

**Beurteilung einer nach der Formel von Essen-Möller  
gefundenen Vaterschaftswahrscheinlichkeit  
im Hinblick auf die gegebene Mutter-Kind-Konstellation**  
**Beschreibung der Verfahren; Tabellen und Graphik**

K. HUMMEL, P. IHM und V. SCHMIDT

Hygiene-Institut der Universität Freiburg i. Br.

(Direktor: Prof. Dr. R. Haas)

Institut für Medizinisch-biologische Statistik und Dokumentation  
der Universität Marburg a. d. Lahn (Direktor: Prof. Dr. P. Ihm)

Eingegangen am 27. Juni 1969

**Einleitung**

Essen-Möller [1] hat im Jahr 1938 eine Formel angegeben, welche gestattet, anhand von Erbeigenschaften beim Kind, seiner Mutter und dem Putativvater (PV) eine biostatistische Entscheidung für oder gegen Vaterschaft herbeizuführen. Der Ansatz lässt sich auf das Theorem von Bayes aus dem 18. Jahrhundert zurückführen:

Bei Verwendung von Erbsystemen  $S_1, S_2, \dots, S_n$  sei beim  $i$ -ten System die Wahrscheinlichkeit des beobachteten Phänotyps von Kind, Mutter und wahrem Vater gleich  $X_i$ , die des Phänotyps bei Nichtvaterschaft  $Y_i$ , dann ist die Wahrscheinlichkeit der Vaterschaft nach dem Bayesschen Theorem

$$P = \frac{p X_i}{p X_i + q Y_i} = \frac{1}{1 + \frac{q Y_i}{p X_i}}.$$

Dabei ist  $p$  die A-priori-Wahrscheinlichkeit der Vaterschaft,  $q = 1 - p$  die A-priori-Wahrscheinlichkeit der Nichtvaterschaft.

Essen-Möller geht von einer gleichen A-priori-Chance für wie gegen Vaterschaft aus, er setzt also

$$p = q = 1/2$$

und erhält

$$W = \frac{X_i}{X_i + Y_i},$$

oder umgeformt

$$W = \frac{1}{1 + Y_i/X_i}.$$

$Y/X$ -Werte, sog. kritische Werte, sind heute für alle gängigen Blutgruppensysteme berechnet und publiziert [2, 3, 4]. Man verwendet

zweckmäßigerweise Logarithmen, wobei man zur Vermeidung negativer Werte die volle Zahl 10 hinzuzählt. Die den  $\lg Y/X$ -Summen zugehörigen  $W$ -Werte liest man aus einer Tabelle ab [2].

Mit dem Essen-Möller-Ansatz besitzt die Praxis der Abstammungsbegutachtung eine gute Möglichkeit, sich über die Vaterschaft eines Mannes statistisch zu orientieren. Man hat sich nur noch zu überlegen, welche Bewertungsgrenzen gelten sollen. Die Orientierung wird durch die Größe des Fehlers erster und zweiter Art gegeben. Setzt man eine Grenze von  $W = 90\%$  und sieht alle Männer mit  $W = 90\%$  und darüber als Erzeuger an, so irrt man sich, wie empirisch an einem größeren Gutachtenmaterial ermittelt wurde, in etwas mehr als 1% (= Fehler erster Art). Größer ist der Fehler zweiter Art. 25% aller Aktenfälle können bei einer Bewertungsgrenze von 90% nicht entschieden werden. In etwa der Hälfte dieser Fälle ist der wahre Vater beteiligt. Der Fehler zweiter Art beträgt also rd. 13%. Er besagt, daß man sich in etwa 13% aller serostatistisch beurteilten Aktenfälle irrt, wenn man sämtliche Männer mit  $W$  unter 90% als Nichtväter ansieht. Der Gesamtfehler bei einer Bewertungsgrenze von  $W = 90\%$  liegt bei fast 15%.

Setzt man die Bewertungsgrenze tiefer, und zwar bei  $W = 80\%$ , dann vergrößert sich der Fehler erster Art auf etwa 3%; der Fehler zweiter Art reduziert sich auf etwa 6%. Der Gesamtfehler liegt bei rd. 10%. Die Größenrelation der beiden Fehler von 1:2 erscheint vertretbar, weil es weniger fehlerhaft ist, wenn ein Kind ohne Vater bleibt als wenn es einen blutsfremden Mann als Vater zudiktiert bekommt. Der Gesamtfehler von rd. 10% erscheint freilich immer noch etwas hoch. Aus diesem Grund haben wir versucht, diesen nach Möglichkeit etwas zu vermindern.

### I. Berücksichtigung der durch die Mutter-Kind-Konstellation gegebenen „Beweislage“

Die Größe der Vaterschaftswahrscheinlichkeit (VW) ist neben dem Erwartungswert, daß die vom Erzeuger geforderten Erbanlagen beim PV tatsächlich vorliegen (bei sog. inkompletten Systemen) und der Cygotie der Anlage (bei kompletten Systemen) wesentlich durch die von der gegebenen Mutter-Kind-Konstellation (MKK) bestimmte Ausschlußwahrscheinlichkeit für Nichtväter determiniert. Niedere VW (unter 90%) können somit einmal dadurch zustandekommen, daß das serologische „Aussehen“ eines Mannes nicht dem „üblichen“ Aussehen der Väter entspricht, zum anderen dadurch, daß die vorliegende MKK für Nichtväter eine nur geringe Chance des Ausschlusses bringt. Im ersten Fall ist der betreffende Mann als Erzeuger „nicht typisch“. Es liegt an seinem Phänotyp, daß er als Vater weniger gut „paßt“. Im zweiten Fall ist der Mann als Vater durchaus „typisch“. Es liegt allein an der

MKK, daß seine VW niedrig liegt. Die Größe der VW kann in diesem Fall nicht als Argument gegen eine Vaterschaft benutzt werden.

Zwei Informationen erscheinen also von Wichtigkeit: einmal — ohne Berücksichtigung des Typs des Mannes — die durch die MKK gegebene allgemeine „Beweislage“ für einen positiven Vaterschaftsnachweis, (= „Teststärke“), zum anderen die Einordnung des  $W$ -Wertes beim PV in die Verteilung der  $W$ -Werte aller Väter zur gegebenen MKK.

Die „Teststärke“ kann zahlenmäßig auf verschiedene Weise angegeben werden. Sie geht z.B. aus der Größe der *Nichtausschlußwahrscheinlichkeit* ( $\bar{A}$ ) für Nichtväter hervor. Ist  $\bar{A}$  bei einer bestimmten MKK gering, so bedeutet dies eine geringe Teststärke für den positiven Beweis, ist sie hoch, so ist die Teststärke größer.

Anschaulicher ist die *Ausschlußwahrscheinlichkeit* ( $A$ ). Zu deren Feststellung addiert man die im angeschlossenen Tabellenwerk angegebenen Logarithmen von  $\bar{A}$  ( $\lg \frac{\Sigma Y}{\Sigma X} + 10$ ) der einzelnen Systeme, zieht von der Summe  $10(n - 1)$  ab und schlägt auf einer gesonderten Tabelle den zugehörigen Wert  $A$  in Prozent nach. Im Durchschnitt aller Fälle liegt dieser derzeit bei 85—90%. Findet sich im konkreten Fall  $A < 85\%$ , so ist die Teststärke weniger günstig, als wenn  $A$  über 85% (oder gar 90%) liegt.

Über die Teststärke orientiert gleichermaßen auch die *mittlere VW aller nicht ausgeschlossenen Männer* bei gegebener MKK und einer A-priori-Wahrscheinlichkeit von 0,5.

Diese VW ( $=W_A$ ) gibt in Prozent den Anteil wahrer Väter unter den nichtausgeschlossenen Männern bei gegebener MKK an:

$$W_A = \frac{1}{1 + (1 - A)}$$

und besagt, wie häufig man die Wahrheit treffen würde, wenn man bei gegebener MKK jeden nichtausgeschlossenen Mann allein aufgrund der Tatsache, daß er nicht ausgeschlossen wurde, als Erzeuger ansehen würde. Dabei ist vorausgesetzt, daß sich unter den als Erzeuger angegebenen Männern *gleichviele* Väter wie Nichtväter befinden.

Liegt  $W_A$  unter  $1/(2 - A_m)$ , so ist die Ausgangsbeweislage für einen positiven Vaterschaftsbeweis wenig günstig, liegt  $W_A$  darüber, so ist sie günstiger.  $A_m$  bedeutet dabei die mittlere  $A$  für alle MKK (derzeit 0,85—0,9).

Zur Bestimmung von  $W_A$  ermittelt man erst  $A$  und liest dann für dieses aus einer Tabelle den Wert  $W_A$  ab.

Sinnfälliger als  $\bar{A}$ ,  $A$  und  $W_A$  orientiert über die „Beweislage“ die „Grenzüberschreitungswahrscheinlichkeit“  $\dot{U}_w(\%)$ . Sie gibt den Prozentsatz Väter zur gegebenen MKK an, deren VW eine festgelegte obere

Bewertungsgrenze ( $W = 80$  bzw.  $90\%$ ) überschreitet. Zu ihrer Ermittlung bestimmt man zunächst anhand der in dieser Arbeit gegebenen Tabellen den mittleren  $\lg Y/X$ -Wert aller zur vorliegenden MKK gehörenden Väter und dessen Varianz<sup>1</sup>. Dann bildet man zu  $9,398$  (für  $W = 80\%$ ) bzw.  $9,046$  (für  $W = 90\%$ ) die Differenz und bestimmt unter Benutzung der beigegebenen Graphik den Prozentanteil Väter, deren  $L$ -Werte<sup>2</sup> diese Grenzen überschreiten.  $\dot{U}_w$  gibt also die Chance für Väter an, mit ihrem  $W$ -Wert eine obere Bewertungsgrenze von  $80$  oder  $90\%$  zu überschreiten. Wenn für eine MKK  $\dot{U}_w = 0$  ist, wird der Grenzwert von keinem der Väter (und auch von keinem Nichtvater) erreicht oder gar überschritten. Mit  $\dot{U}_w$  wird allerdings der Serotyp des PV nicht mitberücksichtigt; die Information bleibt deshalb unvollständig.

## II. Berücksichtigung des beim PV nachgewiesenen Serotyps durch die „Zuordnungswahrscheinlichkeit“ (Z)

Ordnet man die beim PV gefundene VW in die Gesamtheit der den Vätern zur gegebenen MKK zugehörigen VW ein, so lässt sich feststellen, ob dieser Wert für Väter „typisch“ ist oder ob er es nicht ist, je nach dem Prozentsatz Väter mit einer *geringeren* VW als der des PV (Unterschreitungswahrscheinlichkeit  $Z$  = „Zuordnungswahrscheinlichkeit“).

Mit dieser Information ( $Z$ ) ist zugleich auch die „Beweislage“ miterfaßt und erkennbar. Als Kenngrößen für die VW werden nicht  $W$ -Werte, sondern  $Y/X$ -Werte verwendet: Die Relation  $Y/X$  stellt das Kernstück der Essen-Möller-Formel dar und kann auch für sich allein als Likelihood-Verhältnis — ohne A-priori-Wahrscheinlichkeit — betrachtet werden.

Um dem Einzelfall optimal angepaßt zu sein, bezieht man die Verteilung der  $\lg Y/X$ -Werte auf die jeweils vorliegende MKK. Wegen Unabhängigkeit der einbezogenen serologischen Systeme ist die Wahrscheinlichkeit einer Terzette für alle Systeme gleich dem Produkt der Wahrscheinlichkeiten der einzelnen Systeme:

$$\begin{aligned} X &= X_1 \cdot X_2 \cdot \dots \cdot X_n, \\ Y &= Y_1 \cdot Y_2 \cdot \dots \cdot Y_n. \end{aligned}$$

Daraus folgt

$$\frac{Y}{X} = \frac{Y_1}{X_1} \cdot \frac{Y_2}{X_2} \cdot \dots \cdot \frac{Y_n}{X_n}$$

und

$$L = L_1 + L_2 + \dots + L_n - 10(n-1).$$

<sup>1</sup> Die Frage der Berechtigung einer Normalverteilung der Dichte über den  $\lg Y/X$ -Werten, wie sie den Varianzen zugrunde gelegt wurde, wird weiter unten behandelt.

<sup>2</sup>  $L = \lg Y/X + 10$ .

Nun gilt für die Summen beliebig verteilter unabhängiger Zufallsvariabler, daß für  $n \rightarrow \infty$  ihre Verteilung gegen eine Normalverteilung strebt mit Mittelwert

$$\mu = \mu_1 + \mu_2 + \cdots + \mu_n - 10(n-1)$$

und Varianz

$$\sigma^2 = \sigma_1^2 + \sigma_2^2 + \cdots + \sigma_n^2,$$

wobei  $\mu$ ;  $\sigma^2$  Mittelwert und Varianz von  $L$  sind, bezogen auf die Mutter-Kind-Dublette. Praktisch gilt die Approximation schon für mäßige  $n$ . Mit der Kenntnis von  $\mu$  und  $\sigma^2$  ist das Aussehen der Verteilung von  $L$  bei Vätern — unter der Annahme einer Normalverteilung — bekannt<sup>3</sup>.  $L_p$ , der Wert des PV, ordnet sich in diese Verteilung ein. Ist die Summenkurve der Verteilung der Väter nach Prozent — steigend mit der Größe der VW — eingeteilt, so besagt die „Zuordnungswahrscheinlichkeit“  $Z$  des PV ( $= Z_p$ ), wieviele wahre Väter zur gegebenen MKK die VW des PV erreichen.  $Z_p$  ist somit, bezogen auf  $W_p$ , eine Unterschreitungswahrscheinlichkeit.

#### *Benutzungsanweisung für die Tabellen und die Graphik*

Bereits festgestellt sei  $\lg Y/X + 10 = L_p$  des zu beurteilenden Mannes. Man ermittelt dann unter Benutzung der beigegebenen Tabellen das Mittel der  $L$  für Väter [ $L_m(V)$ ] und die zugehörige Varianz ( $\sigma^2 \cdot 100$ ) durch folgendes Vorgehen:

Den Tabellen entnimmt man die  $L_m$  zur gegebenen MKK samt Varianzen für die einzelnen Erbsysteme<sup>4</sup> und addiert die Werte. Bei den Systemen MNS, MNSs, Rh und Gm(a, b, x) muß man dabei einen Umweg über die Ziffern der Phänotypen machen. Von der Summe der  $L_m$  zieht man  $10(n-1)$  ab und erhält  $L_m(V)$ .

Nun bildet man die Differenz

$$\Delta = L_p - L_m(V).$$

$\Delta/\sigma$  ist dabei normal verteilt mit Erwartungswert 0 und Varianz 1. Während bezüglich  $W$   $Z$  eine Unterschreitungswahrscheinlichkeit, ist für ein gefundenes  $\Delta = \Delta_0$   $Z$  jetzt eine Überschreitungswahrscheinlichkeit:  $Z = p(\Delta \geq \Delta_0)$ . Sie wird aufgrund der Normalverteilung

$$Z = \int_{\frac{\Delta_0}{\sigma}}^{\infty} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{t^2}{2}} \cdot dt$$

<sup>3</sup> Entscheidungen *gegen* eine Vaterschaft sind selten; somit ist eine Zuordnung von  $L_p$  zur  $L$ -Verteilung von *Nichtvätern* entbehrlich. Mittelwerte und Varianzen der  $L_i$  von Nichtvätern stehen aber zur Verfügung und können von den Verfassern bezogen werden.

<sup>4</sup> Die zu den Tabellen benutzten Genfrequenzen sind dieselben wie diejenigen, welche für die  $\lg Y/X$ -Tabellen zur Berechnung der VW nach Essen-Möller [2, 3, 4] verwendet wurden.

berechnet. In der graphischen Tafel sind für die Werte von  $100 \cdot \sigma^2 = 1$  bis 180 Geraden eingezeichnet. Die Zahlen auf der Abszisse (unten) geben  $100 \cdot \sigma^2$  an. Horizontal (oben) ist die Tafel nach  $\Delta$ , vertikal nach  $Z$  (in %) eingeteilt. Um  $Z$  abzulesen, legt man durch  $\Delta$  eine zur Ordinate parallele Gerade und sucht beim Schnittpunkt mit der zum entsprechenden Varianzwert (Wert von  $100 \cdot \sigma^2$ ) gehörenden Geraden auf der Ordinate den Wert  $Z$ .

### *Beispiele*

1.  $L_p = 10,326$ ;  $L_m(V) = 8,881$ ;  $100 \cdot \sigma^2 = 30,0013$ . Es ergibt sich  $\Delta_0 = 1,445$ . Bei  $\Delta_0 = 1,445$  sucht man den Schnittpunkt mit der Geraden  $100 \cdot \sigma^2 = 30$  und erhält  $Z = 0,4\%$ . Ein Wert von  $L_p$  wie der gefundene wird mit der sehr geringen Wahrscheinlichkeit von  $0,4\%$  erreicht oder überschritten, konkreter ausgedrückt: Nur  $0,4\%$  aller zur vorliegenden Mutter-Kind-Dublette gehörenden wahren Väter weisen  $L \geq 10,326$  auf, besitzen also eine VW von nicht höher als  $W = 30\%$ .

2.  $L_p = 9,288$ ;  $L_m(V) = 9,891$ ;  $100 \cdot \sigma^2 = 16,1802$ . Es ergibt sich  $\Delta_0 = -0,603$ . Bei  $\Delta_0 = -0,603$  sucht man den Schnittpunkt mit der Geraden  $100 \cdot \sigma^2 = 16$  und liest  $Z = 6\%$  ab. Da  $\Delta_0$  ein negativer Wert ist, gilt  $Z(\%) = 100 - 6 = 94\%$ :  $94\%$  aller zur gegebenen Mutter-Kind-Konstellation gehörenden Väter zeigen gleichgroße oder geringere VW wie der beurteilte Mann.

### **Diskussion**

Eine mit Hilfe der von Essen-Möller [1] angegebenen Formel errechnete Vaterschaftswahrscheinlichkeit (VW) schöpft alle Informationen aus, welche von der Blutformel der Beteiligten (Kind, Mutter, Eventualvater) ausgehen. Aus der Höhe der VW kann — unter Berücksichtigung einer realistischen A-priori-Wahrscheinlichkeit [5] — auf die Größe des Irrtums in einem großen Aktenmaterial geschlossen werden, wenn in allen gleichgelagerten Fällen für (bzw. gegen) Vaterschaft entschieden wird.

*Bewertungsgrenzen für normierte VW* (mit einer A-priori-Wahrscheinlichkeit von 0,5) sollten so gezogen sein, daß sowohl der Fehler erster Art (fälschliche Benennung eines Nichtvaters als Vater) als auch der Fehler zweiter Art (keine Entscheidung für Vaterschaft, obwohl der vorgestellte Mann der tatsächliche Erzeuger ist) möglichst klein ist. Bei einer Grenze von  $W = 90\%$  ist der Fehler erster Art gering (etwas über 1%), der Fehler zweiter Art aber relativ groß (bei 13%). Bei einer Grenze von  $W = 80\%$  liegt der Fehler erster Art bei 3%, derjenige zweiter Art bei 6%. Beide Grenzen können nicht recht befriedigen, die 90%-Grenze wegen des zu hohen Fehlers zweiter Art, die 80%-Grenze wegen zu hohen Fehlers erster Art. Erstrebenswert erscheint es, mit einer Grenze von 90% den Fehler erster Art klein zu halten und für Männer mit  $W < 90\%$

zu prüfen, aus welchem Grund der  $W$ -Wert die 90%-Grenze nicht erreicht. Der Grund kann einmal in einer *hinweisungünstigen Mutter-Kind-Konstellation* liegen; die VW des vorgestellten Mannes ist dann u. U. für Väter zur gegebenen MKK durchaus typisch, aus der Größe der VW ließe sich keine Notwendigkeit herleiten, nach einem „besser passenden“ Mann zu suchen. Zusammen mit positiven Hinweisen aus der sonstigen Beweiserhebung kann die „vatertypische“ VW des betreffenden Mannes die Überzeugung des Richters begründen, der vorgestellte Mann sei tatsächlich der biologische Vater des Kindes. — Eine niedere VW kann aber auch durch eine *hinweisungünstige Faktoren-Konstellation* beim Putativvater zustande kommen; der betr. Mann ist dann als Vater weniger typisch. Es sind Männer denkbar, welche besser zu dem Kind passen. Dieser Umstand kann den Richter veranlassen, weitere Information einzuholen, indem er z.B. das serologische Gutachten erweitern lässt oder ein anthropologisches Gutachten einholt. Würde auch die weitere Beweiserhebung zu keiner Entscheidung führen, dann wäre, sofern der positive Beweis gefordert ist, die Klage abzuweisen.

Eine gewisse Information über die Limitierung der bei Vätern erzielten  $W$ -Werte durch die MKK bringt die Ausschlußwahrscheinlichkeit (oder Nichtausschlußwahrscheinlichkeit), weiter die aus dieser errechnete Vaterschaftswahrscheinlichkeit  $W_A$  (ohne Miteinbeziehung des vorgestellten Mannes), sowie die Grenzüberschreitungswahrscheinlichkeit  $\dot{U}_w$  für Väter, welche angibt, wieviele Väter zu einer gegebenen MKK eine festgelegte Wahrscheinlichkeitsgrenze (hier  $W = 90\%$ ) überschreiten. Aus diesen unter sich gleichwertigen Informationen ergibt sich die Ausgangs-Beweislage für den positiven Vaterschaftsnachweis, also die im Einzelfall gültige „Teststärke“ bei der Anwendung des Essen-Möller-Verfahrens.

Eine *volle Information* — und zwar unter Einbeziehung des Bluttyps beim PV — liefert die Position der VW des PV innerhalb aller VW der zur gegebenen MKK gehörenden Väter. Die Zuordnungswahrscheinlichkeit  $Z$  (in %) besagt dabei, wieviel Prozent unter allen wahren Vätern zu einer gegebenen MKK die VW des PV erreichen;  $Z$  stellt damit eine „Unterschreitungswahrscheinlichkeit“ in Bezug auf  $W$  dar.

$1 - Z$  [bzw.  $100 - Z(\%)$ ] bedeutet komplementär die Überschreitungswahrscheinlichkeit: Bei hohem  $Z$ -Wert (= niederm Komplement) ist die Zahl der Väter mit einer *höheren* VW als der des PV gering, bei niederm  $Z$ -Wert (= hohem Komplement) ist sie groß.

Um zu  $Z$  zu gelangen benötigt man neben der VW des PV die mittlere VW aller Väter zur gegebenen MK-Dublette sowie die Varianz dieses Mittelwertes.

Bei der Aufstellung der Tabellenwerte dieser Arbeit wurde davon ausgegangen, daß die  $\lg Y/X$ -Werte *normal verteilt* sind. Für die log-Kenngrößen der *einzelnen* Erbsysteme trifft dies nicht zu, wohl aber für eine *größere Zahl* von Systemen, wie dies aus Darstellungen von Essen-Möller und Quensel [6] sowie Gürtler [7] hervorgeht. Wir selbst sind der Frage auf eine andere Weise nachgegangen und zwar ausgehend von folgender Überlegung:

Trägt man die Häufigkeiten von Vätern und Nichtvätern zu einer gegebenen MKK in Abhängigkeit von ihrem  $\lg Y/X$ -Wert ab, so erhält man eine relativ große aber begrenzte Zahl von Meßpunkten (vgl. Abb. 1 links oben). Unter Führung dieser Meßpunkte läßt sich rechnerisch eine Normalverteilung der  $\lg Y/X$ -Werte von Vätern (und Nichtvätern) konstruieren. Diese Verteilung wird in ihrem Mittelteil der Wirklichkeit sehr nahe kommen, in den Extrembereichen von ihr mehr oder weniger abweichen, das letztere vor allem deswegen, weil es bei der wirklichkeitsentsprechenden Verteilung der  $\lg Y/X$ -Werte keine Asymptoten gibt, sondern definierte untere und obere Endwerte.

Für einen Mann mit einem bestimmten  $\lg Y/X$ -Wert findet sich in der graphischen Darstellung (mit angenommener Gaußverteilung) ein bestimmter Ordinatenwert zur *Väterkurve* ( $= X_i$ ) und ein bestimmter zur *Nichtväterkurve* ( $= Y_i$ );  $X_i$  gibt dabei die Häufigkeit des PV-Typs unter Vätern an,  $Y_i$  die unter nichtausgeschlossenen Nichtvätern (vgl. Abb. 1). Mit beiden Größen läßt sich eine Vaterschaftswahrscheinlichkeit errechnen

$$W_G^* = \frac{1}{1 + Y_i/X_i}.$$

Wenn die Annahme einer Normalverteilung für die  $\lg Y/X$ -Werte zu Recht besteht und die einzelnen Meßpunkte nicht allzusehr um die Gaußkurve streuen, muß die aus dem Ordinatenverhältnis sich ergebende VW ( $= W_G$ ) mit der VW aus dem klassischen Essen-Möller-Ansatz ( $= W_{EM}$ ) weitgehend übereinstimmen.

Zur Überprüfung wurden für 10 Mutter-Kind-Eventualvater-Terzetten  $W_{EM}$  und  $W_G$  berechnet:

Mit  $Z$  ist die Fläche unter der Gaußkurve (für Väter bzw. Nichtväter) zu Abscissenwerten, welche größer als  $L_p$  ( $L_p = \lg Y/X$  des PV) sind, bekannt. Damit kann anhand von Rechentafeln die dem Abscissenwert  $L_p$  zugehörige Ordinatenlänge bestimmt werden. Die Ordinatenlänge der Väterkurve ist  $X_i$ ; die der Nichtväterkurve zugehörige muß erst mit der Nichtausschlußwahrscheinlichkeit  $\bar{A}$  multipliziert und damit auf

---

\* Index „G“, weil die VW aus dem Ordinatenvergleich von *Gauß*-Kurven stammt.

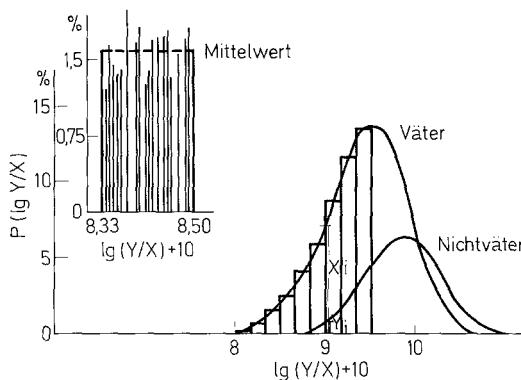


Abb. 1.  $\lg Y/X$ -Verteilungen von Vätern und Nichtvätern zu einer gegebenen Mutter-Kind-Konstellation

die durch Ausschluß verringerte Zahl Nichtväter abgestimmt werden, um  $Y_i$  zu ergeben.

Somit ist

$$W_G = \frac{X_i}{X_i + Y_i} = \frac{\varphi(u_v)}{\varphi(u_v) + \varphi(u_{\bar{v}}) \cdot \bar{A}}$$

Die Resultate der 10 Terzetten sind folgende:

Lfd. Nr.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
$W_{EM}(\%)$	44,4	50,5	71,9	83,1	85,0	89,2	92,4	93,7	93,3	96,0
$W_G(\%)$	43,4	49,3	71,0	82,9	88,0	88,3	99,3	94,6	93,3	96,4

Die Übereinstimmung ist auffallend gut. Die Differenzen betragen im Mittel ca.  $1\frac{1}{2}\%$  nach oben und unten. Die größte Abweichung liegt bei 7 %. Eine Systematik des Fehlers ist nicht zu erkennen.

Aus der guten Übereinstimmung ist der Schluß zu ziehen, daß die Verteilung der  $\lg Y/X$ -Summen für Väter (bzw. Nichtväter) zu bestimmten MKK, sofern sie sich aus mehreren Erbsystemen rekrutieren (bei den 10 Testterzetten waren es 7 Systeme), wie eine *Normalverteilung* gehabt werden kann, ohne daß sich dadurch gravierende Fehler einstellen. Entsprechend können auch die aus diesen Verteilungen erhaltenen  $Z$ -Werte als *zuverlässig* angesehen werden.

Mit der Größe von  $Z$  wird für den zu beurteilenden gerichtlichen Fall an sich keine eigentlich neue Information gewonnen. Sie beleuchtet

jedoch die Situation, wenn angenommen wird, ein weiterer, nicht ausschließender Mann käme gleichfalls als Erzeuger in Frage. Liegt der *Z*-Wert *hoch*, dann ist nicht zu erwarten, daß dieser (unbekannte) Mehrverkehrer eine *höhere* VW erhält als der beurteilte Mann, vielmehr ist zu erwarten, daß seine VW *gleichhoch* oder *niederer* liegt. Dies besagt m.a.W., daß bei Vorliegen *hoher Z*-Werte aus der Kollektion der untersuchten Erbmerkmale für weitere Männer kein wesentlich besserer Vaterschaftshinweis, eher ein schlechterer als der für den PV gefundene zu erwarten ist. Anders bei *niederen Z*-Werten. Hier erscheint es möglich, ja wahrscheinlich, daß der wirkliche Vater eine *höhere* VW (gleichlaufend mit einem *höheren Z*-Wert) als der beurteilte Mann aufweist.

Diese Überlegungen zum Informationswert von *Z* können, wie schon erwähnt, nur dann sinnvoll sein, wenn ein weiterer Mehrverkehrer praktisch überhaupt möglich ist. Die Alternativhypothese „Nichtvaterschaft“ muß also für den beurteilten Mann noch ein genügendes Gewicht haben. Sie verringert sich mit steigendem *W<sub>EM</sub>*-Wert. Bei *W* über 90% kann nicht mehr angenommen werden, daß die theoretische Annahme eines weiteren nichtausschließbaren Mannes noch realistisch ist. Mit *W* < 90% und gewiß bei *W* < 80% kommt jedoch der Alternativhypothese „Nichtvaterschaft“ ein ausreichendes Gewicht zu. In diesen *W*-Bereichen kann es daher sinnvoll sein, *Z* zu berechnen, um damit die VW eines beurteilten PV als „vatertypisch“ oder als „untypisch“ zu erkennen. Im ersten Fall, bei vatertypischem *W*-Wert, würde der *W*-Wert selbst keine Veranlassung geben können, nach einem weiteren Mann als möglichem Erzeuger zu suchen (sofern nicht aufgrund sonstiger Hinweise Verdacht auf Mehrverkehr besteht). Bei niederm *Z*-Wert und damit untypischem *W*-Wert empfiehlt es sich jedoch, weitere Informationen genetischer und sonstiger Art einzuholen, um eine möglicherweise vorliegende Nichtvaterschaft zu erkennen.

### Anhang

#### *Tabellen und Graphik*

I. Tabellenwerk zur Ermittlung der Nichtausschlußwahrscheinlichkeit (als  $\lg \bar{A} + 10$ ), des mittleren  $\lg(Y/X) + 10$ -Wertes für Väter zur gegebenen Mutter-Kind-Konstellation und der Varianz der  $\lg Y/X$ -Werte dieser Väter (in  $\lg Y/X \cdot 100$ ).

*I. AB0-System*

Antiseren:	Phänotypen:	Genfrequenzen [8]:
Anti-A ( $\alpha; \alpha_1$ )	A <sub>1</sub> , A <sub>2</sub> , B, 0, A <sub>1</sub> B, A <sub>2</sub> B	A <sub>1</sub> =0,215020
Anti-B		A <sub>2</sub> =0,072735
Anti-A+B		B = 0,091835
Anti-H		0 = 0,620410
		1,000 000

Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit ( $\lg \bar{A} + 10$ ) *	Gemittelte kritische Werte ( $\lg Y/X + 10$ ) für Väter	Varianz für Väter **
O	O A <sub>1</sub> A <sub>2</sub> B	9,9764	9,9354	3,3934
A <sub>1</sub>	O A <sub>2</sub> A <sub>2</sub> B B	9,5841	9,5838	0,0250
	A <sub>1</sub>	10,0000	9,9797	1,5188
	A <sub>1</sub> B	10,0000	9,9878	0,8678
A <sub>2</sub>	O B	9,6563	9,3705	19,0532
	A <sub>1</sub>	9,9825	9,8222	16,0263
	A <sub>2</sub>	9,9825	9,9438	3,2100
	A <sub>2</sub> B	9,9825	9,9492	2,6623
A <sub>1</sub> B	A <sub>1</sub>	9,2436	9,2434	0,0172
	A <sub>1</sub> B	9,7156	9,7082	0,7389
	A <sub>2</sub> B B	9,5841	9,5838	0,0250
A <sub>2</sub> B	A <sub>1</sub> A <sub>2</sub>	9,2436	9,2434	0,0172
	A <sub>1</sub> B B	9,6563	9,3705	19,0532
	A <sub>2</sub> B	9,7889	9,5733	10,7857
B	O A <sub>1</sub> A <sub>2</sub>	9,2436	9,2434	0,0172
	A <sub>1</sub> B A <sub>2</sub> B	10,0000	9,9616	2,9980
	B	10,0000	9,9510	3,8173

\*  $\lg \sum Y / \sum X + 10$ .\*\*  $\cdot 10^2$ .

*2. MNS-System*

Antiseren:	Phänotypen:	Genfrequenzen (berechnet nach [9] mit Häufigkeiten von [10]):
Anti-M	1=Ms	Ms = 0,27435
Anti-N	2=MS	MS = 0,25595
Anti-S	3=MNs	Ns = 0,38792
	4=MNS	NS = 0,08178
	5=Ns	
	6=NS	1,00000

Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit ( $\lg \bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte ( $\lg Y/X + 10$ ) für Väter	Varianz für Väter
1	1 2} 3 4}	9,8918	9,7650	8,4056
2	1 3	9,6913	9,6805	0,9400
	2	9,8918	9,8610	2,6139
	4	9,8918	9,8651	2,3187
3	1 2	9,8566	9,8168	3,6329
	3	10,0000	9,9551	3,6026
	4	10,0000	9,9058	7,6765
	5 6	9,8918	9,7650	8,4056
4	1	9,5508	9,4693	7,7188
	2	9,8566	9,8294	2,4669
	3	9,7493	9,7481	0,1029
	4	10,0000	9,9864	0,9854
	5	9,6913	9,6805	0,9400
	6	9,8918	9,8558	2,9743
5	3 4} 5 6}	9,8566	9,8168	3,6329
6	3 5	9,5508	9,4693	7,7188
	4	9,8566	9,8077	4,6446
	6	9,8566	9,8268	2,7392

*3. MNSSs-System*

Antiseren:	Phänotypen:		Genfrequenzen: s. unter 2.
Anti-M	1=Mss	6=MNSS	
Anti-N	2=MSs	7=Nss	
Anti-S	3=MSS	8=NSs	
Anti-s	4=MNsS	9=NSS	
	5=MNSs		
Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit ( $\lg \bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte ( $\lg Y/X + 10$ ) für Väter
1	1 2 4 5	9,8274	9,7168 6,8465
2	1 4	9,6913	9,6665 2,4405
	2	9,8918	9,8659 2,2572
	3 6	9,8274	9,7168 6,8465
	5	9,8918	9,8144 5,9113
3	2 3 5 6	9,6913	9,6665 2,4405
4	1 2	9,8262	9,7956 2,8296
	4	9,9474	9,9227 2,0269
	5	9,9474	9,8642 6,4363
	7 8	9,8274	9,7168 6,8465
5	1	9,5508	9,3905 12,4107
	2	9,8566	9,8315 2,2572
	3	9,8262	9,7956 2,8296
	4	9,7493	9,7279 2,0269
	5	10,0000	9,9782 1,5502
	6	9,9474	9,9227 2,0269
	7	9,6913	9,6665 2,4405
	8	9,8918	9,8659 2,2572
	9	9,8274	9,7168 6,8465
6	2 3	9,5508	9,3905 12,4107
	5	9,7493	9,6646 7,8400
	6	9,7493	9,7279 2,0269
	8 9	9,6913	9,6665 2,4405
7	4 5 7 8	9,8262	9,7956 2,8296
8	4 7	9,5508	9,3905 12,4107
	5	9,8566	9,7735 7,8928
	6	9,8262	9,7956 2,8296
	8	9,8566	9,8315 2,2572
	9	9,8262	9,7956 2,8296
9	5 6 8 9	9,5508	9,3905 12,4107

*4. Kell*

Antiserum:	Phänotypen:	Genfrequenzen [8]:
Anti-K	Kell +	K=0,03927
	Kell --	k=0,96073
		1,00000

Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit ( $\lg \bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte ( $\lg Y/X + 10$ ) für Väter	Varianz für Väter
K+	K+	10,0000	9,9969	0,2949
	K-	8,8865	8,8865	0,0000
K-	K+ } K- }	10,0000	9,9948	0,3621

*5. Fy (a)*

Antiserum:	Phänotypen:	Genfrequenzen [11]:
Anti-Fy (a)	Fy (a+)	Fy <sup>a</sup> =0,4143
	Fy (a--)	non-Fy <sup>a</sup> =0,5857
		1,0000

Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit ( $\lg \bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte ( $\lg Y/X + 10$ ) für Väter	Varianz für Väter
Fy(a+)	Fy(a+)	10,0000	9,9955	0,3725
	Fy(a--)	9,8175	9,8175	0,0000
Fy(a--)	Fy(a+)} Fy(a--)}	10,0000	9,9469	4,5400

6. *Fy (a) und Fy (b)*

Antiseren:	Phänotypen:	Genfrequenzen [11]:		
Anti-Fy (a)	Fy (a+b-)	Fy <sup>a</sup> =0,4143		
Anti-Fy (b)	Fy (a+b+)	Fy <sup>b</sup> =0,5857		
	Fy (a-b+)			
		1,0000		
Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit (lg $\bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte (lg $Y/X + 10$ ) für Väter	Varianz für Väter
Fy(a+b-)	Fy(a+b-){ Fy(a+b+)}	9,8175	9,7936	2,1989
Fy(a+b+)	Fy(a+b-) Fy(a+b+) Fy(a-b+)	9,9182 10,0000 9,8175	9,8924 10,0000 9,7936	2,1989 0,0000 2,1989
Fy(a-b+)	Fy(a+b+){ Fy(a-b+)}	9,9182	9,8924	2,1989

7. *Ik (a)*

Antiserum:	Phänotypen:	Genfrequenzen [11]:		
Anti-Ik (a)	Ik (a+) Ik (a-)	Ik <sup>a</sup> =0,5142 non-Ik <sup>a</sup> =0,4858		
		1,0000		
Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit (lg $\bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte (lg $Y/X + 10$ ) für Väter	Varianz für Väter
Ik(a+)	Ik(a+) Ik(a-)	10,0000 9,8831	9,9972 9,8831	0,2312 0,0000
Ik(a-)	Ik(a+){ Ik(a-)}	10,0000	9,9361	5,8881

8. *Ik (a) und Ik (b)*

Antiseren:		Phänotypen:	Genfrequenzen [11]:	
Anti-Ik (a)		Ik (a+b-)	Ik <sup>a</sup> =0,5142	
Anti-Ik (b)		Ik (a+b+)	Ik <sup>b</sup> =0,4858	
		Ik (a-b+)		
			1,0000	
Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit (lg $\bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte (lg $Y/X + 10$ )	Varianz für Väter
Ik(a+b-)	Ik(a+b-) Ik(a+b+)	9,8831	9,8574	2,2636
Ik(a+b+)	Ik(a+b-) Ik(a+b+) Ik(a-b+)	9,8666 10,0000 9,8831	9,8412 10,0000 9,8574	2,2636 0,0000 2,2636
Ik(a-b+)	Ik(a+b+) Ik(a-b+)	9,8666	9,8412	2,2636

9. *Rh-System*

Antiseren:		Phänotypen:	Genfrequenzen: (aus [8] unter Berücksichtigung von C <sup>w</sup> =0,0129 [11])	
Anti-c		1=cdee	1. cde=0,40894	
Anti-C		2=ccDEe	2. cdE=0,00450	
Anti-C <sup>w</sup>		4=ccDee	3. cDe=0,01750	
Anti-D		5=ccDDe	4. cDE=0,13638	
Anti-e		6=ccDDE	5. Cde=0,01164	
Anti-E		7=Cedee	6. CdE=0,00014	
		10=CcDDe	7. CDDe=0,40703	
		11=CcDEe	8. CDE=0,00097	
		16=CCDee	9. Cwde=0,00036	
		17=CCDDe	10. CwdE=0,00000	
		22=CwCDee	11. CwDe=0,01251	
		23=CwCDDe	12. CwDE=0,00003	
		28=C <sup>w</sup> .Dee		1,00000
Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit (lg $\bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte (lg $Y/X + 10$ )	Varianz für Väter
1	1 2 4 5 7 10 11 22 23	9,8990	9,8023	2,9815
2	1 4 7 10 22 2	9,4266 9,9098	8,8182 9,8130	57,7348 4,0238

## 9. (Fortsetzung)

Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit ( $\lg \bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte ( $\lg Y/X + 10$ ) für Väter	Varianz für Väter
2	5	9,9164	9,0756	83,9956
	6	9,8990	9,8023	2,9815
	11	9,9098	9,8053	3,3608
	23	9,9098	9,8053	3,3626
4	1 2 7	9,7865	9,3311	47,6182
	4	9,8990	9,8033	2,9184
	5	9,8989	9,6802	21,9852
	10	9,8989	9,6798	22,0541
	11	9,8989	9,6911	20,3568
	22	9,8989	9,6798	22,0513
	23	9,8989	9,6767	22,5108
5	1	9,4132	9,4027	1,0678
	2	9,8008	9,5189	10,2501
	4	9,4194	9,4078	1,1600
	5	9,9098	9,8835	2,2615
	6	9,8990	9,8046	2,7391
	7	9,4132	9,4027	1,0678
	10	9,4193	9,4038	1,1821
	11	9,9097	9,8077	3,1158
	22	9,4193	9,4038	1,1821
	23	9,9097	9,8077	3,1158
6	2	9,4132	9,4027	1,0678
	5	9,4196	9,4088	1,1088
	6 11 23	9,4196	9,4088	1,1091
	7	9,8287	9,1833	52,7996
7	22 23	9,9912	9,8302	5,8794
	7	9,9978	9,2726	62,4624
	10	9,9911	9,8118	4,3742
	11	9,8990	9,8023	2,9815
	16 17 28	9,8990	9,8046	2,7391
	17	9,8990	9,8046	2,7390
	22	9,8214	9,7931	2,2137
10	23	9,8214	9,7931	2,2124
	1 2	9,8151	9,7922	2,0996
	4	9,8215	9,7966	2,2518
	5	9,8214	9,7931	2,2139
	7	9,9024	9,8162	3,2989
	10	9,9909	9,9728	1,2499
	11	9,9910	9,8143	4,1199
	16 28	9,8990	9,8046	2,7391

## 9. (Fortsetzung)

Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit ( $\lg \bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte ( $\lg Y/X + 10$ ) für Väter	Varianz für Väter
11	1	9,1509	8,4043	110,2129
	2	9,8153	9,7924	2,0883
	4	9,1660	8,3845	113,1948
	5	9,8217	9,7977	2,2077
	6	9,8216	9,7974	2,2188
	7	9,4152	9,4049	1,0518
	10	9,4216	9,4109	1,0946
	11	9,9999	9,8874	3,1346
16	28	9,4196	9,4088	1,1090
	17	9,9099	9,8835	2,2637
	22	9,1522	8,4027	110,4755
	23	9,8216	9,7974	2,2186
16	7	9,8151	9,7922	2,0996
	10	9,8216	9,7974	2,2185
11	16	9,8216	9,7974	2,2187
17	28			
17	7	9,1509	8,4043	110,2129
	10	9,1790	8,3659	115,6770
	11	9,8467	9,6380	43,1872
16	28	9,1783	8,3669	115,5538
	17	9,8218	9,7977	2,2121
22	1 2 7	8,4030	8,4030	0,0023
	4	8,4057	8,4057	0,0010
	5 10 11	8,4032	8,4032	0,0021
	22	9,9050	9,8135	2,7278
	23	9,9049	9,8049	2,7930
	28	9,8990	9,8046	2,7391
23	1 4 7 10	7,9323	7,9323	0,0000
	2	8,4036	8,4036	0,0015
	5	8,4088	8,4088	0,0010
6	11	8,4081	8,4080	0,0013
	22	9,4196	9,4088	1,1084
	23	9,9164	9,4834	7,8846
	28	9,4196	9,4088	1,1090
28	7	8,4030	8,4030	0,0023
	10	8,4082	8,4082	0,0014
11	16	8,4081	8,4081	0,0013
	17	8,4081	8,4081	0,0014
22	23	9,8310	9,8066	2,2344
	28	9,8312	9,8031	2,5726

*10. Haptoglobine*

Phänotypen:		Genfrequenzen [12]:		
Hp 1—1		Hp <sup>1</sup> =0,396		
Hp 2—1		Hp <sup>2</sup> =0,604		
Hp 2—2			1,000	
Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit (lg $\bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte (lg $Y/X + 10$ ) für Väter	Varianz für Väter
Hp 1-1	Hp 1-1} H <sub>p</sub> 2-1}	9,8029	9,7795	2,1675
Hp 2-1	Hp 1-1	9,9259	9,9002	2,1675
	Hp 2-1	10,0000	10,0000	0,0000
	Hp 2-2	9,8029	9,7795	2,1675
Hp 2-2	Hp 2-1} H <sub>p</sub> 2-2}	9,9259	9,9002	2,1675

*11. Gc-System*

Phänotypen:		Genfrequenzen [13]:		
Gc 1—1		Gc <sup>1</sup> =0,748		
Gc 2—1		Gc <sup>2</sup> =0,252		
Gc 2—2			1,000	
Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit (lg $\bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte (lg $Y/X + 10$ ) für Väter	Varianz für Väter
Gc 1-1	Gc 1-1} Gc 2-1}	9,9715	9,9498	1,7081
Gc 2-1	Gc 1-1	9,6439	9,6266	1,7081
	Gc 2-1	10,0000	10,0000	0,0000
	Gc 2-2	9,9715	9,9498	1,7081
Gc 2-2	Gc 2-1} Gc 2-2}	9,6439	9,6266	1,7081

*12. Gm (a)*

Antiserum (zur Agglutination anti-D-besetzter Erythrocyten): Anti-Gm (a)

Phänotypen:

Genfrequenzen [13]:

Gm (a+)	$Gm^a = 0,287$
Gm (a-)	$non\text{-}Gm^a = 0,713$
	1,000

Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit ( $\lg \bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte ( $\lg Y/X + 10$ ) für Väter	Varianz für Väter
Gm(a+)	Gm(a+)	10,0000	9,9935	0,5571
	Gm(a-)	9,6916	9,6916	0,0000
Gm(a-)	Gm(a+) {	10,0000	9,9623	2,9653
	Gm(a-) }			

*13. Gm (a) und Gm (x)*

Antiseren (zur Agglutination anti-D-besetzter Erythrocyten):

Anti-Gm(a), Anti-Gm(x)

Phänotypen:

Genfrequenzen [13]:

Gm (a+x-)	$Gm^a = 0,184$
Gm (a+x+)	$Gm^{ax} = 0,103$
Gm (a-x-)	$non\text{-}Gm^a, ax = 0,713$
	1,000

Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit ( $\lg \bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte ( $\lg Y/X + 10$ ) für Väter	Varianz für Väter
Gm(a+x-)	Gm(a+x-)	10,0000	9,9799	1,5851
	Gm(a+x+)	10,0000	9,9238	6,5468
	Gm(a-x-)	9,6916	9,5971	5,3255
Gm(a+x+)	Gm(a+x-){	9,2909	9,2909	0,0000
	Gm(a-x-){}			
	Gm(a+x+)	10,0000	9,9941	0,5487
Gm(a-x-)	Gm(a+x-){			
	Gm(a+x+){}	10,0000	9,9619	2,9776
	Gm(a-x-)}			

14.  $Gm(a)$ ,  $Gm(x)$  und  $Gm(b)$ 

Antiseren (zur Agglutination):

anti-D-besetzter Erythrocyten  
 Anti-Gm (a): Anti-Gm (1)  
 Anti-Gm (x): Anti-Gm (2)  
 Anti-Gm (b): Anti-Gm (4)  
 oder Anti-Gm (5)  
 oder Anti-Gm (8)  
 oder Anti-Gm(10)  
 oder Anti-Gm(11)  
 oder Anti-Gm(22)

Phänotypen:

1 = Gm (a+x+b+)  
 2 = Gm (a+x-b+)  
 3 = Gm (a+x+b-)  
 4 = Gm (a+x-b-)  
 5 = Gm (a-x-b+)

Genfrequenzen [14]:

$Gm^a = 0,1558$   
 $Gm^{ax} = 0,0800$   
 $Gm^b = 0,7235$   
 $Gm^{ab} = 0,0407$

---

1,0000

Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit ( $\lg \bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte ( $\lg Y/X + 10$ )	Varianz für Väter
1	1	9,9893	9,9784	0,8768
	2 5	9,1864	9,1851	0,1174
	3	9,9752	9,9592	1,2940
2	1	10,0000	9,7597	14,1713
	2	10,0000	9,9881	0,8642
	3 4	9,9752	9,9592	1,2940
	5	9,6781	9,5684	3,8351
	1	9,6781	9,6523	2,5803
3	2 4	9,1864	9,1851	0,1174
	3	9,6781	9,6315	4,2040
	2 3 4	9,5493	9,5298	2,0992
5	1 2 5	9,9752	9,9488	2,0883

15.  $Inv(1)$ 

Antiserum (zur Agglutination anti-D-besetzter Erythrocyten): Anti-Inv(1)

Phänotypen:  
 Inv (1)  
 Inv (-1)

Genfrequenzen (gewogenes Mittel der

Frequenzen von [15], Tab. VII):

 $Inv^1 = 0,0652$  $non\text{-}Inv^1 = 0,9348$ 

---

1,0000

Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit ( $\lg \bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte ( $\lg Y/X + 10$ )	Varianz für Väter
Inv(1)	Inv(1)	10,0000	9,9955	0,4256
	Inv(-1)	9,1009	9,1009	0,0000
Inv(-1)	Inv(1) } Inv(-1) }	10,0000	9,9913	0,6083

*16. Gruppen der sauren Erythrocytenphosphatase (SEP=aP)*

Phänotypen:

P (A)  
 P (AB)  
 P (AC)  
 P (B)  
 P (BC)  
 P (C)

Genfrequenzen [16]:

 $P^a = 0,3686$   
 $P^b = 0,5744$   
 $P^c = 0,0570$ 


---

 1,0000

Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit ( $\lg \bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte ( $\lg Y/X + 10$ ) für Väter	Varianz für Väter
A	A AB } AC }	9,7791	9,7566	2,1090
AB	A } AC } AB B } BC }	9,9132 9,9986 9,7791	9,8873 9,9917 9,7566	2,2153 0,4871 2,1090
AC	A } AB } AC BC } C }	9,0443 9,8261 9,7791	9,0397 9,8019 9,7566	0,4871 2,2153 2,1090
B	AB } B } BC }	9,9132	9,8873	2,2153
BC	AB } B } AC } C } BC }	9,0443 9,9132 9,9366	9,0397 9,8873 9,9113	0,4871 2,2153 2,1090
C	AC } BC } C }	9,0443	9,0397	0,4871

*17. Gruppen der Phosphoglucomutase (PGM)*

Phänotypen:		Genfrequenzen [17]:		
PGM 1—1		PGM <sup>1</sup> =0,751		
PGM 2—1		PGM <sup>2</sup> =0,249		
PGM 2—2			1,000	
Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit (lg $\bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte (lg $Y/X + 10$ ) für Väter	Varianz für Väter
PGM 1-1	PGM 1-1} PGM 2-1}	9,9722	9,9506	1,6946
PGM 2-1	PGM 1-1	9,6395	9,6223	1,6946
	PGM 2-1	10,0000	10,0000	0,0000
	PGM 2-2	9,9722	9,9506	1,6946
PGM 2-2	PGM 2-1} PGM 2-2}	9,6395	9,6223	1,6946

*18. Gruppen der Adenylylkinase (AK)*

Phänotypen:		Genfrequenzen [18]:		
AK 1—1		AK <sup>1</sup> =0,969		
AK 2—1		AK <sup>2</sup> =0,031		
AK 2—2			1,000	
Kind	Mutter	Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit (lg $\bar{A} + 10$ )	Gemittelte kritische Werte (lg $Y/X + 10$ ) für Väter	Varianz für Väter
AK 1-1	AK 1-1} AK 2-1}	9,9996	9,9957	0,2722
AK 2-1	AK 1-1	8,7856	8,7831	0,2722
	AK 2-1	10,0000	10,0000	0,0000
	AK 2-2	9,9996	9,9957	0,2722
AK 2-2	AK 2-1} AK 2-2}	8,7856	8,7831	0,2722

II. Tabelle zur Bestimmung der Ausschlußwahrscheinlichkeit  $A$  (in %) und der hieraus zu gewinnenden Vaterschaftswahrscheinlichkeit  $W_A$  (in %) anhand der mit den vorausgehenden Tabellen erhaltenen Nicht-ausschlußwahrscheinlichkeit ( $\lg \bar{A} + 10$ ).

Nicht-ausschluß-wahrscheinlichkeit ( $\lg \bar{A} + 10$ )	Aus-schluß-wahr-schein-lichkeit $A$ (%)	Mittlere Vaterschaftswahr-schein-lichkeit für nicht-ausgeschlossene Männer (bei $V = \bar{V}$ ) $W_A$ (%)	Nicht-ausschluß-wahr-schein-lichkeit ( $\lg \bar{A} + 10$ )	Aus-schluß-wahr-schein-lichkeit $A$ (%)	Mittlere Vaterschaftswahr-schein-lichkeit für nicht-ausgeschlossene Männer (bei $V = \bar{V}$ ) $W_A$ (%)
7,000	99,90	99,90	9,602	60	71,4
7,041	99,89	99,89	9,653	55	69,0
7,176	99,85	99,85	9,699	50	66,7
7,301	99,80	99,80	9,740	45	64,5
7,398	99,75	99,75	9,778	40	62,5
7,477	99,70	99,7	9,813	35	60,6
7,602	99,6	99,6	9,845	30	58,8
7,699	99,5	99,5	9,875	25	57,1
7,778	99,4	99,4	9,903	20	55,6
7,845	99,3	99,3	9,914	18	54,9
7,903	99,2	99,2	9,929	15	54,1
7,954	99,1	99,1	9,944	12	53,2
8,000	99,0	99,0	9,954	10	52,6
8,301	98,0	98,0	9,959	9	52,4
8,477	97	97,1	9,964	8	52,0
8,602	96	96,2	9,968	7	51,8
8,699	95	95,2	9,973	6	51,5
8,778	94	94,3	9,978	5	51,3
8,845	93	93,5	9,982	4	51,0
8,903	92	92,6	9,987	3	50,8
8,954	91	91,7	9,991	2	50,5
9,000	90	90,9	9,996	1	50,3
9,079	88	89,3	9,996	0,9	50,2
9,176	85	87,0	9,997	0,8	50,2
9,255	82	84,7	9,997	0,7	50,2
9,301	80	83,3	9,997	0,6	50,2
9,398	75	80,0	9,998	0,5	50,1
9,477	70	76,9	9,998	0,4	50,1
9,544	65	74,1	9,999	0,3	50,1

III. Graphik zur Ermittlung der Zuordnungswahrscheinlichkeit  $Z$  (in %) als Unterschreitungswahrscheinlichkeit der  $W$ -Werte echter Väter, bezogen auf den  $W$ -Wert des zu beurteilenden Mannes (Abb. 2).

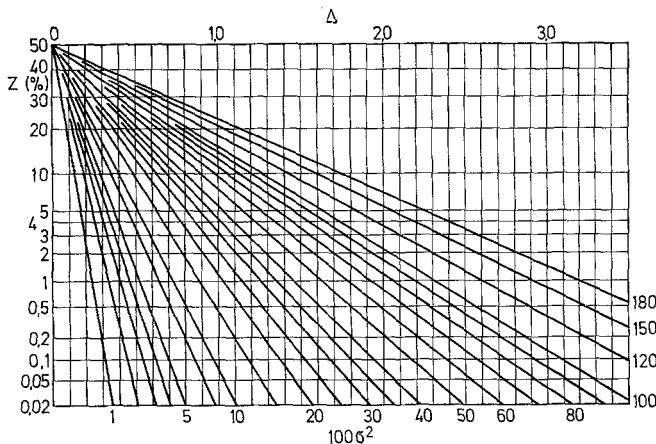


Abb. 2

### Zusammenfassung

Die Konstellation der serologischen Eigenschaften bei Mutter und Kind bestimmt Mittelwert und Varianz der Kenngröße  $\lg Y/X$  für die zugehörigen Väter. In diese Verteilung ordnet sich der  $\lg Y/X$ -Wert eines als Vater verdächtigen Mannes ein und wird, je nach Position, als für einen Vater typisch oder weniger typisch bezeichnet. Die Information geht über diejenige der Ausschlußwahrscheinlichkeit hinaus und ergänzt im Rahmen der praktischen Vaterschaftsbegutachtung die nach Essen-Möller berechnete Vaterschaftswahrscheinlichkeit.

Zur Berechnung sowohl der Ausschlußwahrscheinlichkeit ( $A$ ) als auch der „Zuordnungswahrscheinlichkeit“ ( $Z$ ) dienen angeschlossene Tabellen und eine Graphik.

### Summary

The constellation of the serological properties of the mother and the child determines the mean value and the variance of the likelihood of  $\lg Y/X$  for the possible fathers. This  $\lg Y/X$  value of the individual involved is localized within this distribution curve and, depending on its position, is described as either typical or less typical. This information is superior to that of the probability of exclusion and may be a useful supplement to the probability of paternity on the basis of Essen-Möller. Tables and a diagram help to calculate both the probability of exclusion ( $=A$ ) and the “probability of position-proof” (Zuordnungswahrscheinlichkeit  $Z$ ).

### Literatur

1. Essen-Möller, E.: Die Beweiskraft der Ähnlichkeit im Vaterschaftsnachweis; theoretische Grundlagen. *Mitt. anthrop. Ges. (Wien)* 68, 9 (1938).

2. Hummel, K., Ihm, P.: Tabellenwerk zur Berechnung der Vaterschaftswahrscheinlichkeit im serologischen Gutachten. In: Die medizinische Vaterschaftsbegutachtung mit biostatistischem Beweis (hrsg. K. Hummel). Stuttgart: Gustav Fischer 1961.
3. — Ergänzende lg Y/X-Tabellen zur Berechnung der Vaterschaftswahrscheinlichkeit im serologischen Gutachten. Z. Immun.-Forsch. **125**, 277 (1963).
4. — Schmidt, V., Ihm, P.: Weitere Ergänzungen der lg Y/X-Tabellen zur Berechnung der Vaterschaftswahrscheinlichkeit nach Essen-Möller aus serologischen Befunden. Z. Immun.-Forsch. **137**, 320 (1969).
5. Schulte-Mönting, J., Hummel, K.: Zum Problem der A-priori-Wahrscheinlichkeit bei der Berechnung der Vaterschaftsplausibilität. Z. Immun.-Forsch. (im Druck).
6. Essen-Möller, E., Quensel, C.E.: Zur Theorie des Vaterschaftsnachweises auf Grund von Ähnlichkeitsbefunden. Dtsch. Z. ges. gerichtl. Med. **31**, 70 (1938).
7. Gürtler, H.: Principles of blood-group statistical evaluation of paternity cases at the university institute of forensic medicine, Copenhagen. Acta Med. leg. soc. (Liège) **9**, 83 (1956), num. spéc.
8. Hoppe, H.H.: Zum Wert der Blutgruppenuntersuchung für den Vaterschaftsprozeß. Blut **3**, 195 (1957).
9. Boyd, W.C.: Maximum likelihood method for estimation of gene frequencies from MNS-data. Amer. J. hum. Genet. **6**, 1 (1954).
10. Thomas, K., Prokop, O., Kerde, C.: Über die Häufigkeit des Blutgruppenmerkmals S in der Bevölkerung der DDR. Z. ärztl. Fortbild. **23** (1960).
11. Race, R.R., Sanger, R.: Blood groups in man, (3rd ed.). Blackwell Sci. Publ. Oxford: 1958.
12. Baitsch, H.: Zit. 2.
13. — Ritter, H., Goedde, H.-W., Altland, K.: Zur Genetik der Serumproteine: Hp-Serumgruppen, Gc-Faktor, Gm-Serumgruppen und Pseudocholinesterase-Varianten in europäischen Populationen. Vox sang. (Basel) **8**, 594 (1963).
14. Ropartz, C., Rousseau, P.-Y., Rivat, L.: Hypothèses sur la génétique formelle du système Gm chez les caucasiens. Hum.-Genet. **1**, 483 (1965).
15. Ritter, H., Ropartz, C., Rousseau, P.-Y., Rivat, L., Bähr, M.-L.: Zur Formalgenetik und Populationsgenetik des Gammaglobulin-Polymorphismus InV [Merkmale InV (I) und InV (a)]. Acta genet. (Basel) **14**, 15 (1964).
16. Radam, G., Strauch, H.: Populationsgenetik der sauren Erythrocytenphosphatase. Hum.-Genet. **2**, 378 (1966).
17. Wille, B., Schmidt, E., Ritter, H.: Population genetics of red cell phosphoglucomutase. Hum.-Genet. **5**, 271 (1968).
18. — Ritter, H.: Zur Populationsgenetik der Adenylatkinase. Hum.-Genet. **5**, 278 (1968).

Prof. Dr. med. K. Hummel  
Hygiene-Institut der Universität  
78 Freiburg i. Br., Herm.-Herder-Str. 11

## Erratum

BÖHM, E., H. P. SCHREIBER und H. SUCHENWIRTH:  
„Röntgenologische Untersuchungen zur Schußentfernungsbestimmung“  
Diese Z. **65**, 112—121, Abb. 5 auf Seite 119:

Die 5 Teilbilder dieser Abbildung beziehen sich auf die 5 verschiedenen Schußentfernungen, und zwar von oben nach unten: 10 cm, 25 cm, 110 cm, 150 cm, 500 cm.