

## Zur Anwendung des HL-A-Systems in der Paternitätsserologie\*

### Untersuchungen an 110 Familien

W. Spielmann und S. Seidl

mit technischer Assistenz von S. Blümlein, D. Teixidor und E. Weith

Institut für Immunhämatologie der Universität Frankfurt a. M.  
und DRK-Blutspendedienst Hessen (BRD)

Eingegangen am 15. Dezember 1973

### The Application of the HL-A-System in Cases of Disputed Paternity Studies on 110 Families

*Summary.* In the Federal Republic of Germany the application of the HL-A system in particular paternity cases is demanded more and more by the courts. This can be explained by the extraordinary usefulness of this system resulting in a general exclusion chance of approximately 90%. In order to confirm the hereditary rules and to get information on the gene- and haplotype-frequencies of a German population, we have examined 110 families from which we could derive 462 haplotypes. In one case a recombination was detected, in two families illegitimacy was stated which was confirmed by exclusion in other well-established systems. Furthermore the delta values (linkage disequilibrium) were calculated according to the Mattiuz' formula using the phenotypes of 1028 unrelated Hessian blood donors. The haplotype frequencies obtained by gene counting as well as by calculation were compared with the results of other authors and showed a good agreement in general when considering the seven most frequent haplotypes (> 2%). In a table the casual probabilities i.e. the frequencies of non excludable men in the random population are listed separately for the two HL-A loci and the seven most common haplotypes.

*Zusammenfassung.* Bei der Untersuchung von 110 Familien im HL-A-System, aus denen sich 462 Haplotypen ableiten ließen, wurden — abgesehen von einem Fall einer Rekombination — keine Abweichungen von den Erbgrenzen gefunden. Das zwischen den beiden Loci vorhandene Kopplungsungleichgewicht wurde unter Anwendung der Formel nach Mattiuz an 1028 hessischen Blutspendern berechnet. Die Haplotypenhäufigkeiten, die durch Genabzählung oder durch Berechnung gewonnen wurden, stimmen im allgemeinen befriedigend überein. Zur Erleichterung der Berechnung der Zufallswahrscheinlichkeit wird eine Tabelle in der üblichen Form, d. h. einschließlich der Logarithmen, vorgelegt.

*Key words:* HL-A-System, Familienuntersuchungen, Vaterschaftsgutachten, Gen- und Haplotypenfrequenzen, Zufallswahrscheinlichkeiten.

Von den Gerichten wird in der letzten Zeit in zunehmendem Maße die Einbeziehung des HL-A-Systems in das Vaterschaftsgutachten verlangt. Meist handelt es sich um Fälle, bei denen mit den herkömmlichen Beweismitteln, zu denen insbesondere das Blutgruppengutachten unter Verwendung der anerkannten Systeme und das erbbiologische Gutachten gehören, keine ausreichende Klarheit über die Vaterschaft erzielt werden kann. Dabei mag die Tatsache eine Rolle spielen, daß das HL-A-System auf Grund seines ausgeprägten Polymorphismus eine ungewöhnlich hohe Ausschlußchance bietet. Komplizierte genetische Verhält-

\* Mit Unterstützung der Deutschen Forschungsgemeinschaft.

nisse, Schwierigkeiten bei der Bestimmung und die Seltenheit guter Testseren erschweren jedoch die generelle Einführung in die Paternitätsserologie. Zu dem ersten Punkt, nämlich der Sicherung des Erbganges, sollen unsere Familienuntersuchungen beitragen, über die wir nachstehend berichten.

Familienuntersuchungen, die sich ausschließlich auf definierte Untersuchungskollektive aus der Bundesrepublik Deutschland stützen, liegen u. W. bisher nicht vor. Die von Mayr [11] mitgeteilten Resultate wurden an 110 österreichischen Familien erzielt, das von Albert *et al.* [1] vorgelegte Untersuchungsgut umfaßt 535 Familien, die ihm von einer großen Zahl von Untersuchern des amerikanischen Kontinents sowie der Universität München überlassen wurden. Svejgaard *et al.* [21] berichteten über die Ergebnisse von insgesamt 218 dänischen und 110 norwegischen Familien. Kürzlich haben Dausset *et al.* [4] die Ergebnisse ihrer Untersuchungen an 119 französischen Familien mitgeteilt. Sieht man von ca. 0,8—1,6% Rekombinationen [9a] ab, wurden keine Widersprüche gegen den postulierten Erbgang über zwei eng gekoppelte autosomale Loci beobachtet.

Für die Einbeziehung des HL-A-Systems in das Vaterschaftsgutachten in Sonderfällen haben sich auf Grund ihrer günstigen Erfahrungen schon vor mehr als 1 Jahr Speiser [18] und Mayr [12] sowie Jeannet *et al.* [6] ausgesprochen. Die Bestimmung der meisten HL-A-Merkmale ließ sich schon damals von geübten Untersuchern mit ausreichender Zuverlässigkeit durchführen. Bei alleiniger Berücksichtigung der möglichen Faktorenausschlüsse ergab sich die vergleichsweise hohe „Allgemeine Vaterschaftsausschlußchance“ (AVACH) von 76%. Die mittlerweile vorliegenden zusätzlichen Informationen, insbesondere die Familienuntersuchungen sowie die Tatsache, daß viele HL-A-Seren heute in ausreichender Qualität und Menge käuflich erhältlich sind, erleichtern jetzt die Anwendung dieses Systems im Gutachten. Gewisse Schwierigkeiten bestehen dagegen u. a. bezüglich der Verwendung der HL-A-Ergebnisse in der Biostatistik. Die in jedes biostatistische Verfahren eingehenden Durchschnittsfrequenzen sind bei einigen HL-A-Merkmalen noch nicht genügend gesichert. Selbst bei den lange bekannten und heute gut definierten HL-A-Merkmalen, wie z. B. HL-A 2, schwanken die noch vor wenigen Jahren mitgeteilten Angaben über die Genfrequenz zum Teil erheblich. Außerdem besteht derzeit noch keine volle Einmütigkeit darüber [5, 8, 12, 16, 19], ob nur unerlässliche Einzelmerkmale in der Biostatistik herangezogen werden sollen oder ob man darüber hinaus hier auch die Genotypen im Sinne von geforderten Zweierkombinationen auf einem Locus oder in besonderen Fällen sogar die Haplotypen berücksichtigen darf oder muß. Auch zu diesen Fragen soll in dieser Arbeit Stellung genommen werden, wobei wir uns auf die Berechnung der Zufallswahrscheinlichkeit beschränkt haben.

### Methodik und Untersuchungsgut

Die HL-A-Bestimmung erfolgte teils mit der Kissmeyer-Nielsen-Technik [9], teils mit der NIH-Technik (National Institute of Health, Bethesda, Md., USA), die auf Terasaki u. McClelland [22] zurückgeht.

Die im nachfolgenden beschriebenen Familien stammen ausschließlich aus dem südhessischen Raum, und zwar überwiegend aus ländlichen Gebieten, in denen eine Vermischung mit fremden Rassen von vornherein unwahrscheinlich ist. Es wurde außerdem bei der Blutentnahme darauf geachtet, daß Eltern und Großeltern der Probanden deutscher Abstammung waren.

Von den insgesamt untersuchten 110 Familien sind 3 in den nachfolgenden Aufstellungen nicht enthalten. In 2 Fällen handelt es sich um nichteheliche Kinder, wie dies durch eindeutige

Vaterschaftsausschlüsse in voll beweiskräftigen Systemen (MNSs bzw. Rh) bestätigt werden konnte. Bei einer dritten Familie lag eine Rekombination vor, auf die gesondert eingegangen wird.

Der Untersuchungsumfang erstreckte sich bei allen Familien auf die folgenden HL-A-Merkmale: HL-A 1, 2, 3, 9, 10, 11, HL-A 5, 7, 8, 12, 13, W5, W10, W14, W15, W17, W27. Von der Familie 59 ab wurde zusätzlich noch das HL-A-Merkmal W22 und von der Familie 74 ab zusätzlich noch die Merkmale HL-A 28 und W19 regelmäßig bestimmt. Die Bestimmung der HL-A-Merkmale erfolgte mit mindestens 2 Testseren, für die meisten Antigene wurden — wenigstens zeitweise — 3 und mehr Testseren verwendet. Diese Seren gewannen wir zum Teil durch gezielte Screening-Untersuchungen von Schwangerenserien, andere wurden käuflich erworben (Fa. Behringwerke, Fa. Biostest) bzw. uns vom NIH (Dr. Kayhoe) zur Verfügung gestellt. Einzelne Antiseren erhielten wir durch das Entgegenkommen folgender Kollegen: Dr. Jeannet, Genf, Dr. Mayr, Wien, und Dr. van Rood, Leiden. Ihnen sei an dieser Stelle nochmals gedankt.

### Ergebnisse und Diskussion

Aus unserem im Anhang wiedergegebenen Familienmaterial lassen sich die in der Tabelle 1 aufgeführten Haplotypen entnehmen. Dabei bezieht sich die obere Zahl in jeder Rubrik auf die sicheren Haplotypen, die untere Zahl auf die nach Svejgaard *et al.* [21] errechneten Haplotypen. Die in der letzten Spalte bzw. Zeile der Tabelle aufgeführten Werte geben die Summen der gefundenen und errechneten Haplotypen wieder, aus denen sich insgesamt die Frequenz der Einzelgene leicht errechnen lässt (Division durch  $n$ ).

Die Tabelle 2 enthält die Delta-Werte, die nach der Formel von Mattiuz *et al.* [10] an Hand der Ergebnisse bei 1028 von uns untersuchten nichtverwandten Personen berechnet worden sind [17]. Die Delta-Werte (Kopplungs-Ungleichgewichte = linkage disequilibrium) müssen zur Berechnung der Haplotypenhäufigkeiten insofern berücksichtigt werden, als man sie jeweils zum Produkt der beiden Genhäufigkeiten addiert. Besonders ausgeprägte positive Delta-Werte liegen bei den Haplotypen 1—8 und 3—7 vor, während hohe negative Delta-Werte bei den Haplotypen 1—12, 2—8, 3—12 und 9—12 gefunden wurden, falls man von den Haplotypen absieht, die ein „O“ enthalten und im Hinblick auf ihre Beweiskraft weniger bedeutsam sind.

Von den bei unserem Untersuchungsumfang möglichen 117 verschiedenen Haplotypen kommen 7 Haplotypen (außer Haplotypen mit „O“) mit einer Häufigkeit von mehr als 2% vor (Tabelle 3), die insgesamt nahezu ein Drittel aller möglichen Haplotypen ausmachen. Bei diesen 7 häufigen Haplotypen erscheint ein Vergleich mit den Ergebnissen anderer Autoren sinnvoll, während bei den übrigen der Fehler der kleinen Zahl derzeit noch zu sehr ins Gewicht fällt. Wie die Tabelle 3 zeigt, stimmen die Frequenzen verschiedener Untersucher im großen und ganzen befriedigend überein, und unsere, insbesondere die bei den Familienuntersuchungen ermittelten Werte liegen mit Ausnahme der Haplotypen HL-A 2 — W10 und HL-A 3 — W5 gut in der Mitte. Die größten Abweichungen vom Mittelwert nach unten finden sich im Durchschnitt bei Dausset *et al.* [4], die größten Abweichungen nach oben im Material von Svejgaard *et al.* [21]. Dies könnte mit einem geographischen Süd-Nord-Trend erklärt werden; denkbar wäre aber auch, daß diese Abweichungen durch eine unterschiedliche Erfassungsbreite der verwendeten Testseren bedingt sind. Bei diesen 7 häufigen Haplotypen ist der Delta-Wert mehr oder weniger ausgeprägt positiv. Die Bedeutung der hohen positiven

Tabelle 1. Die an 107 Familien (s. Anhang) ermittelten Haplotypen<sup>a</sup>

	HL-A 5	HL-A 7	HL-A 8	HL-A 12	HL-A 13	W5	W10	W14	W15	W17	W22	W27	„O“	Summe	n
HL-A 1	1	6	25	3	1	2	1	1	7	2	—	1	6	58	
HL-A 2	0,25	2,82	4,51	0,99	0,25	0,67	1,30	0,14	1,29	—	—	0,14	4,00	16,36	462
HL-A 3	5	13	3	17	3	8	4	2	12	5	1	5	14	92	
HL-A 4	1,61	9,55	1,71	11,67	1,16	5,21	2,67	2,02	6,94	2,99	1,22	—	16,46	63,21	462
HL-A 5	2	17	2	2	—	13	1	2	3	—	1	3	10	56	
HL-A 6	—	9,97	0,15	0,84	—	2,98	0,33	0,82	1,34	1,17	—	—	7,15	24,75	462
HL-A 7	3	4	2	5	2	2	2	1	3	1	—	—	5	30	
HL-A 8	—	3,38	—	—	0,44	1,04	—	0,14	0,80	—	—	—	2,56	8,36	462
HL-A 9	2	1	—	3	1	2	2	—	3	—	—	2	7	23	
HL-A 10	—	1,10	—	1,01	0,25	—	—	—	—	—	—	0,29	2,42	5,07	462
HL-A 11	3	1	—	2	—	6	—	—	—	—	—	1	2	1	16
HL-A 12	—	0,33	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2,67	3,00	462
HL-A 13	1	—	2	—	—	—	1	—	—	—	—	1	1	6	
HL-A 14	—	—	—	0,27	—	—	—	—	—	—	—	—	0,07	0,34	158
W19	1	1	—	—	1	—	1	—	—	—	—	2	3	9	
„O“	—	0,25	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1,75	2,00	158
	3	1	1	5	2	1	3	2	2	—	—	—	5	25	
	2,76	1,54	0,50	2,39	2,83	0,95	2,98	0,78	2,26	—	—	—	6,92	23,91	
Summe	20	45	33	39	10	34	16	8	24	13	5	16	52	315	
n	4,62	28,94	6,87	17,17	4,93	10,85	7,28	3,90	12,63	4,16	1,22	0,43	44,00	147,00	

<sup>a</sup> Die obere Zahl bezieht sich auf die gefundenen sicheren Haplotypen, die untere Zahl auf die nach Svengaard et al. [21] errechneten Haplotypen. Der Untersuchungsumfang erstreckte sich auf insgesamt 231 Personen, wobei außer den 214 Eltern 17 zu Großfamilien gehörende nichtverwandte Personen mitberücksichtigt wurden. Falls ein kleineres n angegeben ist, wurde das entsprechende Merkmal nur bei einem entsprechend kleineren Kollektiv berücksichtigt.

Tabelle 2. Kopplungs-Ungleichgewichte (Delta-Werte) zwischen dem 1. und 2. Locus (errechnet nach Mattiuz *et al.* [10] an Hand der Phänotypen von 1028 nichtverwandten Personen)

	HL-A 5	HL-A 7	HL-A 8	HL-A 12	HL-A 13	W5	W10	W14	W15	W17	W27	„O“
HL-A 1	— 44	— 74	692	— 183	— 37	— 68	— 29	— 33	— 71	88	15	— 116
HL-A 2	99	49	— 200	102	55	— 78	28	19	160	40	30	121
HL-A 3	100	461	— 97	— 114	— 56	64	— 24	— 30	— 18	— 34	— 11	46
HL-A 9	— 13	— 45	— 96	— 122	4	70	0	16	— 1	18	— 18	— 3
HL-A 10	— 17	— 13	— 48	— 21	14	— 9	— 8	12	— 1	9	11	152
HL-A 11	21	— 12	— 10	— 2	1	38	— 16	— 4	— 10	— 13	17	19
„O“	47	— 145	— 194	202	96	— 22	124	53	67	— 58	4	— 250

Tabelle 3. Frequenzen der 7 häufigsten Haplotypen ( $\times 10^4$ )

	n	1—8	2—12	3—7	2—7	2—W15	2—W10	3—W5
a) ermittelt durch Familienuntersuchungen								
Eig. Untersuchungen	462	639	621	584	488	410	144	346
Mayr [11]	472	720	339	636	254	339	170	339
Albert <i>et al.</i> [1]	2140	690	660	520	380	310	300	200
Dausset <i>et al.</i> [4]	476	546	441	294	84	147	210	189
Svejgaard <i>et al.</i> [21] (Dänemark)	855	765	647	768	391	550	451	253
Svejgaard <i>et al.</i> [21] (Norwegen)	436	1006	731	762	570	738	514	236
Mittelwerte	4841	716	608	581	443	373	309	239
b) berechnet aus Phänotypenhäufigkeiten								
Eig. Untersuchungen	1028	865	509	776	638	399	224	137
Mayr [11]	300	625	399	532	340	352	218	274
Mayr [12]	324	880	490	635	284	347	258	234
Dausset <i>et al.</i> [4]	391	505	292	340	79	114	104	117
Bertrams <i>et al.</i> [3]	1000	806	512	634	227	435	350	336
van den Berg- Loonen [2]	707	856	390	623	455	495	436	428
Mittelwerte	3750	791	454	632	381	389	287	262

Delta-Werte liegt darin, daß in der Biostatistik ein Fehler auftreten würde, wenn nur das Produkt der Frequenzen der geforderten Gene eingesetzt wird, d. h., wenn die Merkmale des 1. und 2. Locus fälschlicherweise als voneinander unabhängig betrachtet werden. In diesem Fall würde eine zu hohe Ausschlußchance bzw. ein zu niedriger ZW-Wert resultieren. Bei der Heranziehung der ZW-Werte für die übrigen Merkmalskombinationen beider Loci durch Einsetzen des Produktes der Genhäufigkeiten in die Berechnung macht man jedoch keinen ins Gewicht fallenden Fehler, wohl aber verzichtet man unter Umständen, insbesondere bei ausgeprägten negativen Delta-Werten, auf einen Teil der Informationen. Welcher Wert für die hier in Frage kommenden 7 häufigsten Haplotypen in die Berechnung eingesetzt wird, sollte im Idealfall von jedem Gutachter auf Grund seines Familienmaterials selbst ermittelt werden. Er macht aber sicher keinen allzu großen Fehler, wenn er den Mittelwert nimmt. Jedoch sollte er sich dann zum mindesten an einer kleinen Familienstudie (hier sind u. U. schon Mutter-Kind-Kombinationen aus-

reichend) davon vergewissern, daß seine Ergebnisse dem Mittelwert nahekommen (s. Tabelle 3).

Die untere Hälfte der Tabelle 3 zeigt die von mehreren Autoren errechneten Haplotypen auf Grund der Phänotypenbestimmung nichtverwandter Personen. Obwohl dabei verschiedene mathematische Verfahren angewendet wurden, stimmen die Ergebnisse im wesentlichen befriedigend überein. Im Zweifelsfall messen wir jedoch bei vergleichbaren Kollektiven den durch direkte Genzählung („gene counting“) ermittelten Werten, wie es nur durch Familienuntersuchungen möglich ist, die größere Zuverlässigkeit bei.

Die Abb. 1 zeigt die schon erwähnte Familie mit einem crossing over bei der Mutter. Die zwei möglichen Chromosomenbrüche sind links schematisch dargestellt. Für den Gutachter besteht die Gefahr eines zu Unrecht ausgesprochenen Vaterschaftsausschlusses praktisch nie (von den seltenen Gutachten bei Mehrlingen abgesehen), denn eine Information über die beim Eventualvater vorliegenden Haplotypen könnte bestenfalls durch die Untersuchung seiner Eltern und Geschwister erzielt werden. Sollte in Ausnahmefällen der Gutachter auf die so gewonnenen Haplotypen zurückgreifen, dann muß er allerdings im HL-A-System bis zu 2% mit Rekombinationen rechnen. Ein Haplotypausschluß ist also mit einem nicht zu vernachlässigenden Unsicherheitsfaktor belastet.

Sieht man jedoch von den geforderten Haplotypen ab, so lassen sich sowohl auf Grund zu fordernder unerlässlicher Einzelmerkmale als auch auf Grund der geforderten Genotypen eines Locus' Aussagen mit befriedigender Sicherheit machen. Im letzteren Fall ist eine Auswahl von zwei bestimmten Einzelfaktoren auf einem Locus möglich. Sowohl bei unseren Familien als auch bei den bisher publizierten Familiendaten [1, 4, 11, 21] wurden keine Hinweise gegen die Gültigkeit der Erbregeln beobachtet, wie dies u. a. durch Analyse der doppelten Rückkreuzungen bestätigt wird. Problematisch ist die Berechnung der ZW in solchen Fällen, wenn ein „O“-Merkmal allein oder in Kombination mit einem anderen Merkmal gefordert ist. Zunächst muß hier berücksichtigt werden, daß man strenggenommen mit der Merkmalshäufigkeit von „O“ nicht operieren darf, sondern vielmehr mit der zu errechnenden Häufigkeit nicht nachweislich heterozygoter Merkmalsträger. Mit anderen Worten heißt dies, wir müssen unterstellen, daß selbst beim häufigsten Merkmal HL-A 2 trotz Überwiegens der Homozygoten ein „O“-Merkmal vorhanden sein kann. Eine weitere Schwierigkeit bei der Berücksichtigung von „O“ ist durch die große Variabilität bedingt, die beispielsweise überproportional sinkt, wenn weitere Merkmale bestimmt werden oder Testseren mit breiterer Spezifität

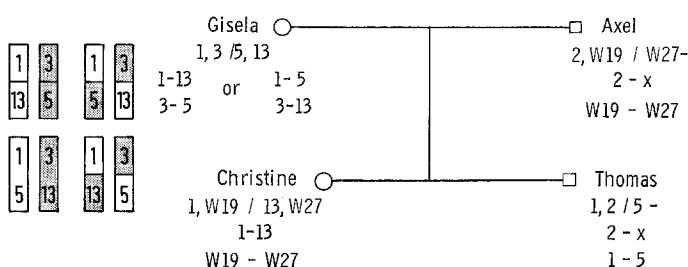


Abb. 1. Fall Blo. Rekombination bei der Mutter

verwendet werden. Eine dritte, durch die Berücksichtigung der „O“-Merkmale sich theoretisch ergebende Schwierigkeit besteht darin, daß schwache Antigene u. U. inkonstant nachgewiesen werden. Die Existenz solcher Antigendeterminanten im HL-A-System wurde zwar gelegentlich diskutiert [14], doch scheinen derartige Fälle ziemlich selten zu sein. In unserem Familienmaterial war kein solcher Fall erkennbar. Außerdem haben wir bei der Untersuchung von mehr als 100 Probanden mit 12 bis 15 HL-A 2-Seren keinen Hinweis für ein schwaches HL-A 2-Merkmal gefunden [20].

Es ist eine Eigenart der meisten HL-A-Seren, daß sie nicht genau identisch reagieren; die Verwendung nur eines Testserums ist deshalb nicht statthaft. Das Ausmaß dieser Kreuzreaktionen, die vorwiegend von den Antikörpern abhängen, ist offenbar von Spezifität zu Spezifität verschieden. Dies trifft besonders auf die Sera, welche zur Bestimmung von W5 verwendet werden, zu, von denen einige oft schwache kreuzreagierende Antikörper gegen HL-A 5 besitzen, andere aber nicht mit W5, sondern mit einem Merkmal des 3. Locus reagieren, das eine sehr hohe positive Korrelation mit W5 aufweist [13]. Weiterhin bestimmt man heute meist an Stelle des W19-Komplexes 4 „enge“ Spezifitäten: W29, 30, 31 und 32, die jedoch den Bereich des ursprünglichen W19 nicht vollständig umfaßt. Eine weitere, möglicherweise zu W19 gehörende Untereinheit (19.6) ist noch nicht genügend definiert [3a]. Dagegen scheint die Aufteilung von HL-A 9 in W23 und W24 sowie die von HL-A 10 in W25 und W26 nicht zu stören, da diese „engeren“ Spezifitäten offenbar die ursprünglichen „breiteren“ HL-A-Spezifitäten ziemlich genau umfassen. Dafür spricht außerdem, daß hier die Hardy-Weinberg-Analyse — im Gegensatz zu W5 und W19 — gute Übereinstimmungen zwischen Erwartungs- und Beobachtungswerten ergibt. Bei unserem Familienmaterial fanden wir insgesamt am 1. Locus ein  $\chi^2$  von 8,8331, das bedeutet bei 7 Freiheitsgraden einen P-Wert von 20 bis 30%, während am 2. Locus ein  $\chi^2$  von 24,9024 bei 15 Freiheitsgraden einem P-Wert von 5 bis 10% entspricht.

Sehr wesentlich erscheint der Hinweis, daß die bei zahlreichen Merkmalen vorhandenen guten Übereinstimmungen zwischen Erwartungs- und Beobachtungswerten sowie die Sicherung des Erbganges durch die vorliegenden Familiendaten nicht ohne weiteres auf neuere oder später zu entdeckende Merkmale übertragen werden dürfen.

Um dem Gutachter die Berechnung der ZW-Werte zu erleichtern, haben wir in der folgenden Tabelle 4 die ZW-Werte sowie deren Logarithmen für die unerlässlichen väterlichen Erbanlagen aufgeführt, und zwar gesondert für den 1. und 2. Locus (Tabelle 4a u. b) sowie für die 7 häufigsten Haplotypen (Tabelle 4c). Wie bereits erwähnt, macht man bei den übrigen (selteneren) Haplotypen keinen zu großen Fehler, wenn nur das Produkt der zu fordernenden Merkmale bzw. Merkmalskombinationen in die Berechnung eingesetzt wird. Die 7 häufigsten Haplotypen in Tabelle 4c sollen nicht deshalb bei der Berechnung berücksichtigt werden, um einen besseren Hinweis für die Vaterschaft zu gewinnen, sondern umgekehrt, um eine zu weitgehende und damit eine möglicherweise falsche Wahrscheinlichkeitsaussage zu vermeiden. Es erscheint uns ferner wichtig, an dieser Stelle nochmals zu wiederholen, daß die Verwendung der Tabelle 4 nur zulässig ist, wenn der Gutachter in seinem Labor annähernd die gleichen Merkmalshäufigkeiten erreicht, eine Forderung, die zwar für jedes neue System selbstverständlich ist, der aber

Tabelle 4. Zufallswahrscheinlichkeiten (ZW) im HL-A-System  
a) 1. Locus

Unerläßliche väterliche Erb-anlagen	Häufigkeit der An-lagenträger in der Bevölkerung		Gen-frequen-zien
	H	log H + 10	
1	0,2831	9,4520	0,1533
2	0,5134	9,7104	0,3024
3	0,3008	9,4782	0,1638
9	0,1922	9,2837	0,1012
10	0,1179	9,0716	0,0608
11	0,0981	8,9917	0,0503
,,O“	0,4663	9,6687	0,1682
28	0,0778	8,8910	0,0397
W19	0,1355	9,1319	0,0702
,,O“	0,2779	9,4439	0,0583
<hr/>			
1/2	0,7037	9,8474	Unerläßliche väterliche Erb-anlagen
1/3	0,5336	9,7272	Häufigkeit der An-lagenträger in der Bevölkerung
1/9	0,4442	9,6476	<hr/>
1/10	0,3823	9,5824	H
1/11	0,3657	9,5631	log H + 10
1/,,O“	0,6744	9,8290	
1/28	0,3488	9,5426	
1/W19	0,3970	9,5988	
1/,,O“	0,5197	9,7158	
<hr/>			
2/3	0,7151	9,8544	9/10
2/9	0,6443	9,8091	0,2978
2/10	0,5945	9,7742	9,4740
2/11	0,5810	9,7642	9/11
2/,,O“	0,7865	9,8957	0,2800
2/28	0,5672	9,7538	9,4472
2/W19	0,6064	9,7828	9/,,O“
2/,,O“	0,6646	9,8226	0,6142
<hr/>			
3/9	0,4598	9,6626	9/28
3/10	0,3986	9,6006	9,7883
3/11	0,3824	9,5826	9/28
3/,,O“	0,6852	9,8358	0,2619
3/28	0,3656	9,5630	9/W19
3/W19	0,4132	9,6162	0,3134
3/,,O“	0,5228	9,7184	9,4961
<hr/>			

Beim 1. Locus wurden 2 verschiedene „O“-Frequenzen eingesetzt. Die erstere (größere) Zahl trifft dann zu, wenn HL-A 28 und W19 nicht untersucht sind.

im HL-A-System besondere Bedeutung zukommt. Wenn „O“ als unerlässliches Merkmal berücksichtigt wird, muß der Untersuchungsumfang dem in der Tabelle 4 entsprechen. Der durchschnittliche ZW-Wert (errechnet an Hand der Logarithmen aus der Tabelle 4) unter alleiniger Berücksichtigung der geforderten Einzelfaktoren

## b) 2. Locus

Unerlässliche väterliche Erb-anlagen	Häufigkeit der Anlagenträger in der Bevölkerung		Genfrequenzen	
	H	log H + 10		
5	0,1015	9,0064	0,0521	
7	0,2744	9,4384	0,1482	
8	0,1688	9,2274	0,0883	
12	0,2354	9,3718	0,1256	
13	0,0643	8,8082	0,0327	
W5	0,1860	9,2695	0,0978	
W10	0,1152	9,0615	0,0594	
W14	0,0496	8,6955	0,0251	
W15	0,1490	9,1732	0,0775	
W17	0,0767	8,8848	0,0391	
W22	0,0538	8,7308	0,0270	
W27	0,0761	8,8814	0,0388	
,,O“	0,4141	9,6171	0,1884	
<hr/>				
5/7	0,3605	9,5569	Unerlässliche väterliche Erb-anlagen	Häufigkeit der Anlagenträger in der Bevölkerung
5/8	0,2611	9,4168		
5/12	0,3238	9,5103		
5/13	0,1624	9,2106		
5/W5	0,2773	9,4430		
5/W10	0,2106	9,3234	W5/W10	0,2897 9,4620
5/W14	0,1484	9,1715	W5/W14	0,2307 9,3630
5/W15	0,2424	9,3845	W5/W15	0,3199 9,5050
5/W17	0,1741	9,2407	W5/W17	0,2551 9,4067
5/W22	0,1519	9,1815	W5/W22	0,2340 9,3692
5/W27	0,1735	9,2392	W5/W27	0,2545 9,4067
,,O“	0,4933	9,6931	W5,,O“	0,5538 9,7433
<hr/>				
7/8	0,4171	9,6202	W10/W14	0,1619 9,2102
7/12	0,4726	9,6744	W10/W15	0,2551 9,4067
7/13	0,3291	9,5173	W10/W17	0,1873 9,2725
7/W5	0,4315	9,6350	W10/W22	0,1653 9,2183
7/W10	0,3721	9,5706	W10/W27	0,1868 9,2714
7/W14	0,3166	9,5005	W10,,O“	0,5035 9,7020
7/W15	0,4005	9,6026		
7/W17	0,3395	9,5308	W14/W15	0,1947 9,2894
7/W22	0,3197	9,5048	W14/W17	0,1243 9,0944
7/W27	0,3390	9,5302	W14/W22	0,1015 9,0064
,,O“	0,6108	9,7859	W14/W27	0,1237 9,0923
			W14,,O“	0,4536 9,6567
<hr/>				
8/12	0,3820	9,5821	W15/W17	0,2196 9,3416
8/13	0,2273	9,3566	W15/W22	0,1981 9,2969
8/W5	0,3376	9,5284	W15/W27	0,2191 9,3406
8/W10	0,2736	9,4371	W15,,O“	0,5279 9,7225
8/W14	0,2139	9,3302		
8/W15	0,3041	9,4830	W17/W22	0,1278 9,1066
8/W17	0,2386	9,3777	W17/W27	0,1497 9,1753
8/W22	0,2173	9,3371	W17,,O“	0,4746 9,6763

Tabelle 4b (Fortsetzung)

Unerläss- liche väterliche Erb- anlagen	Häufigkeit der An- lagenträger in der Bevölkerung		Unerläss- liche väterliche Erb- anlagen	Häufigkeit der An- lagenträger in der Bevölkerung	
	H	log H+10		H	log H+10
8/W27	0,2381	9,3768	W22/W27	0,1273	9,1048
8/,,O“	0,5419	9,7339	W22/,,O“	0,4565	9,6595
12/13	0,2915	9,4646	W27/,,O“	0,4741	9,6759
12/W5	0,3969	9,5987			
12/W10	0,3358	9,5260			
12/W14	0,2787	9,4451			
12/W15	0,3650	9,5623			
12/W17	0,3023	9,4804			
12/W22	0,2819	9,4501			
12/W27	0,3018	9,4797			
12/,,O“	0,5865	9,7683			
13/W5	0,2440	9,3874			
13/W10	0,1757	9,2447			
13/W14	0,1123	9,0503			
13/W15	0,2083	9,3187			
13/W17	0,1384	9,1412			
13/W22	0,1158	9,0637			
13/W27	0,1379	9,1396			
13/,,O“	0,4651	9,6676			

## e) Haplotypen

Unerläss- liche väterliche Erb- anlagen	Häufigkeit der An- lagenträger in der Bevölkerung		Unerläss- liche väterliche Erb- anlagen	Häufigkeit der An- lagenträger in der Bevölkerung	
	H	log H+10		H	log H+10
1—8	0,1381	9,1402	2—W15	0,0732	8,8645
2—12	0,1179	9,0716	2—W10	0,0608	8,7839
3—7	0,1128	9,0522	3—W5	0,0472	8,6739
2—7	0,0866	8,9375			

Die ZW-Werte (Häufigkeit  $H$  der geforderten väterlichen Erbanlagen) wurden nach folgender Formel berechnet:  $H_i = 1 - (1 - a_i)^2$ , wobei  $a_i$  die entsprechende Genfrequenz bedeutet. Besteht die Auswahl zwischen 2 geforderten Merkmalen, so wird an Stelle der Einzel-Genfrequenz  $a_i + a_j$  eingesetzt. Falls ein „O“-Merkmal isoliert oder kombiniert mit einem anderen Merkmal gefordert ist, beziehen sich die angegebenen ZW-Werte immer auf die potentielle „O“-Häufigkeit, d. h. Merkmalshäufigkeit von „O“ plus Häufigkeit aller homozygoten Merkmalsträger des betreffenden Locus, wobei Doppelzählungen selbstverständlich vermieden werden.

Am 1. Locus sind 2 verschiedene ZW-Werte für „O“ angegeben: der erstere bezieht sich auf den voranstehenden Untersuchungsumfang (HL-A 1, 2, 3, 9, 10, 11), der letztere (kleinere) „O“-Wert auf den Gesamtuntersuchungsumfang einschließlich HL-A 28 und W19.

(außer „O“) ergab bei den ersten 73 Familien (kleiner Untersuchungsumfang) einen durchschnittlichen ZW-Wert von 0,16. Die getrennte Berechnung der ZW für die 34 Familien, bei denen der Untersuchungsumfang auf HL-A 28 und W19 erweitert worden war, führte bei Berücksichtigung von nur zwei Stellen hinter dem Komma zum gleichen ZW-Wert. Bei zusätzlicher Berücksichtigung der geforderten Merkmalskombinationen erniedrigte sich dieser Wert sowohl bei den ersten 73 Familien als auch bei den letzten 34 Familien auf 0,10. Bezüglich der Zufallswahrscheinlichkeit (bzw. der Vaterschaftsausschlußchance) leistet somit das HL-A-System etwa gleich viel wie die derzeit schon als voll beweiskräftig anerkannten Systeme zusammen.

### Anhang

#### HL-A-Phänotypen der 107 untersuchten Familien

*Zeichenerklärung:* Kv = Kindesvater, Km = Kindesmutter, Kd = Kind, m = männlich, f = weiblich.

Aus Platzersparnisgründen wurde die Bezeichnung HL-A jeweils weggelassen (z. B. bedeutet 5 immer HL-A 5), während W5 ausdrücklich vermerkt wurde.

Falls unter einer Nummer mehrere Familien mit verschiedenen Buchstaben aufgeführt sind, so handelt es sich um eine Sippe (z. B. 91a, 91b etc.).

*Verwendete Antisera:* Anti-HL-A 1, 2, 3, 9, 10, 11; Anti-HL-A 5, 7, 8, 12, 13, W5, W10, W14, W17, W27.

##### Familie 1:

Kv: 2, 12, W5  
 Km: 1, 2, 5, 8  
 Kd 1, m: 1, 2, 8, W5  
 Kd 2, f: 2, 5, 12  
 Kd 3, f: 2, 5, 12  
 Kd 4, f: 2, 5, W5

##### Familie 3:

Kv: 9, 10, 5, 7  
 Km: 3, 9, W5  
 Kd 1, m: 3, 9, 5, W5

##### Familie 5:

Kv: 1, 2, 7, W5  
 Km: 1, 2, 8, W27  
 Kd 1, f: 1, 2, 7, 8  
 Kd 2, m: 1, 2, W5, W27

##### Familie 2:

Kv: 2, 7, 12  
 Km: 1, 2, W27  
 Kd 1, f: 2, 12, W27  
 Kd 2, m: 2, 12, W27

##### Familie 4:

Kv: 2, 12, W5  
 Km: 2, W5  
 Kd 1, f: 2, 12, W5

##### Familie 6:

Kv: 2, 3, 8  
 Km: 2, 9, 12  
 Kd 1, m: 2, 9, 8, 12

---

Die Ermittlung der Genfrequenzen erfolgte 1. nach dem Genabzählverfahren an den 462 Haplotypen unseres Familienmaterials und 2. durch Berechnung nach Mattiuz [10] aus den Phänotypen sowohl unseres Familienmaterials als auch von weiteren 513 nichtverwandten Blutspendern aus Hessen. Die so erhaltenen Mittelwerte der Genfrequenzen stimmen recht gut mit den Mittelwerten von anderen Autoren überein [2—4, 7, 11, 15, 20]. Bei den Haplotypenfrequenzen wurden die Durchschnittsmittelwerte aus Familienuntersuchungen (s. Tabelle 3) verwendet.

*Familie 7:*

Kv: 1, 2  
 Km: 1, 2, 12  
 Kd 1, f: 2, 12

*Familie 8:*

Kv: 3, 7  
 Km: 1, 3, 7  
 Kd 1, m: 3, 7  
 Kd 2, m: 3, 7

*Familie 9:*

Kv: 1, 2, 12  
 Km: 1, 2, 8, W14  
 Kd 1, m: 1, 2, 8

*Familie 10:*

Kv: 2, 9, 12, W5  
 Km: 2, W5, W15  
 Kd 1, m: 2, 9, W5

*Familie 11:*

Kv: 2, W5  
 Km: 3, 10, W27  
 Kd 1, m: 2, 3, W5, W27

*Familie 12:*

Kv: 2, W5, W14  
 Km: 2, 3, W5, W17  
 Kd 1, m: 2, W5, W17  
 Kd 2, m: 3, W5, W14  
 Kd 3, f: 2, W5, W17

*Familie 13:*

Kv: 1, 2, 8, W17  
 Km: 2, 12  
 Kd 1, f: 2, 12, W17

*Familie 14:*

Kv: 2, 3, 8, W14  
 Km: 10, 12, W15  
 Kd 1, f: 3, 10, W14, W15  
 Kd 2, f: 3, 12, W14

*Familie 15:*

Kv: 1, 8, W17  
 Km: 2, W15  
 Kd 1, m: 1, 2, W15, W17

*Familie 16:*

Kv: 1, 3, 7, 8  
 Km: 1, 10, 7, W5  
 Kd 1, f: 1, 10, 7, W5  
 Kd 2, f: 1, 3, 7, 8

*Familie 17:*

Kv: 2, 9, 10, 12  
 Km: 3, 7  
 Kd 1, f: 3, 9, 7, 12  
 Kd 2, m: 3, 9, 7, 12

*Familie 18:*

Kv: 3, W5  
 Km: 2, 7, 12  
 Kd 1, f: 2, 3, 12  
 Kd 2, m: 2, 3, 7, W5  
 Kd 3, f: 2, 3, 7, W5  
 Kd 4, m: 2, 3, 7

*Familie 19:*

Kv: 2, 3, 7  
 Km: 2, 3, W5, W17  
 Kd 1, f: 2, 3, 7, W17  
 Kd 2, m: 2, 3, 7, W17

*Familie 20:*

Kv: 1, 2, 7, 8  
 Km: 2, 7, W5  
 Kd 1, m: 2, 7  
 Kd 2, m: 2, 7  
 Kd 3, m: 1, 2, 8, W5

*Familie 21:*

Kv: 2, 3, 12, W14  
 Km: 2, W10, W15  
 Kd 1, m: 3, W10, W14

*Familie 22:*

Kv: 9, 11, 5, W15  
 Km: 2, 11, W5, W17  
 Kd 1, m: 2, 11, 5, W17

*Familie 23:*

Kv: 12, W10  
 Km: 2, 3, 12  
 Kd 1, f: 2, 12  
 Kd 2, m: 3, 12, W10  
 Kd 3, m: 2, 12, W10

*Familie 25:*

Kv: 3, W10  
 Km: 1, 2, 5, 8  
 Kd 1, f: 2, 3, 5  
 Kd 2, m: 1, 3, 8

*Familie 27:*

Kv: 2, 12, W15  
 Km: 3, W5, W10  
 Kd 1, f: 12, W10  
 Kd 2, f: 12, W10

*Familie 29:*

Kv: 1, 3, 7, 8  
 Km: 2, 7  
 Kd 1, m: 2, 3, 7

*Familie 31:*

Kv: 3, 11, 7  
 Km: 3, 10, 7, W15  
 Kd 1, m: 3, 10, 7, W15

*Familie 33:*

Kv: 2, 10, 5, 13  
 Km: 2, 7  
 Kd 1, f: 2, 10, 5  
 Kd 2, m: 2, 10, 5

*Familie 35:*

Kv: 2, W15  
 Km: 3  
 Kd 1, m: 2, 3, W15

*Familie 36b:*

Kv: 2, 7, W15  
 Km: 1, 9, 8, 12  
 Kd 1, f: 1, 8, W15

*Familie 38:*

Kv: 1, 2, 7, W15  
 Km: 2, 3, 12, W5

*Familie 24:*

Kv: 3, 7  
 Km: 1, 3, W15  
 Kd 1, f: 3, 7, W15  
 Kd 2, m: 3, 7, W15

*Familie 26:*

Kv: 2, W15  
 Km: 1, 8  
 Kd 1, f: 1, 2, 8, W15

*Familie 28:*

Kv: 3, 9, 7  
 Km: 1, 2, 7, W17  
 Kd 1, f: 2, 9, 7

*Familie 30:*

Kv: 2, 13, W5  
 Km: 9, W15  
 Kd 1, m: 2, 9, W5, W15

*Familie 32:*

Kv: 1, 10, 7, W15  
 Km: 3, W10  
 Kd 1, f: 3, 10, W10, W15  
 Kd 2, m: 1, 7

*Familie 34:*

Kv: 2, 3  
 Km: 3, 12, W5  
 Kd 1, m: 3, W5  
 Kd 2, m: 3, 12  
 Kd 3, f: 3, 12

*Familie 36a:*

Kv: 1, 3, 7, 8  
 Km: 2, 9, 12  
 Kd 1, f: 1, 9, 8, 12

*Familie 37:*

Kv: 2, 9, W5  
 Km: 2, 13, W14  
 Kd 1, f: 9, 13

*Familie 39:*

Kv: 11, 7, 12  
 Km: 1, 11, W5, W27

Kd 1, m: 1, 3, 7, W5  
 Kd 2, m: 2, 3, W5, W15

*Familie 40:*

Kv: 2, 7, W15  
 Km: 1, 2, 7, W15  
 Kd 1, f: 2, 7, W15

*Familie 42:*

Kv: 1, 10, 7, 12  
 Km: 1, 10, 7  
 Kd 1, f: 1, 10, 12  
 Kd 2, m: 1, 10, 12

*Familie 44:*

Kv: 10, 13, W27  
 Km: 2, 3, 7, W5  
 Kd 1, f: 3, 10, W5, W27

*Familie 46:*

Kv: 2, 5  
 Km: 9, 7  
 Kd 1, f: 9, 5, 7

*Familie 48:*

Kv: 3, 7, W5  
 Km: 2, 12, W15  
 Kd 1, f: 2, 12, W5  
 Kd 2, m: 2, W5, W15

*Familie 49b:*

Kv: 3, 7  
 Km: 2, 3, W15  
 Kd 1, f: 3, 7, W15  
 Kd 2, m: 2, 3, 7

*Familie 50b:*

Kv: 9, 5, W5  
 Km: 1, 10, 12  
 Kd 1, m: 9, 10, 12, W5  
 Kd 2, m: 1, 9, W5

*Familie 52:*

Kv: 10, 13  
 Km: 2, 10, 8  
 Kd 1, m: 10, 13  
 Kd 2, f: 2, 8  
 Kd 3, m: 10, 13

Kd 1, f: 11, 7, W5  
 Kd 2, m: 1, 11, 12, W27

*Familie 41:*

Kv: 12, 13  
 Km: 3, 10, W5  
 Kd 1, f: 10, 12

*Familie 43:*

Kv: 3, 10, W10  
 Km: 9, W15  
 Kd 1, m: 3, 9, W15

*Familie 45:*

Kv: 3, W5  
 Km: 2, 3, 7, W15  
 Kd 1, f: 3, 7  
 Kd 2, m: 3, 7  
 Kd 3, m: 2, W15

*Familie 47:*

Kv: 2, 3, 7, 13  
 Km: 3, W5  
 Kd 1, m: 2, 3, 13, W5

*Familie 49a:*

Kv: 2, 13  
 Km: 3, 7, W15  
 Kd 1, f: 2, 3, W15

*Familie 50a:*

Kv: 3, 9, W5  
 Km: 1, 5, 8  
 Kd 1, m: 9, 5, W5

*Familie 51:*

Kv: 2, 3, 7  
 Km: 1, 3, 7, W10  
 Kd 1, f: 3, 7

*Familie 53:*

Kv: 2, W10, W14  
 Km: 2, 12, W17  
 Kd 1, m: 2, W14, W17  
 Kd 2, f: 2, 12, W14

*Familie 54:*

Kv: 2, 12, W5  
 Km: 3, 8, W17  
 Kd 1, m: 3, 2, 8, 12  
 Kd 2, m: 3, 2, 8, 12  
 Kd 3, f: 3, 2, 8, 12  
 Kd 4, m: 3, 2, 8, W5

*Familie 55:*

Kv: 1, 8, W10  
 Km: 2, 7, W15  
 Kd 1, m: 1, 2, 8, W15  
 Kd 2, f: 1, 2, 8, W15

*Familie 56:*

Kv: 1, W5, W15  
 Km: 3, 7, W15  
 Kd 1, f: 1, 3, 7, W5

*Familie 57:*

Kv: 9, 10, 13, W27  
 Km: 2, 9, 8, 12  
 Kd 1, m: 9, 10, 8, W27

*Zusätzlich verwendetes Antiserum:*  
 Anti-W22.

*Familie 59a:*

Kv: 1, 3, 7, 8  
 Km: 2, 3, 12  
 Kd 1, f: 1, 3, 8

*Familie 59b:*

Kv: 2, 3, 8  
 Km: 1, 9, 13, W17  
 Kd 1, f: 1, 3, 8, W17  
 Kd 2, m: 1, 2, W17

*Familie 59c:*

Kv: 2, 3, 7  
 Km: 1, W10  
 Kd 1, m: 1, 3, 7

*Familie 60a:*

Kv: 1, 3, W17  
 Km: 1, 12, W10  
 Kd 1, f: 1, 12, W17  
 Kd 2, m: 1, 3, W10  
 Kd 3, f: 1, 3, 12

*Familie 60b:*

Kv: 1, 11, 8  
 Km: 1, 3, 12  
 Kd 1, f: 1, 3, 8

*Familie 61:*

Kv: 1, 3, 8, W5  
 Km: 1, 5, W15  
 Kd 1, m: 1, 3, W5, W15  
 Kd 2, m: 1, 3, W5, W15  
 Kd 3, m: 1, 5, 8

*Familie 62:*

Kv: 1, 2, 7  
 Km: 2, W10, W17  
 Kd 1, f: 2, W10

*Familie 63:*

Kv: 2, 5, 12  
 Km: 1, 8, W17  
 Kd 1, f: 1, 2, 12, W17

*Familie 64:*

Kv: 1, 2, 7, W22  
 Km: 2, 3  
 Kd 1, f: 2, 3, 7

*Familie 65:*

Kv: 1, 5, 13  
 Km: 9, 11, 7, W27  
 Kd 1, f: 1, 11, 5, W27  
 Kd 2, m: 1, 9, 5, 7

*Familie 66:*

Kv: 2, 5, 12  
 Km: 2, W22  
 Kd 1, f: 2, 12, W22

*Familie 67:*

Kv: 10, W10  
 Km: 2, 10, 12, W27  
 Kd 1, m: 2, 10, W10, W27  
 Kd 2, f: 10, 12  
 Kd 3, f: 10, 12  
 Kd 4, m: 2, 10, W27  
 Kd 5, m: 2, 10, W27

*Familie 68:*

Kv: 1, 8, W22  
 Km: 2, W22  
 Kd 1, f: 1, 2, 8  
 Kd 2, m: 1, 2, 8  
 Kd 3, f: 1, 2, W22  
 Kd 4, m: 1, 2, 8, W22

*Familie 69:*

Kv: 2, 7  
 Km: 2, W15, W17  
 Kd 1, f: 2, 7, W15  
 Kd 2, f: 2, 7, W17

*Familie 70:*

Kv: 2, 3, W22  
 Km: 2, 3, 5, 13  
 Kd 1, f: 3, 5, W22  
 Kd 2, f: 3, 5, W22

*Familie 71:*

Kv: 2, 3, 12, W5  
 Km: 1, 2, 13  
 Kd 1, m: 1, 3, 13, W5

*Familie 72:*

Kv: 2, 9, 7, 8  
 Km: 2, 3, 7, W5  
 Kd 1, f: 2, 9, 7, 8  
 Kd 2, m: 2, 9, 7, 8

*Familie 73:*

Kv: 3, 10, 5, W5  
 Km: 1, 7  
 Kd 1, f: 1, 10, 5, 7  
 Kd 2, f: 1, 3, 7, W5

*Zusätzlich verwendete Antiseren: Anti-HL-A 28 ; Anti-W 19.*

*Familie 74:*

Kv: 3, 11, 7, W5  
 Km: 2, W15  
 Kd 1, f: 3, 7

*Familie 75:*

Kv: 1, 2, 8, W27  
 Km: 2, 11, W15, W27  
 Kd 1, m: 1, 2, 8, W15  
 Kd 2, m: 1, 2, 8, W15

*Familie 76:*

Kv: 1, 28, 7, 8  
 Km: 1, W5, W14  
 Kd 1, f: 1, 28, 7, W14

*Familie 77:*

Kv: 11, W19, W5, W10  
 Km: 9, 28, 12, W10  
 Kd 1, m: 11, 28, 12, W5  
 Kd 2, m: 9, 11, W5, W10

*Familie 78:*

Kv: 9, W19, 13, W17  
 Km: 1, 2, 8, W10  
 Kd 1, f: 1, W19, 8, 13

*Familie 79a:*

Kv: 2, 12, W10  
 Km: 2, 3, W15  
 Kd 1, f: 2, 3, W10

*Familie 79b:*

Kv: 2, 3, W15  
 Km: 2, 3, W10  
 Kd 1, f: 2, 3

*Familie 80:*

Kv: 10, W19, W5  
 Km: 9, 11, W15  
 Kd 1, f: 9, W19, W15

*Familie 82:*

Kv: 2, 3, W15, W17  
 Km: 10, 8  
 Kd 1, m: 2, 8, W17  
 Kd 2, f: 2, 8, W17

*Familie 84:*

Kv: 9, 28, W27  
 Km: 2, 11, 5, W5  
 Kd 1, m: 2, 9, 5

*Familie 86a:*

Kv: 2, W15  
 Km: 2, 10  
 Kd 1, m: 2  
 Kd 2, f: 2

*Familie 86c:*

Kv: 1, 2, 8  
 Km: 2, W14  
 Kd 1, m: 1, 2, 8, W14  
 Kd 2, f: 2, 8, W14  
 Kd 3, f: 2, 8, W14

*Familie 86e:*

Kv: 1, 2, W10  
 Km: 1, 3  
 Kd 1, f: 1, 2, W10  
 Kd 2, f: 1, 2, W10  
 Kd 3, f: 1, 3  
 Kd 4, m: 1, 3

*Familie 87:*

Kv: 28, W19, W10, W27  
 Km: 9, 11, 12, W5  
 Kd 1, f: 9, 28, 12, W10

*Familie 79c:*

Kv: 2, 12  
 Km: 2, 3, 12  
 Kd 1, m: 2, 12

*Familie 81:*

Kv: 2  
 Km: 9, W19, 12  
 Kd 1, f: 2, W19

*Familie 83:*

Kv: 1, 5, W19  
 Km: 1, W19, 7, W10  
 Kd 1, f: 1, 2, W10  
 Kd 2, f: 1, 2, W10

*Familie 85:*

Kv: 1, 3, W27  
 Km: 2, W19, 7, W10  
 Kd 1, f: 1, 28  
 Kd 2, f: 3, W5, W27

*Familie 86b:*

Kv: 1, 2, 8  
 Km: 2  
 Kd 1, m: 1, 2, 8  
 Kd 2, f: 2, 8

*Familie 86d:*

Kv: 1, 2, 8  
 Km: 2  
 Kd 1, m: 2, 8  
 Kd 2, f: 2, 8

*Familie 86f:*

Kv: 1, 2, 8, W10  
 Km: 1, 2, 8  
 Kd 1, m: 1, 2, 8  
 Kd 2, m: 1, 2, 8  
 Kd 3, m: 1, 2, 8  
 Kd 4, m: 1, 2, W10

*Familie 88:*

Kv: 10, W19  
 Km: 3, 9, 5, 7  
 Kd 1, m: 9, 10, 5  
 Kd 2, f: 3, 10, 7

*Familie 89:*

Kv: 1, 2, 8  
 Km: 2, W19, 12  
 Kd 1, m: 1, 2, 8, 12  
 Kd 2, m: 2, 12  
 Kd 3, f: 2, 12

*Familie 91a:*

Kv: 3, W10  
 Km: 5  
 Kd 1, m: 3, 5

*Familie 91c:*

Kv: 1, 9, 7, W17  
 Km: 2  
 Kd 1, f: 1, 2, W17

*Familie 93:*

Kv: 9, 7, W5  
 Km: 9, 7, 13  
 Kd 1, f: 9, 7

*Familie 95:*

Kv: 2, 3, 7  
 Km: 3, W14  
 Kd 1, m: 3, 7, W14

*Familie 97:*

Kv: 1, 9, 8  
 Km: 9, W15  
 Kd 1, f: 1, 8, W15  
 Kd 2, f: 1, 9, 8  
 Kd 3, m: 9, W15  
 Kd 4, f: 9

*Familie 99:*

Kv: 3, 7, 12  
 Km: 2, 7, W14  
 Kd 1, m: 12, W14  
 Kd 2, f: 12, W14

*Familie 101:*

Kv: 2, 12, W5  
 Km: 1, 8  
 Kd 1, m: 2, 12

*Familie 90:*

Kv: 2, 12, W10  
 Km: 1, 2, 8, 12  
 Kd 1, f: 2, 12  
 Kd 2, f: 2, 12, W10  
 Kd 3, f: 1, 2, 8, 12

*Familie 91b:*

Kv: 3, 5  
 Km: 1, 2, W17  
 Kd 1, m: 1, 5, W17  
 Kd 2, f: 1, 5, W17

*Familie 92:*

Kv: 7  
 Km: 10, 12  
 Kd 1, f: 10, 7, 12  
 Kd 2, m: 10, 7, 12  
 Kd 3, f: 10, 7, 12

*Familie 94:*

Kv: 2, 8, 12  
 Km: 2, 9, W10, W27  
 Kd 1, m: 2, 8, W27

*Familie 96:*

Kv: 1, 3, 8, W27  
 Km: 3, W15  
 Kd 1, f: 3, W15, W27

*Familie 98:*

Kv: 28, 12  
 Km: 2, W17  
 Kd 1, f: 2, 28, 12, W17

*Familie 100:*

Kv: 1, 2, 8, 12  
 Km: 2, W5, W15  
 Kd 1, m: 2, 12, W5

*Familie 102:*

Kv: 1, 2, 7, W17  
 Km: 2, 12, W5  
 Kd 1, f: 2, 7, W5

*Familie 103:*

Kv: 1, 11, 5, 8  
 Km: 2, 3, 5, 7  
 Kd 1, m: 2, 11, 5  
 Kd 2, m: 1, 2, 5, 8

*Familie 105:*

Kv: 2, W19, 7  
 Km: 2, 11  
 Kd 1, m: 2, 7  
 Kd 2, f: 2, 7

*Familie 106b:*

Kv: 2, 9, 5, 7  
 Km: 9, W14  
 Kd 1, f: 2, 9, 7, W14

*Familie 107:*

Kv: 1, 3, 8, 12  
 Km: 10, 11, 5  
 Kd 1, f: 3, 10, 12  
 Kd 2, m: 3, 10, 12

*Familie 104:*

Kv: 2, 11, 5, W22  
 Km: 11, W19, 12, W27  
 Kd 1, f: 2, 11, 5, 12  
 Kd 2, m: 11, W19, W22, W27

*Familie 106a:*

Kv: 1, 9, 5, 12  
 Km: 2, 3, 7  
 Kd 1, m: 2, 9, 5, 7  
 Kd 2, f: 2, 9, 5, 7

*Familie 106c:*

Kv: 2, 5  
 Km: 2, 9, 5, 7  
 Kd 1, m: 2, 7

**Literatur**

- Albert, E. D., Mickey, M. R., Ting, A., Terasaki, P. I.: Deduction of 2140 HL-A haplotypes and segregation analysis in 535 families. *Transplant. Proc.* **V**, 215 (1973)
- Berg-Loonen, E. van den: Pers. Mitteilung 1973
- Bertrams, J., Thraenhardt, O., Luboldt, W., Kuwert, E.: Histokompatibilitäts(HL-A)-Antigene einer deutschen Population (im Druck). Pers. Mitteilung 1973
- a. Bodmer, J. G.: Joint Report. In: *Histocompatibility Testing 1972*, S. 641. Copenhagen: Munksgaard 1973
- Dausset, J., Colombani, J., Legrand, L., Lepage, V., Marcelli-Barge, A., Dehay, C.: Population and family studies in a French population with special reference to non HL-A antibodies. *Histocompatibility Testing 1972*, S. 107. Copenhagen: Munksgaard 1973
- Gurtler, H.: The HLA system in cases of disputed paternity; exclusions and positive evidences for paternity. 5. Int. Tag. Ges. forens. Blutgruppenkunde, Amsterdam, 14.—18. 10. 1973 (im Druck)
- Jeannet, M., Hässig, A., Bernheim, J.: Use of the HL-A antigen system in disputed paternity cases. *Vox Sang.* (Basel) **23**, 197 (1972)
- Jeannet, M.: Pers. Mitteilung 1973
- Jeannet, M.: The usefulness of the HL-A system for paternity investigations. 5. Int. Tag. Ges. forens. Blutgruppenkunde, Amsterdam, 14.—18. 10. 1973
- Kissmeyer-Nielsen, F.: Methods used in platelet and leukocyte immunology. *Progr. clin. Path.* **2**, 161 (1969)
- a. Kissmeyer-Nielsen, F., Lamm, L., Svejgaard, Thorsby, E.: White cell and plateled antigens. *Progress in Transfusion and Transplantation 1972*, p. 91. Published by the American Association of Blood Banks (1972)
- Mattiuz, P. L., Ihde, D., Piazza, A., Ceppellini, R., Bodmer, W. F.: New approaches to the population genetic and segregation analysis of the HL-A system. *Histocompatibility Testing*, S. 193. Copenhagen: Munksgaard 1970
- Mayr, W.: Die Genetik des HL-A-Systems. Populations- und Familienuntersuchungen, unter besonderer Berücksichtigung der Paternitätsserologie. *Humangenetik* **12**, 195 (1971)

12. Mayr, W. R.: Grundlagen zur Berechnung der Vaterschaftswahrscheinlichkeit im HL-A-System. *Z. Immun.-Forsch.* **144**, 18 (1972)
13. Mayr, W. R.: Ein dritter Locus mit serologisch nachweisbaren Merkmalen innerhalb des HL-A-Genkomplexes. 5. Tagung der Deutsch. Arbeitsgem. für Histokompatibilitätsfeststellung, Gießen, 5. 10. 1973. *Z. Immun.-Forsch.* (im Druck)
14. Mayr, W. R., Mayr, D.: Schwache Ausprägung des Merkmals HL-A 2 in einer deutschen Familie. *Z. Immun.-Forsch.* **144**, 404 (1972)
15. Menzel, G. R., Richter, K. V.: The distribution of the HL-A antigens and genes in a German population. *Tissue Antigens* **2**, 287 (1972)
16. Seidl, S., Spielmann, W.: Studies on gene-, phenotype- and haplotype frequencies in the Hessian population. *Z. Immun.-Forsch.* **144**, 421 (1973)
17. Seidl, S., Spielmann, W.: Experiences with the HL-A system in paternity cases. 5. Int. Tag. Ges. forens. Blutgruppenkunde, Amsterdam, 14.—18. 10. 1973
18. Speiser, P.: Isoimmunhämatologie der Erythrozyten. Symposium Frankfurt a. M., 13. 10. 1973
19. Speiser, P.: Das HL-A-System im Paternitätsprozeß mit Berücksichtigung des Beweiswertes. 5. Int. Tag. Ges. forens. Blutgruppenkunde, Amsterdam, 14.—18. 10. 1973
20. Spielmann, W., Seidl, S.: Zur Reproduzierbarkeit von HL-A-Bestimmungen unter besonderer Berücksichtigung von HL-A 2. 5. Tag. Deutsch. Arbeitsgem. für Histokompatibilitätsfeststellung, Gießen, 5. 10. 1973. *Z. Immun.-Forsch.* (im Druck)
21. Svegaard, A., Hauge, M., Kissmeyer-Nielsen, F., Thorsby, E.: HL-A haplotype frequencies in Denmark and Norway. *Tissue Antigens* **1**, 184 (1971)
22. Terasaki, P. I., McClelland, J. D.: Microdroplet assay of human serum cytotoxins. *Nature (Lond.)* **204**, 998 (1964)

Prof. Dr. W. Spielmann  
Prof. Dr. S. Seidl  
Blutspendedienst Hessen  
D-6000 Frankfurt a. M. 73  
Postfach 730367  
Sandhofstraße 1  
Bundesrepublik Deutschland