	17	14	12	19	10	16	24	12	13	38	18	15	11,15	29	13	12	22	35,35	13
11b	18	13	23	29	20	11	17	14	12	19	10	16	24	12	13	38	18	15	11,15	29	13	12	22	35,35	13
12a	20	13	23	29	22	11	17	14	13	19	11	16	24	12	13	37	16	15	13,14	29	13	13	23	35,37	11
12b	20	13	23	29	22	11	17	14	13	19	11	16	24	12	13	37	16	15	13,14	29	13	13	23	35,37	11
13a	18	13	24	28	20	11	17	14	12	19	10	16	24	12	13	38	17	15	11,14	32	13	12	22	35,36	12
13b	18	13	24	28	20	11	17	14	12	19	10	16	24	12	13	38	17	15	11,14	32	13	12	22	35,36	12
14a	19	13	23	31	21	10	17	14	12	19	11	16	25	12		39	18	15	12,15	29	12	12	22	35,36	12

14b	19	13	23	31	21	10	17	14	12	19	11	16	25	12		39	18	15	12,15	29	12	12	22	35,36	12
15a	18	13	21	30	19	9	15	13	12	20	10	15	24	10	11	39	19	14	15,2	33	13	11	23	36,39	12
15b	18	13	21	30	19	9	15	13	12	20	10	15	24	10	11	39	19	14	15,2	33	13	11	23	36,39	12
16a	17	14	23	30	26	11	17	14	12	19	12	15	23	12	13	38	16	15	11,14	28	13	11	22	35,36	11
16b	17	14	23	30	26	11	17	14	12	19	11	15	23	12	13	38	16	15	11,14	28	13	11	22	35,36	11
17a	18	13	23	29	23	11	16	14	12	19	11	17	24	12	13	38	18	15	11,14	30	13	12	22	35,36	13
17b	18	13	23	29	23	11	16	14	12	19	11	17	24	12	13	38	18	15	11,14	30	13	12	22	35,36	13
18a	18	12	21	30	19	10	18	13	9	20	10	15	23	10	11	42	18	14	16,16	31	13	12	26	38,39	11
18b	18	12	21	30	19	10	18	13	9	20	10	15	23	10	11	42	18	14	16,16	31	13	12	26	38,39	11
19a	19	13	23	30	20	11	16	14	12	20	12	18	24	12	13	38	18	15	11,14	31	12	12	22	35,35	13
19b	19	13	23	30	20	11	16	14	12	20	11	18	24	12	13	38	18	15	11,14	31	12	12	22	35,35	13
20a	19	12	24	28	22	12	16	14	12	19	10	15	24	12	13	38	18	15	11,16	29	13	12	22	35,36	12
20b	19	12	24	28	22	12	16	14	12	19	10	15	24	12	13	38	18	15	11,16	29	13	12	22	35,36	12
21a	17	13	23	29	21	10	18	14	12	19	11	15	23	12	13	39	16	15	11,14	28	13	11	22	35,36	11
21b	17	13	23	29	21	10	18	14	12	19	11	15	23	12	13	39	16	15	11,14	28	13	11	22	35,36	11
22a	18	13	24	29	17	11	17	17	12	20	10	15	25	11	11	42	19	14	10,14	33	13	10	24	36,38	12
22b	18	13	24	29	17	11	17	17	12	20	10	15	25	11	11	42	19	14	10,14	33	13	10	24	36,38	12
23a	16	12	22	28	21	10	15	14	11	20	10	14	22	10	11	38	20	16	13,14	28	13	11	24	37,38	11
3b	16	12	22	28	21	10	15	14	11	20	10	14	22	10	11	38	19	16	13,14	28	13	11	24	37,38	11
24a	17	13	24	32	21	11	19	13	11	20	10	15	23	10	11	38	18	14	16,18	30	14	12	26	39,41	10
24b	17	13	24	32	21	11	18	13	11	20	10	15	23	10	11	38	18	14	16,18	30	14	12	26	39,41	10
25a	20	13	23	30	17	11	14	16	12	20	10	14	25	11	11	41	20	14	11,14	30	13	10	24	36,38	13
25b	20	13	23	30	17	11	14	16	12	20	10	14	25	11	11	41	20	14	11,14	30	13	10	24	36,38	13
26a	18	13	23	29	16	11	17	16	13	20	10	17	25	11	11	43	21	14	12,14	33	13	11	25	36,38	12
26b	18	13	23	29	16	11	17	16	13	20	10	17	25	11	11	43	21	14	12,14	33	13	11	25	36,38	12
27a	17	13	23	29	22	11	19	14	12	19	11	16	24	12	13	39	19	15	11,14	31	14	11	23	35,38	12
27b	17	13	23	29	22	11	19	14	12	19	11	16	24	12	13	39	19	15	11,14	31	14	11	23	35,38	12
28a	18	12	23	28	21	10	13	14	11	18	11	16	24	12	13	38	17	14	11,14	31	13	12	23	35,36	12
28b	18	12	23	28	21	10	13	14	11	18	11	16	24	12	13	38	17	14	11,14	31	13	12	23	35,36	12

29a	18	13	23	29	22	10	16	14	11	19	10	16	24	12	14	37	16	16	11,14	30	13	12	23	35,37	12
29b	18	13	23	29	23	10	16	14	11	19	10	16	24	12	14	37	16	16	11,14	30	13	12	23	35,37	12
30a	17	13	23	29	25	10	17	14	12	19	10	15	24	12	13	37	17	15	11,14	30	13	12	22	34,36	12
30b	17	13	23	29	25	10	17	14	12	19	10	15	24	12	13	37	17	15	11,14	30	13	12	22	34,36	12
31a	18	13	22	32	19	9	15	13	12	20	10	15	25	10	11	41	20	14	16,18	33	13	12	22	35,39	12
31b	18	13	22	32	19	9	15	13	12	20	10	15	25	10	11	41	20	14	16,18	33	13	12	22	35,39	12
32a	17	14	21	30	20	11	15	15	10	20	10	14	22	10	12	39	21	14	15,15	28	15	11	26	35,38	13
32b	17	14	21	30	20	11	15	15	10	20	10	14	22	10	12	39	21	14	15,15	28	15	11	26	35,38	13
33a	17	13	24	29	22	10	17	14	12	19	10	16	23	12	13	37	18	15	11,14	29	13	12	22	35,36	12
33b	17	13	24	29	22	10	17	14	12	19	10	16	23	12	13	37	18	15	11,14	29	13	12	22	35,36	12
34a	16	13	23	30	16	11	15	16	13	20	11	16	25	11	11	37	20	14	11,14	31	14	11	23	36,37	12
34b	16	13	23	30	16	11	15	16	13	20	11	16	25	11	11	37	20	14	11,14	31	14	11	23	36,37	12
35a	17	12	21	28	19	11	19	15	11	20	10	15	22	10	11	37	17	16	12,14	27	14	12	21	37,38	9
35b	17	12	21	28	19	11	19	15	11	20	10	15	22	10	11	37	17	16	12,14	27	14	12	21	37,38	9
36a	15	14	21	30	20	10	17	14	12	20	11	13	23	10	14	41	18	14	11,13	28	14	10	20	35,35	11
36b	15	14	21	30	20	10	17	14	12	20	11	13	23	10	14	41	18	14	11,13	28	14	10	20	35,35	11
37a	17	13	23	30	17	11	15	16	11	20	11	15	25	11	11	41	19	14	12,14	32	13	11	18	38,38	12
37b	17	13	23	30	17	11	15	16	11	20	11	15	25	11	11	41	19	14	12,14	32	13	11	18	38,38	12
38a	18	13	22	32	19	9	15	13	12	20	10	15	25	10	11	41	20	14	16,188	33	13	12	22	35,39	12
38b	18	13	22	32	19	9	15	13	12	20	10	15	25	10	11	41	20	14	16,18	33	13	12	22	35,39	12
39a	17	14	21	30	20	11	15	15	10	20	10	14	22	10	12	39	21	14	15,15	28	15	11	26	35,38	13
39b	17	14	21	30	20	11	15	15	10	20	10	14	22	10	12	39	21	14	15,15	28	15	11	26	35,38	13
40a	16	12	21	28	20	10	17	16	10	19	10	13	27	10	11	39	18	15	13,16	28	13	11	23	37,37	10
40b	16	12	21	28	20	10	17	16	10	19	10	13	27	10	11	39	18	15	13,16	28	13	11	23	37,37	10
41a	18	13	23	29	16	11	17	15	12	20	11	16	25	11	11	43	19	14	11,14	33	13	11	25	36,38	12
41b	18	13	23	29	16	11	17	15	12	20	11	16	25	11	11	43	19	14	11,14	33	13	11	25	36,38	12
42a	17	13	23	29	20	12	16	14	12	19	11	17	24	12	13	38	17	15	11,14	29	13	12	22	35,36	12
42b	17	13	23	29	20	12	16	14	12	19	11	17	24	12	13	38	17	15	11,15	29	13	12	22	35,36	12
43a	18	13	24	30	16	12	16	15	12	20	11	16	24	12	11	40	19	14	12,14	34	13	10	24	36,38	13

43b	18	13	24	30	16	12	16	15	12	20	11	16	24	12	11	40	19	14	12,14	34	13	10	24	36,38	13
44a	17	13	23	28	23	11	17	14	12	19	10	15	23	12	13	36	16	15	11,14	29	13	11	23	36,36	12
44b	17	13	23	28	23	11	17	14	12	19	10	15	23	12	13	36	16	15	11,14	29	13	11	23	36,36	12
45a	18	13	23	29	21	11	18	15	12	18	11	16	23	12	13	37	20	15	11,14	29	13	11	22	36,37	12
45b	18	13	23	29	21	11	18	15	12	18	11	16	23	12	13	37	20	15	11,14	29	13	11	22	36,37	12
46a	17	14	24	31	23	11	17	14	12	20	10	15	25	12	14	38	16	14	12,14	28	13	12	23	35,35	12
46b	17	14	24	31	23	11	17	14	12	20	10	15	25	12	14	38	16	14	12,14	28	13	11	23	35,35	12
47a	16	10	22	27	20	11	15	15	11	20	10	15	23	9	11	40	18	15	13,16	30	12	11	23	36,38	11
47b	16	10	22	27	20	11	15	15	11	20	10	15	23	9	11	40	18	15	13,16	30	12	11	23	36,38	11
48a	17	13	24	29	21	10	16	14	12	19	10	16	23	12	13	38	17	15	11,14	31	13	11	23	35,36	12
48b	17	13	24	29	21	10	16	14	12	19	10	16	23	12	13	38	17	15	11,14	31	13	11	23	35,36	12

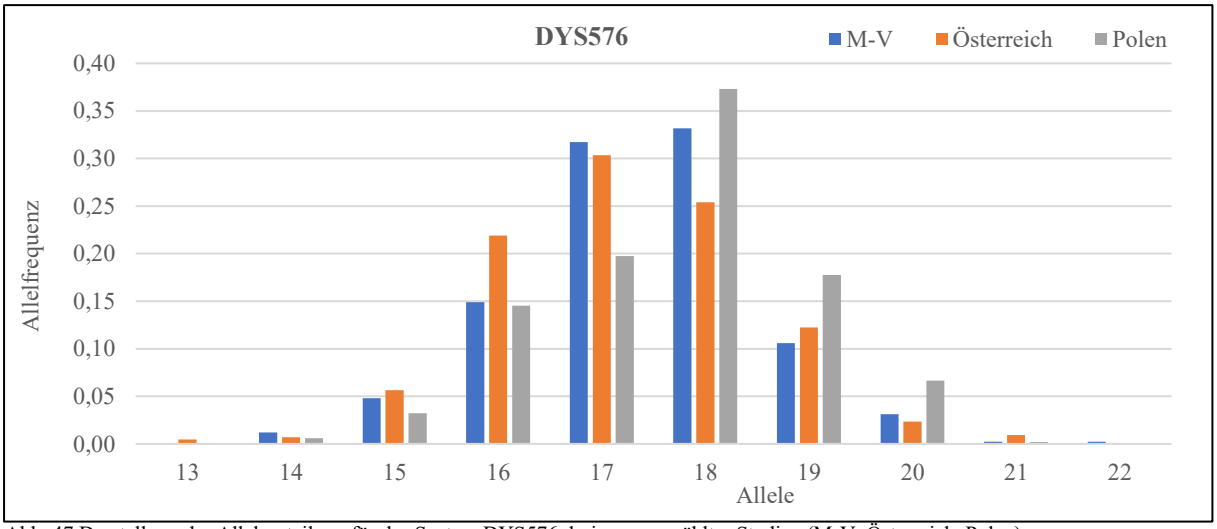

Abb. 47 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS576 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

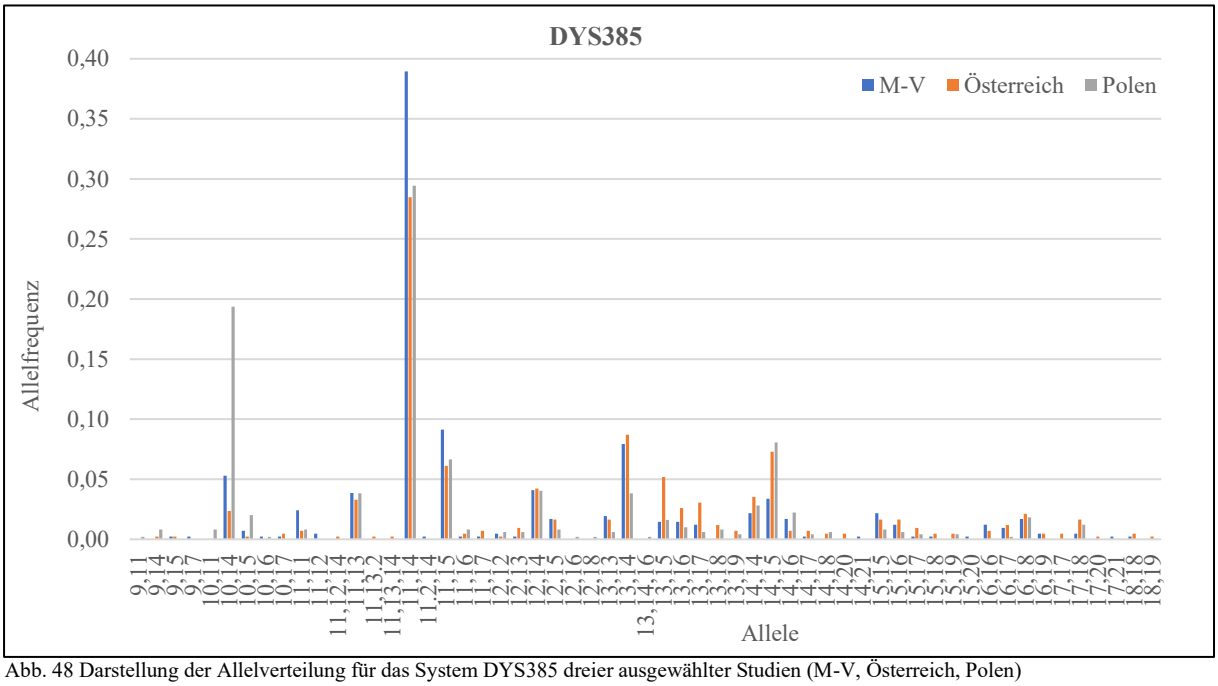

Abb. 48 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS385 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

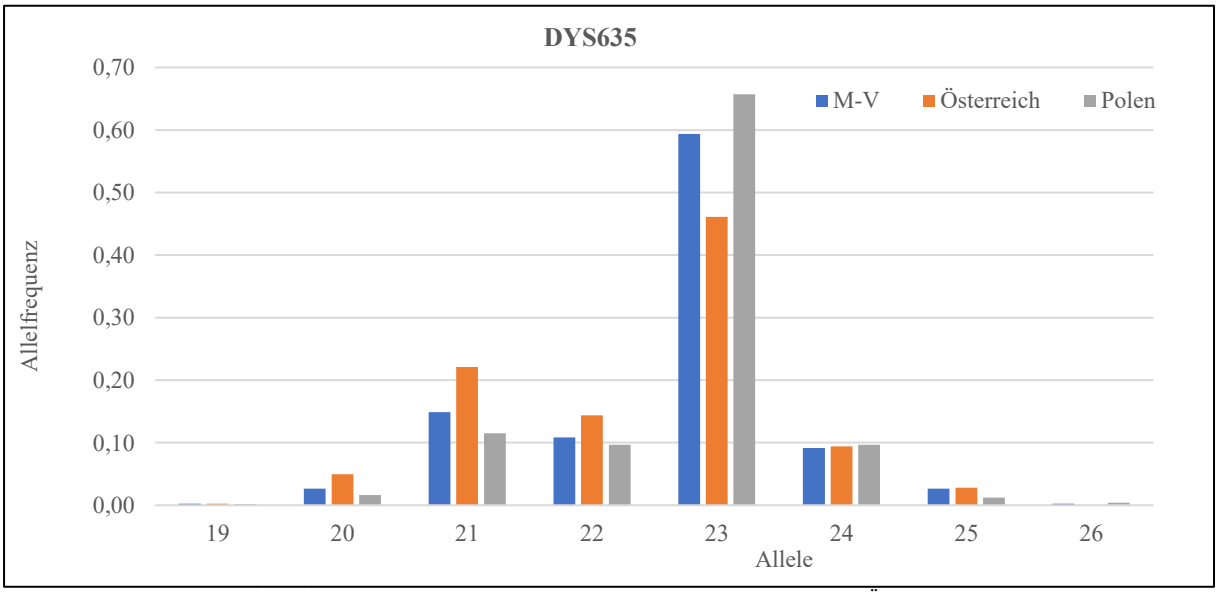

Abb. 49 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS635 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

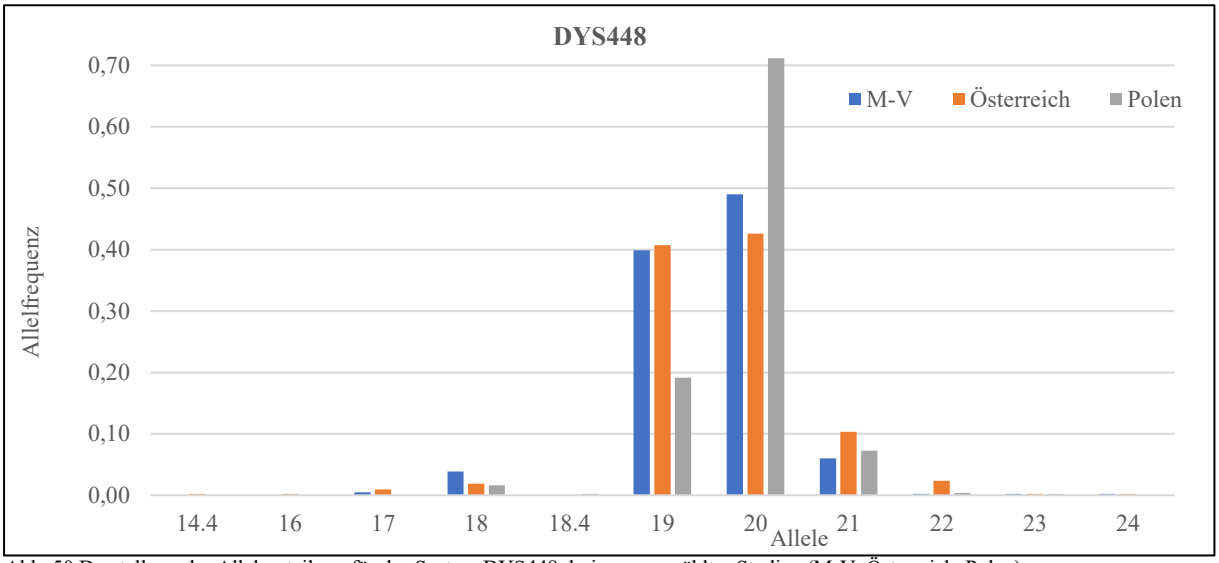

Abb. 50 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS448 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

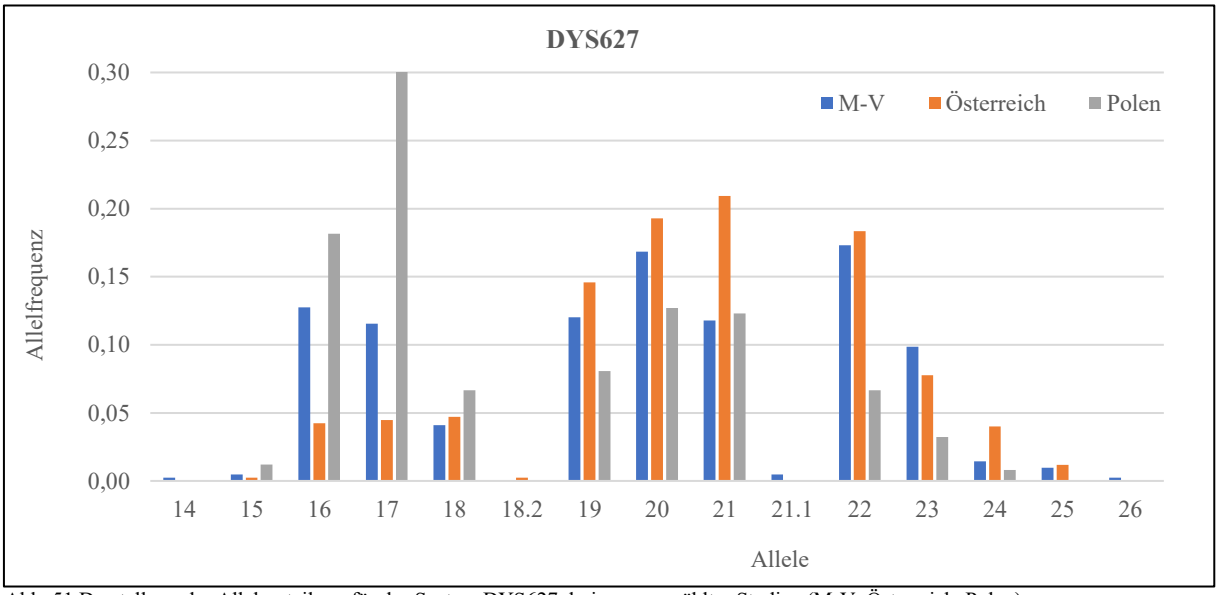

Abb. 51 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS627 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

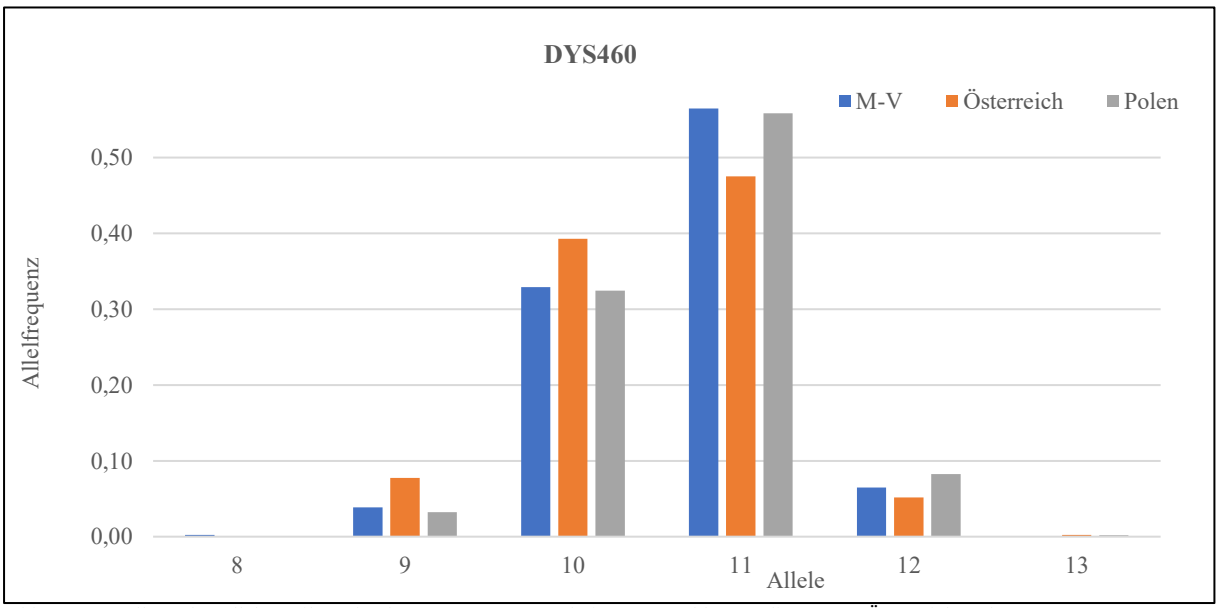

Abb. 52 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS460 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

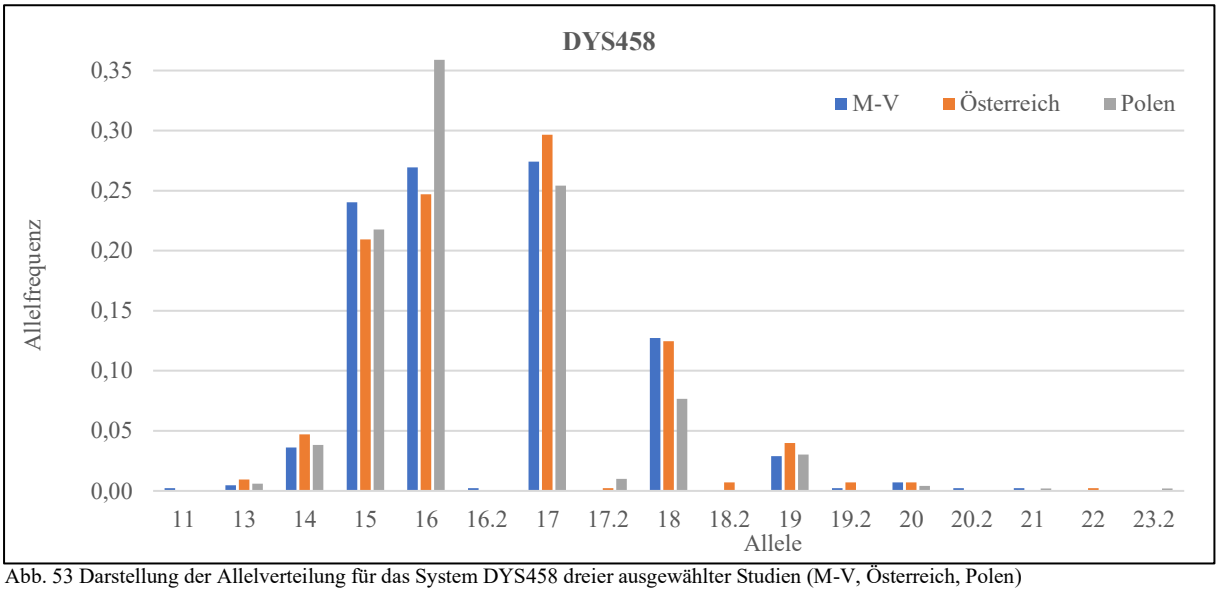

Abb. 53 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS458 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

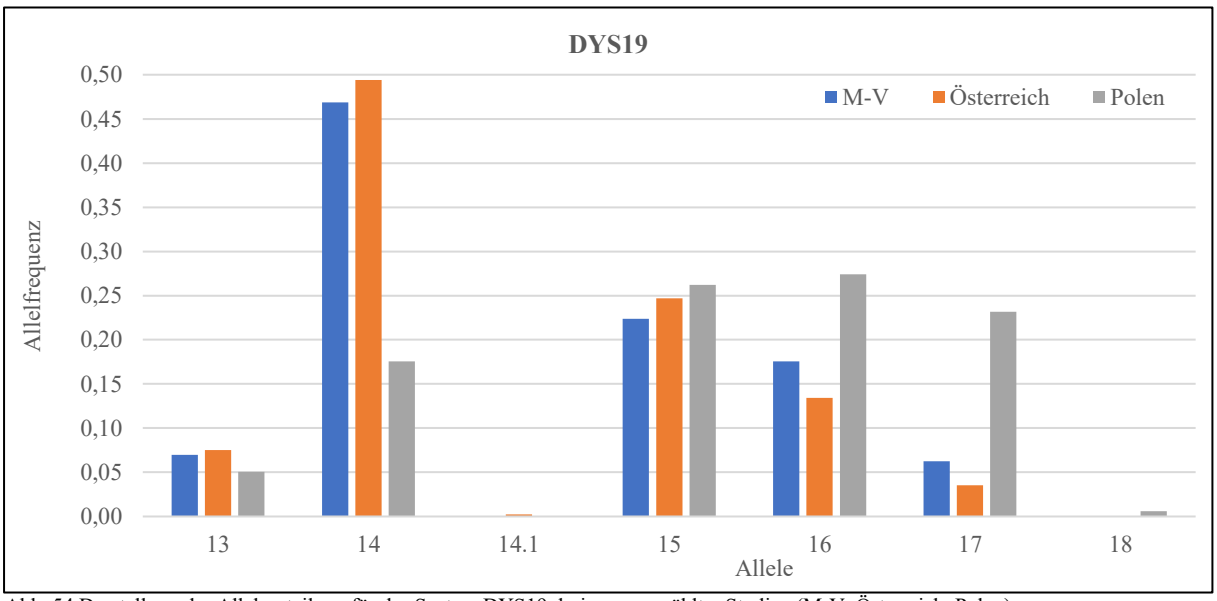

Abb. 54 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS19 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

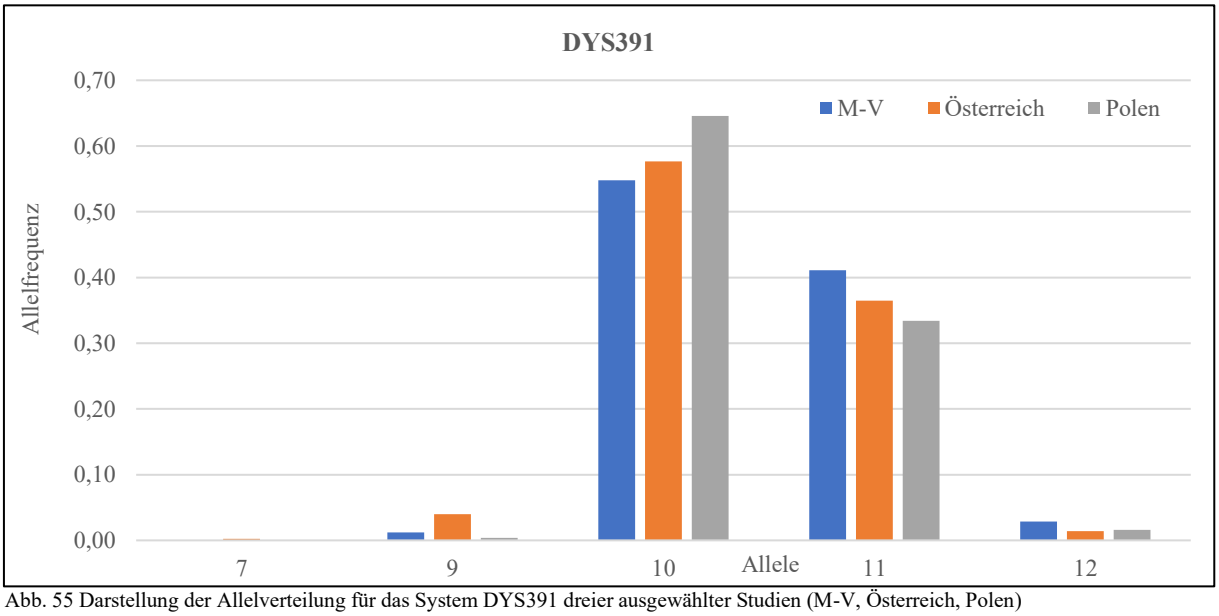

Abb. 55 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS391 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

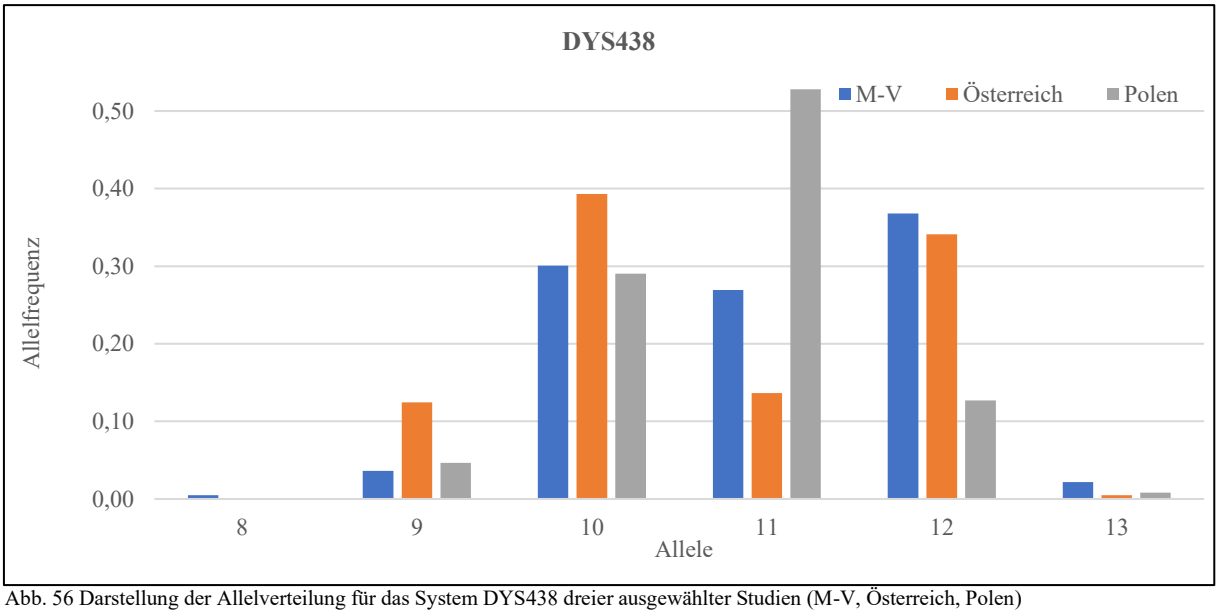

Abb. 56 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS438 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

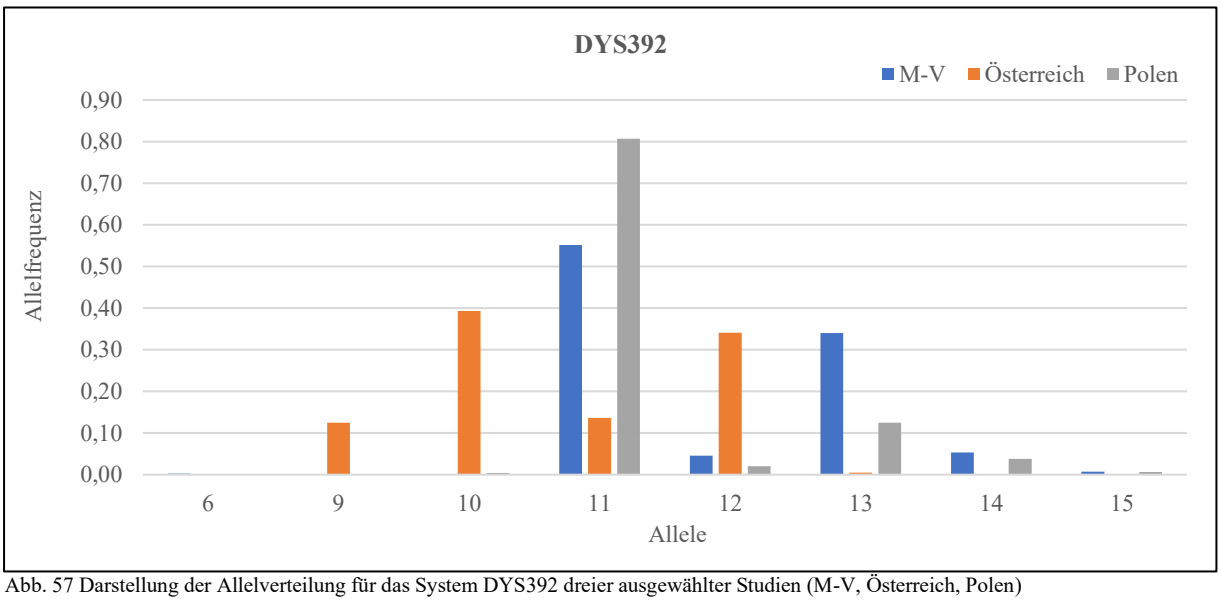

Abb. 57 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS392 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

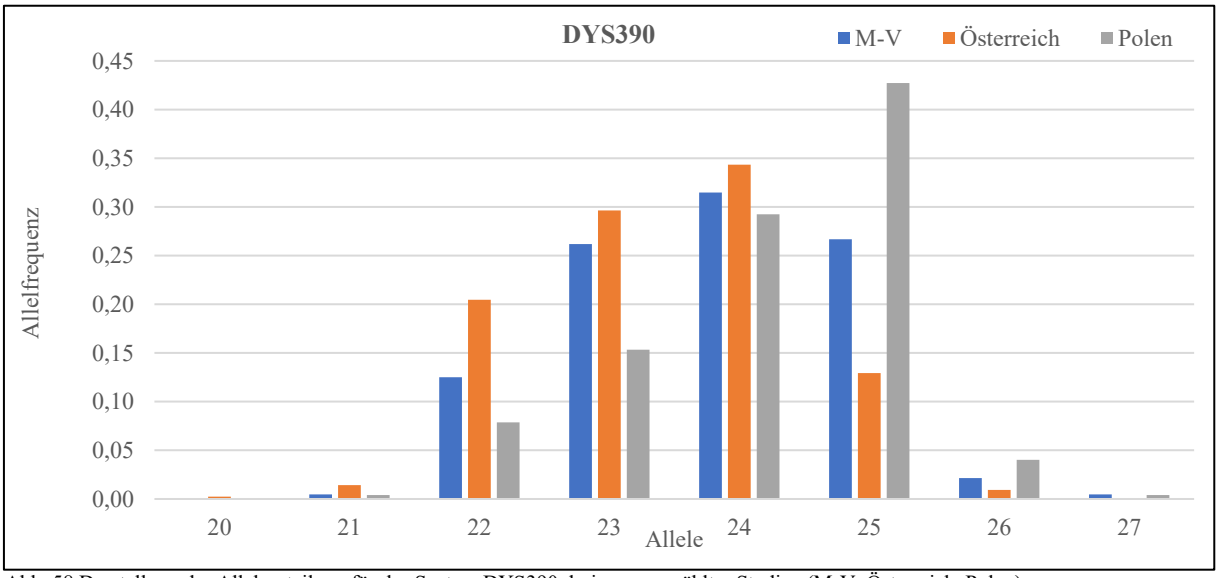

Abb. 58 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS390 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

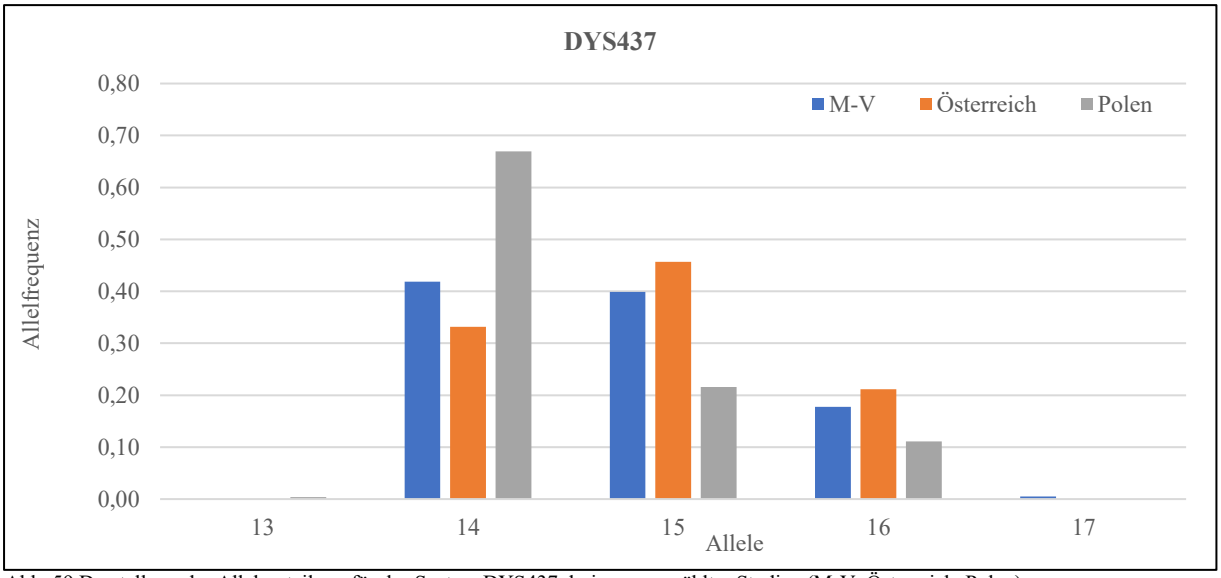

Abb. 59 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS437 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

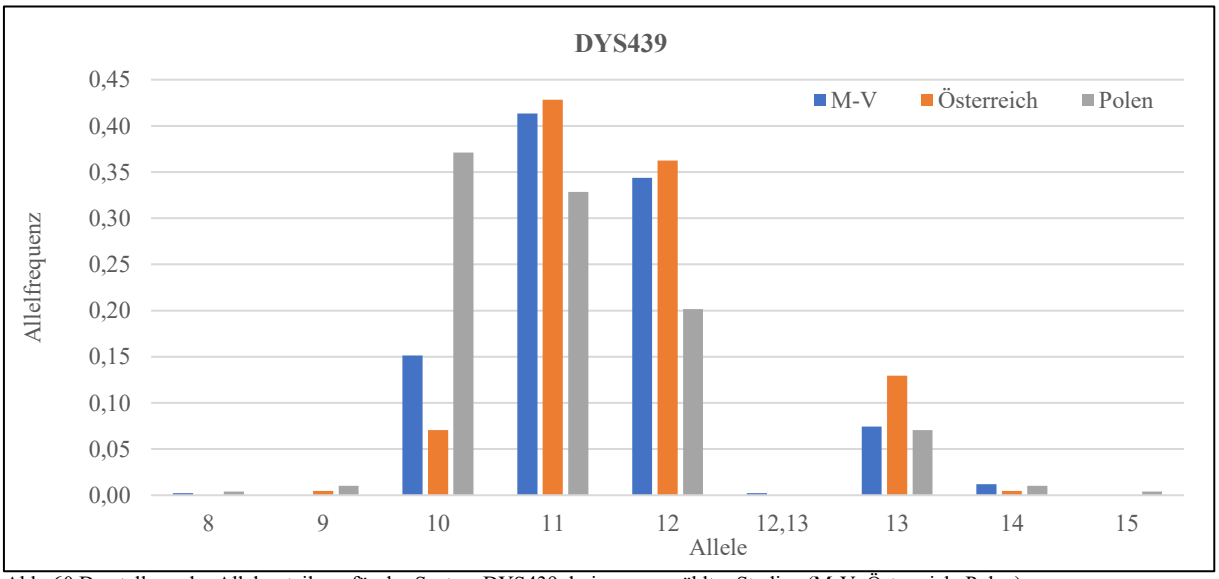

Abb. 60 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS439 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

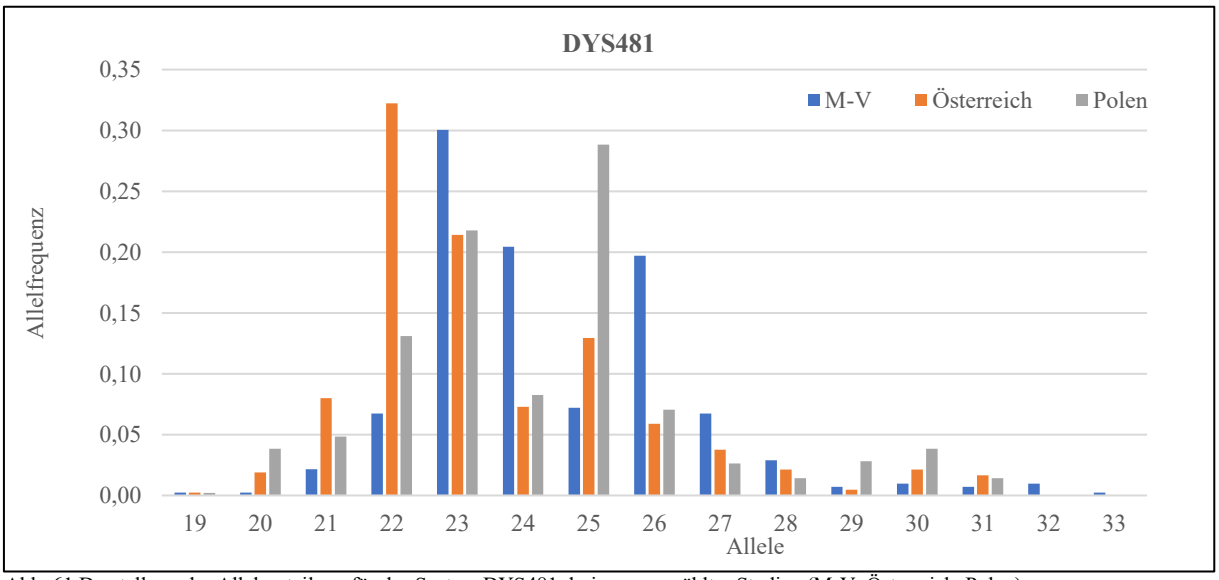

Abb. 61 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS481 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

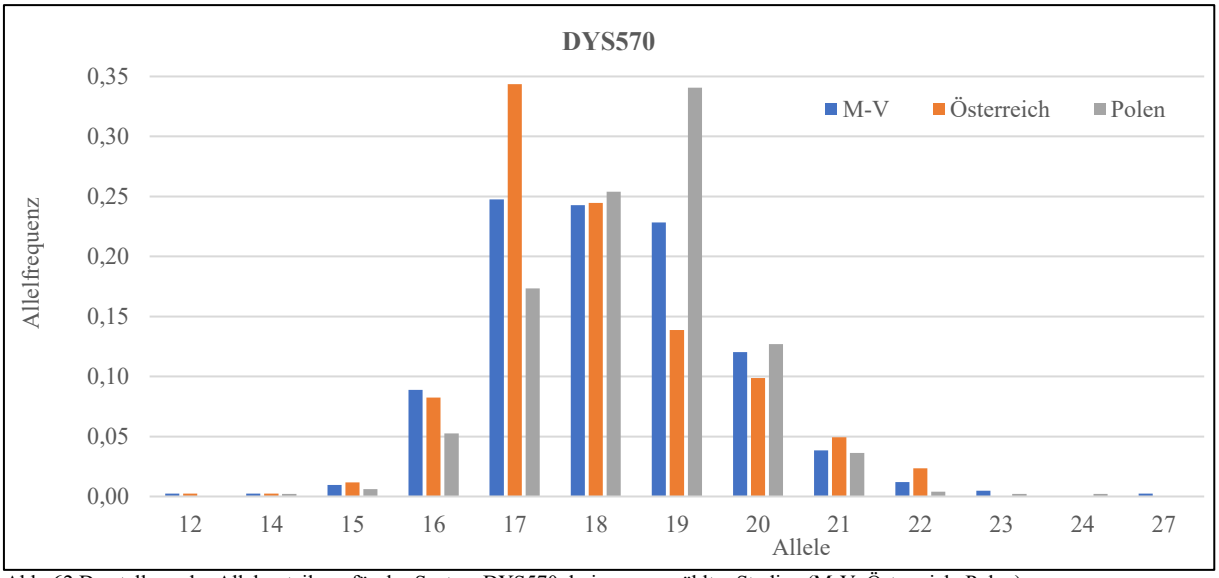

Abb. 62 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS570 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

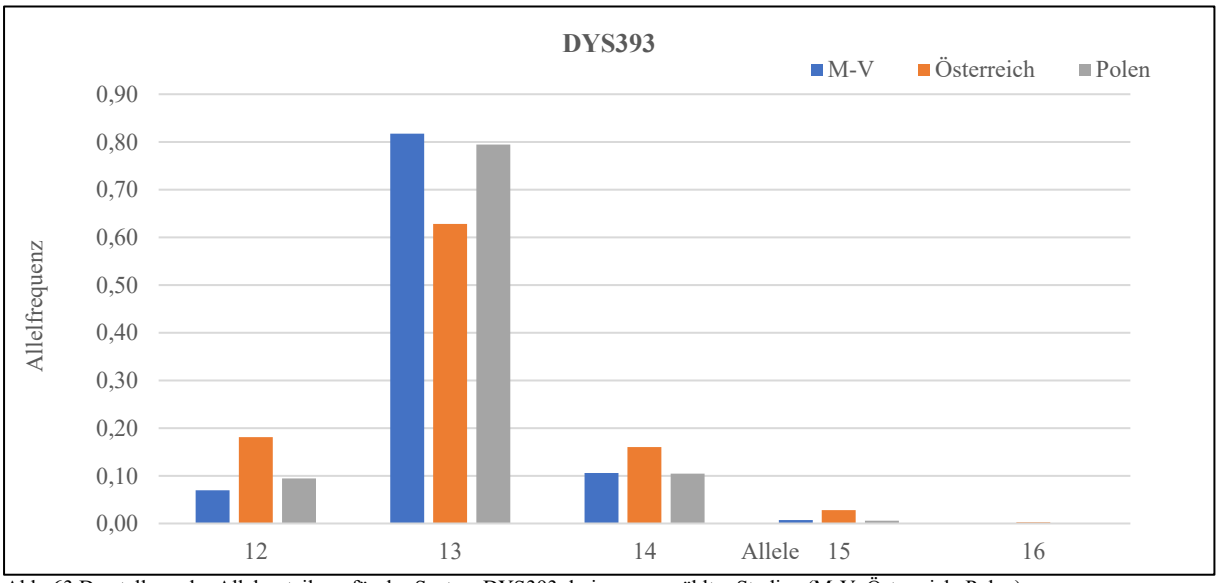

Abb. 63 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS393 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

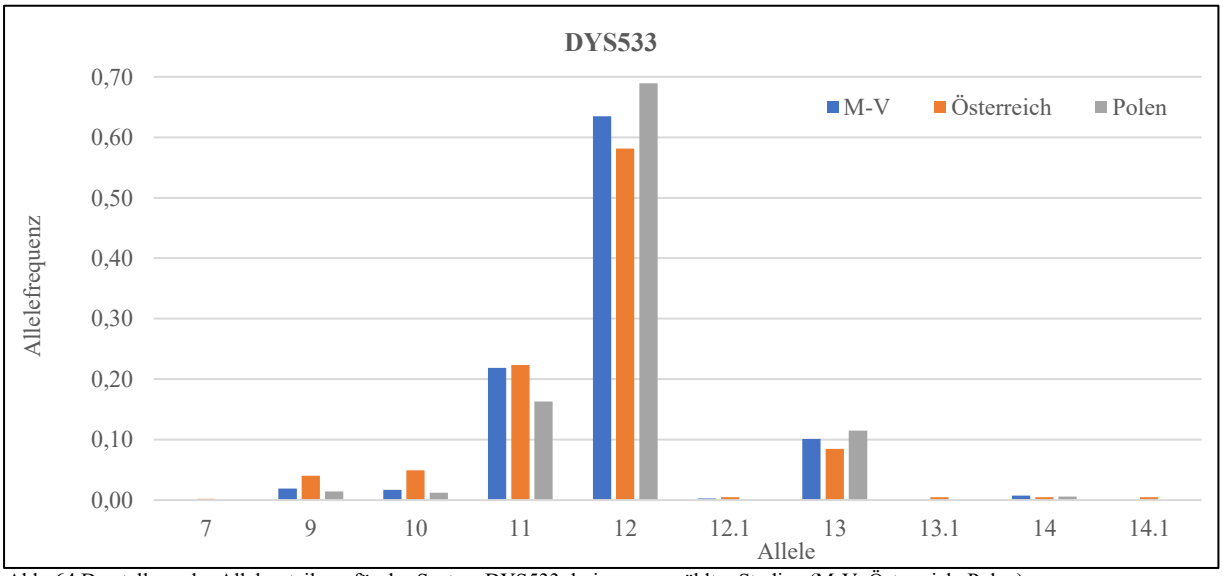

Abb. 64 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS533 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

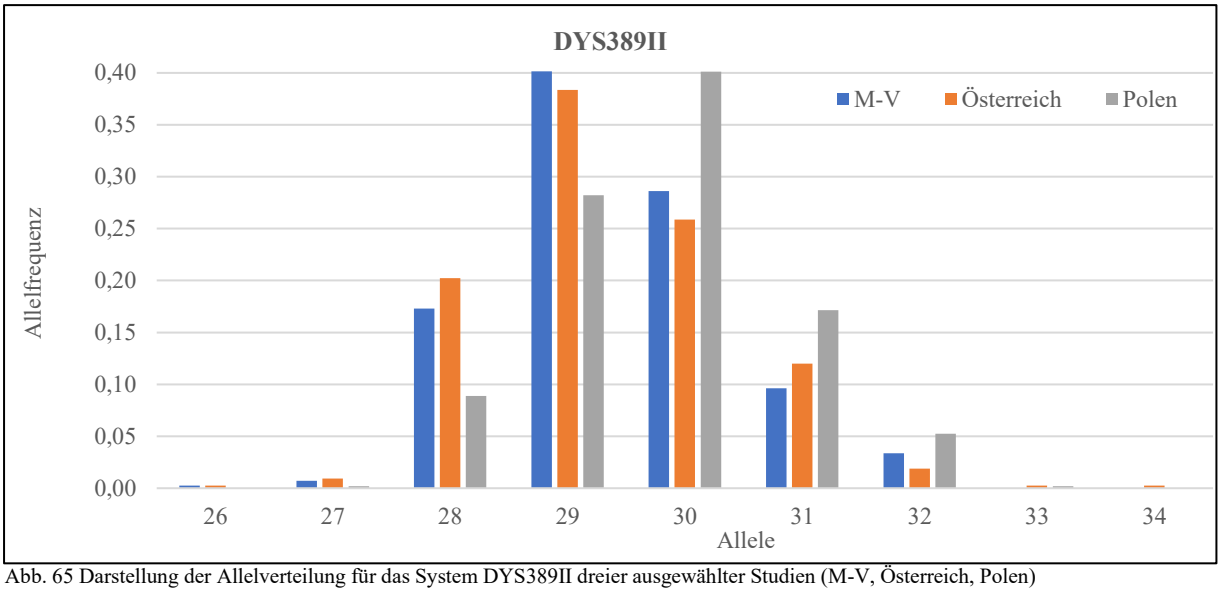

Abb. 65 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS389II dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

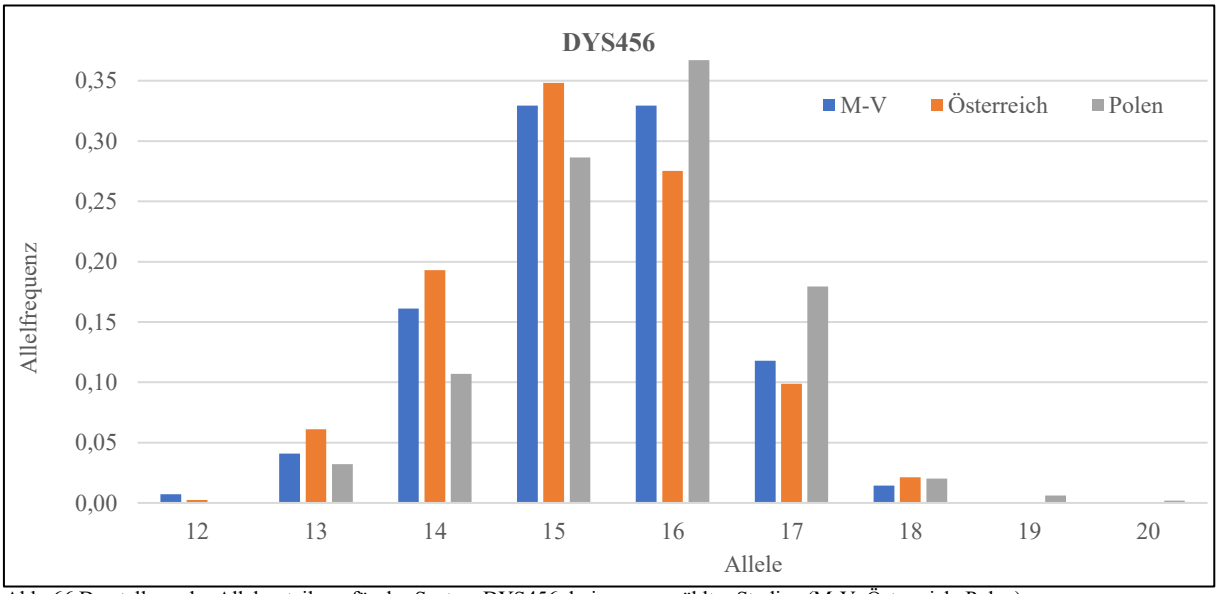

Abb. 66 Darstellung der Allelverteilung für das System DYS456 dreier ausgewählter Studien (M-V, Österreich, Polen)

Danksagung

Allen Personen, die zum Gelingen der Arbeit beigetragen haben, bin ich zu großem Dank verpflichtet.

Bei Herrn Prof. Dr. med. Andreas Büttner möchte ich mich sehr für die Vergabe des Themas und die Möglichkeit, am Institut für Rechtsmedizin der Universität Rostock zu arbeiten, bedanken.

Dr. rer. nat. Dipl.-Biol. Iris Lindner ist diejenige, die mich zur Beschäftigung mit dem grundlegenden in dieser Arbeit behandelten Themen anregte und sie über mehrere Jahre engagiert betreute. Für ihre stetige Diskussionsbereitschaft, Hilfe und Unterstützung bin ich ihr sehr dankbar.

Ich bedanke mich herzlich bei Frau Diane Meißner, die mir mit Rat und Tat und vielen aufmunternden Worten stets und ständig zur Seite stand.

Allen Mitarbeitern am Institut für Rechtsmedizin, insbesondere der Mitarbeiter des Arbeitsbereiches Forensische Genetik gilt mein Dank für die Schaffung einer angenehmen Arbeitsatmosphäre.

Vielen lieben Dank allen meinen Freunden für jeglicher Art der Unterstützung. Ganz besonders möchte ich schließlich meiner Familie für ihren uneingeschränkten Rückhalt, Beistand und ihre Geduld - nicht nur während der Fertigstellung der Arbeit – danken. Ohne sie wäre diese Doktorarbeit nicht möglich gewesen.

Lebenslauf

Name: Angela Schröder

Anschrift: Remstedtstr. 45, 22143 Hamburg

Telefon: 0172 2745127

E-Mail: angela-schroeder@gmx.net

Akademische Laufbahn

10/2012 – 12/2018	Studium der Humanmedizin an der Universität Rostock, mündliches Staatsexamen 12/2018, Note: 2 schriftliches Staatsexamen 10/2017, Note: 3 Physikumsnote: 2,5

Berufserfahrung, klinische Erfahrung

09/2006 - 08/2009	Berufsausbildung zur Gesundheits- und Krankenpflegerin, HELIOS Kliniken Schwerin
09/2009 - 03/2011	Gesundheits- und Krankenpflegerin, Pneumologische Station, HELIOS Kliniken Schwerin
03/2011 - 11/2015	Gesundheits- und Krankenpflegerin, Chirurgische Intensivstation, HELIOS Kliniken Schwerin
04/2016 - 06/2017	Gesundheits- und Krankenpflegerin, studentischer Springerpool, Universitätsmedizin Rostock
PJ Tertial Anästhesie:	Asklepios Klinikum Harburg, Hamburg
PJ Tertial Innere Medizin:	HELIOS Kliniken Schwerin
PJ Tertial Chirurgie:	HELIOS Kliniken Schwerin
03/19 – laufend	Assistenzärztin Anästhesie, Intensivmedizin, Notfallmedizin, Schmerzmedizin, Palliativmedizin, Asklepios Klinikum Harburg

Fremdsprachenkenntnisse: Englisch (konversationssicher)

Eidesstattliche Erklärung

Hiermit versichere ich, dass ich die vorliegende Arbeit selbstständig verfasst und keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel verwendet habe und die den benutzten Werken wörtlich bzw. inhaltlich entnommenen Stellen als solche kenntlich gemacht habe.

Hamburg, 16.12.2021

Angela Schröder