

## **Programmsystem zur Abstammungsbegutachtung und Berechnung der Plausibilität für Vaterschaft mit Hilfe der Information serologischer Befunde**

### **I. Mitteilung: Programmbeschreibung**

Max P. Baur<sup>1</sup> und Christian Rittner<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Inst. für Med. Statistik, Dokumentation und Datenverarbeitung der Univ. Bonn  
Venusberg, D-5300 Bonn

<sup>2</sup> Inst. für Gerichtl. Medizin der Univ. Bonn, Stiftsplatz 12, D-5300 Bonn

#### **Program for the Computation of Plausibilities of Paternity by Means of Serological Findings**

##### **I. Description of Program**

**Summary.** A computer program for the computation of the plausibility of paternity is presented. This program gives detailed information on the genotypical possibilities for a given phenotypical constellation.

**Zusammenfassung.** Ein Programmsystem zur Abstammungsbegutachtung wird vorgestellt. Dieses Programm berechnet die Vaterschaftsplaussibilität nach Essen-Möller (7) und liefert Information über die genotypisch nicht eindeutigen Möglichkeiten bei vorgegebener phänotypischer Konstellation.

**Key words.** Vaterschaftsgutachten, Programmsystem zur Abstammungsbegutachtung – Vaterschaftsplaussibilität, Genotyp, genotypische W-Werte.

Mit dieser Arbeit soll eine Möglichkeit gezeigt werden, die theoretischen Betrachtungen über den Zusammenhang zwischen genotypischen und phänotypischen Vaterschaftsplaussibilitäten [2] für den Gutachter nutzbar zu machen und den biostatistischen Teil eines Vaterschaftsgutachtens einerseits rationell, andererseits unter Ausnutzung des größtmöglichen Informationsgehaltes bei guter Übersichtlichkeit zu bearbeiten. Zu diesem Zweck wurde ein Programmsystem entwickelt, das ausführliche Informationen über den genotypischen Hintergrund einer phänotypischen Kombination von Kind, Mutter und Putativvater gibt. Die numerische Berechnung für die Vaterschaftsplaussibilität basiert vollständig auf der Methode von Essen-Möller [7], dessen Bayesscher Ansatz in der Paternitätsbegutachtung allgemein bekannt ist [10, 15, 19]. Diese Methode ist jedoch nicht nur auf die Phänotypen, sondern auf alle möglichen Genotypen anwendbar, wodurch der Gutachter mehr Information über die

genetische Situation erhält. In Fortsetzung der allgemein gültigen und theoretischen Formulierungen von Baur [2] soll in dieser Arbeit an Hand eines einfachen Beispiels, das schon in einem Vortrag Verwendung fand [3], die Arbeitsweise des Programms dargestellt und die Interpretation der Ergebnisse veranschaulicht werden.

Es sei folgender Fall gegeben, bei dem um der Verständlichkeit Willen nur die Ergebnisse aus dem ABO System genannt sind:

Kind	Mutter	P-Vater
B	A1B	B

Nimmt man nun die von Hummel (11) angegebenen Genfrequenzen

$$\begin{aligned} f(A1) &= 0,2274 & f(A2) &= 0,0580 \\ f(B) &= 0,0789 & f(O) &= 0,6357 \end{aligned}$$

als Grundlage für die Berechnung von X, Y, und W, so erhält man

$$\begin{aligned} X &= \frac{f(A1)f(B)f(O)f(B) + f(A1)f(B)f(B) [f(O)+f(B)]}{f(A1)f(B) [f(O)+f(B)]} \\ &= \frac{f(B)^2 + 2f(B)f(O)}{f(O) + f(B)} \end{aligned}$$

$$Y = f(B)^2 + 2f(B)f(O)$$

und folglich ist

$$\frac{Y}{X} = f(O) + f(B) = 0,7164$$

oder man entnimmt unmittelbar aus den Tabellen (11)

$$\log Y/X + 10 = 9,8541$$

und beides liefert die gesuchte Vaterschaftsplausibilität

$$W = 0,5832$$

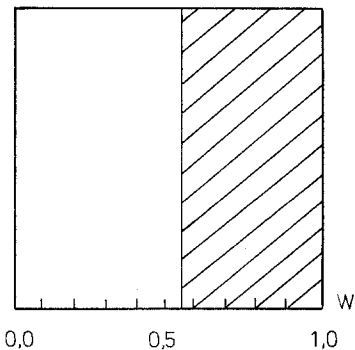


Abb. 1. Graphische Darstellung der Vaterschaftsplausibilität

Dieses Ergebnis läßt sich graphisch veranschaulichen (Abb. 1), indem ein Einheitsquadrat, auf dessen unterer Kante die W-Werte von 0,0 bis 1,0 abgetragen sind, bei  $W = 0,5832$  vertikal unterteilt wird. Die linke weiße Fläche des Quadrats ist dann ein

Maß für den Anteil richtiger Entscheidungen, die rechte schraffierte Fläche ein Maß für den Anteil falscher Entscheidungen bei Entscheidung für Vaterschaft.

An diesem bisher üblichen Vorgehen ist nicht auszusetzen, solange man die Voraussetzungen des Essen-Möller Verfahrens akzeptiert, und es ließe sich auch nichts hinzufügen, wenn nicht zur Begutachtung auch Systeme „unvollständiger Verwendbarkeit“ [9] verwendet würden – wie z. B. das ABO System – deren Phänotypen mehrere genotypische Möglichkeiten enthalten. Betrachtet man nämlich das gewählte Beispiel, so sieht man, daß hierbei folgende Genotypen möglich sind:

	Kind	Mutter	P-Vater
Phän.	B	A1B	B
Gen.	1) B/B 2) B/O	1) A1/B	1) B/B 2) B/O

Aufgabe des Programms ist es nun, diese unterschiedlichen Möglichkeiten in allen Systemen zu erkennen, zu untersuchen und zu interpretieren, um dem Gutachter weiterführende Hinweise zu geben. Der erste Schritt des Programms besteht deshalb auch darin, für die gegebene phänotypische Kind-Mutter Dublette und den Phänotyp des Putativvaters alle genotypischen Möglichkeiten zu bestimmen, wie Abb. 2. zeigt.

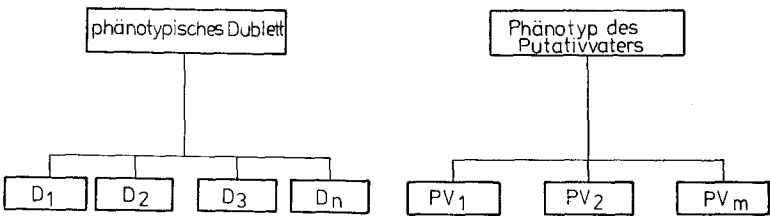


Abb. 2. Zerlegung der genotypischen Möglichkeiten (aus Rittner [15] S. 1283)

Kombiniert man nun jede der genotypischen Kind-Mutter Dubletten mit jedem Genotyp des Putativvaters, so erhält man für das spezielle Beispiel die folgenden vier unterschiedlichen Kombinationsmöglichkeiten, die alle in der gegebenen phänotypischen Konstellation enthalten sein können:

	Kind	Mutter	P-Vater
1)	B/B	A1/B	B/B
2)	B/B	A1/B	B/O
3)	B/O	A1/B	B/B
4)	B/O	A1/B	B/O

Hat man die Aufgliederung des phänotypischen Falles in alle genotypischen Konstellationen durchgeführt, stellt sich die Frage nach den prozentualen Anteilen bzw. Wahrscheinlichkeiten der einzelnen Genotypenkostellationen und man erhält mit Hilfe der Formel [6] aus Baur [2]

	Kind	Mutter	P-Vater	Anteil am Phänotyp (%)
1)	B/B	A1/B	B/B	3,7
2)	B/B	A1/B	B/O	31,8
3)	B/O	A1/B	B/B	2,2
4)	B/O	A1/B	B/O	62,3

Wählt man zur graphischen Veranschaulichung wieder das schon benutzte Einheitsquadrat und versieht dessen linke Seite mit einem prozentualen Maßstab, so bedeutet die Aufgliederung des Falles in die genotypisch möglichen Konstellationen eine Unterteilung der Fläche in waagerechte Streifen, wobei jeder Streifen einer Genotypenkostellation und die Breite dieses Streifens dem prozentualen Anteil dieser Kombination entspricht (siehe Abb. 3).

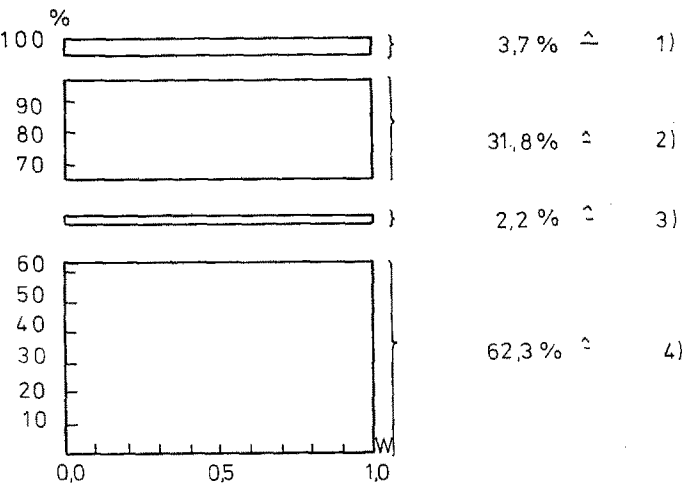


Abb. 3. Aufteilung der Fläche entsprechend den Anteilen der Genotypen-Konstellationen

Der nächste Schritt der genotypischen Betrachtungsweise besteht jetzt darin, für jede der möglichen Konstellationen die genotypische Vaterschaftsplausibilität zu berechnen, und man erhält für die vier verschiedenen Möglichkeiten des Beispiels die folgenden genotypischen W-Werte:

	Kind	Mutter	P-Vater	%	W <sub>g</sub>
1)	B/B	A1/B	B/B	3,7	0,9269
2)	B/B	A1/B	B/O	31,8	0,8637
3)	B/O	A1/B	B/B	2,2	0,0
4)	B/O	A1/B	B/O	62,3	0,4403

Diese genotypischen W-Werte werden nun wieder in die Graphik übertragen (siehe Abb.4) und der der ersten Genotypenkonstellation entsprechende Streifen bei 0,9269, der zweite Streifen bei 0,8637 unterteilt, der dritte Streifen wird völlig schraffiert, da er einer Ausschlußkonstellation und somit einem genotypischen W-Wert von 0,0 entspricht, und der vierte Streifen wird bei 0,4403 unterteilt.

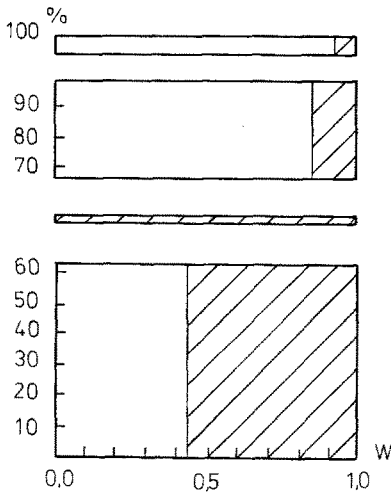


Abb. 4. Graphische Darstellung der unterschiedlichen genotypischen W-Werte

Schon an dieser Stelle der Betrachtung des speziellen Beispiels zeigt sich, wie sich der W-Wert der phänotypischen Betrachtung aus den einzelnen genotypischen Konstellationen und ihren zugehörigen genotypischen W-Werten zusammensetzt. In Abb. 1 entspricht die weiße Fläche F in ihrer Größe dem phänotypischen W-Wert ( $F = W \cdot 1,0 = 0,5832$ ). Addiert man die einzelnen weißen Flächen  $F_1 - F_4$  der genotypischen Graphik, so erhält man als Summe

$$\begin{aligned} F &= F_1 + F_2 + F_3 + F_4 \\ &= (3,7 \cdot 0,9269 + 31,8 \cdot 0,8637 + 2,2 \cdot 0,0 + 62,3 \cdot 0,4403) / 100 \\ &= 0,5833 \end{aligned}$$

Dieses Ergebnis ist bis auf eine durch Rundung entstandene Differenz identisch mit dem Ergebnis der phänotypischen Graphik, womit auch anschaulich gezeigt ist, wie sich der bisher allein berechnete phänotypische W-Wert aus den genotypischen Konstellationen, ihren genotypischen W-Werten und ihren Anteil zusammensetzt.

Ordnet man in der Graphik jetzt noch die bisher willkürlich angeordneten Genotypenkonstellationen und ihre zugehörigen Streifen in der aufsteigenden Reihenfolge ihrer genotypischen W-Werte und setzt diese Streifen in dieser neuen Ordnung wieder zum Einheitsquadrat zusammen, so ergibt sich folgende Treppenfunktion, bei der jede Treppenstufe einer Genotypenkonstellation und die Höhe der Stufe dem Anteil dieser Konstellation am phänotypischen Fall entspricht.

Diese Treppenfunktion entspricht der in Formel [7] Baur [2] angegebenen Verteilungsfunktion, für die allgemein der Zusammenhang zwischen der phänotypischen und genotypischen Betrachtungsweise bewiesen wurde. Die weiße Fläche in der Gra-

phik entspricht wieder dem phänotypischen W-Wert, zeigt aber jetzt, wie er sich aus den unterschiedlichen, darin enthaltenen genotypischen Möglichkeiten zusammensetzt, wie das für die schraffierte Fläche, die den Anteil falscher Entscheidungen veranschaulicht, ebenfalls zutrifft. Das Gesamtergebnis der genotypischen Betrachtungsweise unterscheidet sich also nicht von dem der bisher angewandten Methode – beide beruhen auf der gleichen Grundlage und müssen folglich zum gleichen Ergebnis kommen – jedoch zeigt sich der Charakter des phänotypischen W-Wertes als zusammenfassende Aussage über die genotypisch möglichen W-Werte.

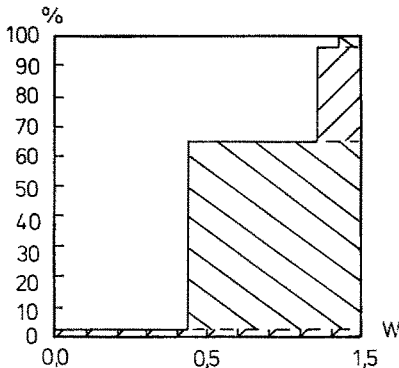


Abb. 5. Verteilungsfunktion der genotypischen W-Werte

Die nächste zusätzliche Information dieser Betrachtungsweise liefert die Standardabweichung  $s$  der genotypischen W-Werte. Diese Standardabweichung  $s$  ist gleich der Wurzel aus der Varianz  $s^2$ , dem mittleren quadratischen Abstand der genotypischen W-Werte von ihrem „Mittelwert“, dem phänotypischen W-Wert. Dieser Wert  $s$  ist ein Maß dafür, ob die einzelnen genotypischen W-Werte sehr stark um den phänotypischen W-Wert streuen, oder dicht bei ihm liegen. Im ersten Fall wäre bei möglicher Bestimmung der Genotypen durch erweiterte Familienuntersuchung eine vom ursprünglichen W-Wert stark abweichende Vaterschaftsplausibilität zu erwarten, während im zweiten Fall keine große Veränderung wahrscheinlich wäre. Für das spezielle Beispiel ergibt sich:

$$s^2 = (0,9269 - 0,5832)^2 \cdot 3,7/100 + (0,8637 - 0,5832)^2 \cdot 31,8/100 \\ + (0,0 - 0,5832)^2 \cdot 2,2/100 + (0,4403 - 0,5832)^2 \cdot 62,3/100$$

$$s^2 = 0,0495 \quad s = 0,2224$$

Als letzte zusätzliche Information liefert die Graphik dem Gutachter die Information, wie groß der Anteil genotypisch möglicher, aber phänotypisch nicht erkennbarer Ausschlüsse ist. Für den vorgegebenen Beispielfall liest man an der Graphik bei  $W = 0,0$  einen Anstieg der Kurve von 0,0% auf 2,2% ab. Dies bedeutet, daß die Wahrscheinlichkeit für einen verdeckten Ausschluß 2,2% ist.

Abschließend seien in Abb. 6 die Ergebnisse aus der phänotypischen und genotypischen Betrachtung zum Vergleich der Aussagen und Informationsgehalte zusammenfassend gegenübergestellt.

Phänotypische Betrachtung			Genotypische Betrachtung				
K	M	Pv	K	M	Pv	%	Wg
B	A1B	B	1) B / B	A 1/B	B/B	3,7	0,9269
$\frac{y}{x}$	= 0,7146		2) B / B	A 1/B	B/0	31,8	0,8637
			3) B / 0	A 1/B	B/B	2,2	0,0
			4) B / 0	A 1/B	B/0	62,3	0,4403
$\lg \frac{y}{x} + 10 = 9,8541$							

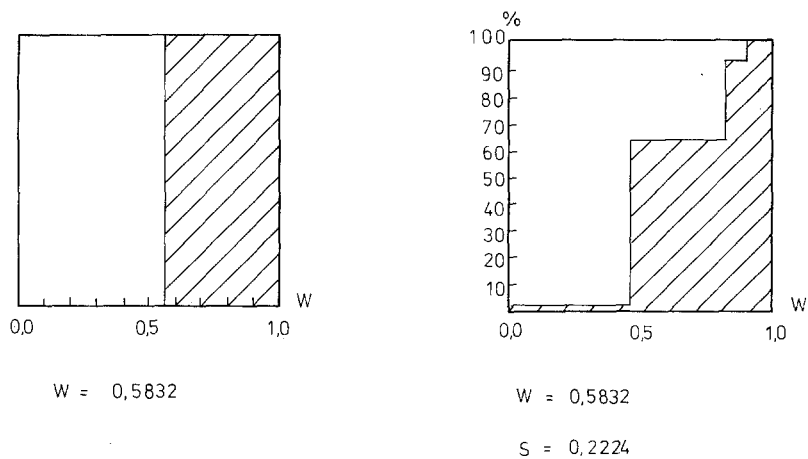


Abb. 6. Zusammenfassung der genotypischen und phänotypischen Betrachtungsweise

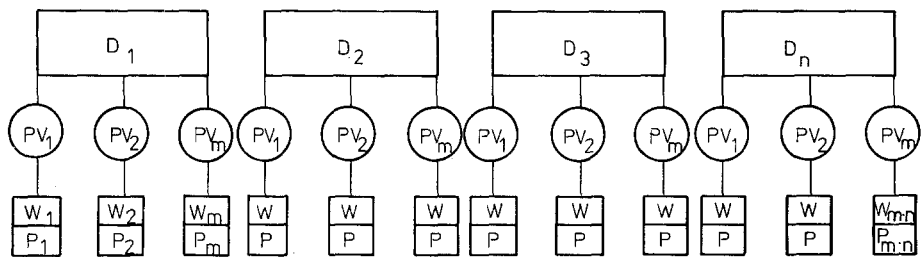


Abb. 7. Arbeitsschema des Programms (aus Rittner [15] S. 1284)

Nachdem nun an Hand des Beispiels die genotypische Betrachtungsweise näher erläutert wurde, soll im folgenden auf das Programm, das diese Betrachtung durchführt, und seine Möglichkeiten eingegangen werden.

Wie schon in Abb. 2 gezeigt, besteht die Hauptaufgabe in der Bestimmung der genotypisch möglichen Kind-Mutter Dubletten  $D_1 - D_n$  und der möglichen Genotypen  $PV_1 - PV_m$  des Putativvaters, der Aufstellung aller möglichen Kombinationen und der Berechnung der genotypischen Werte  $X, Y, W$  und  $P$  für jede Kombination (Abb.7).

An Hand dieser Werte läßt sich dann die Graphik erstellen und der phänotypische  $W$ -Wert und die Standardabweichung  $s$  bestimmen. Ausgangspunkt für diese Arbeiten sind die auf Datenkarten abgelochten Ergebnisse der serologischen Untersuchungen. Bisher sind die Systeme ABO, MNSs, Rh, K, Fy(a,b), Jk(a,b), Hp, Gc, PGM<sub>1</sub>, AK, ADA, Lu(a,b), Inv(1), Ag(x), P, Sese, acP, Gm(1,2), GPT, C<sub>3</sub>, ESD, 6-PGD und HLA implementiert, jedoch können weitere Systeme leicht hinzugefügt werden. Da für die Berechnung von Vaterschaftsplausibilitäten mit Hilfe des HLA Systems keine Tabellen vorliegen, dieses System wegen seiner großen Diskriminationsfähigkeit aber immer wichtiger wird, soll der im Programm enthaltene Algorithmus für das HLA System, der auf der Arbeit von Mayr [13] beruht, in einer weiteren Arbeit ausführlich beschrieben werden [4].

Die Nomenklatur für die Eingabe und Ausgabe richtet sich so weit wie möglich nach der in Fachbüchern üblichen Schreibweise. Da die Ein- und Ausgabe der meisten Rechner aber noch auf reine Großschreibung ausgelegt ist, wurde für mögliche Zweifelsfälle die allgemeine Konvention eingeführt, einen kleinen Buchstaben durch einen folgenden Stern zu kennzeichnen. So erscheint z.B. der Phänotyp Ms als MS\* oder der Phänotyp CcDEe als CC\*DEE\*. Die den Berechnungen zu Grunde liegenden Genfrequenzen wurden bis auf die Systeme Rh [6], C<sub>3</sub> [17], Fy [14], GPT [15], ESD [15] und HLA [1] aus den Tabellen [11] entnommen. Als a-priori Wahrscheinlichkeit für Vaterschaft wird standardmäßig  $P(V) = 0,5$  gesetzt. Es besteht die Möglichkeit, die Genfrequenzen und die a-priori Wahrscheinlichkeit beliebig zu verändern.

Der Output des Programms läßt sich in ein analytisches und ein numerisches Gebiet unterteilen. Im ersten, dem analytischen Teil, wird mit der Auflistung der eingegebenen Daten, die nur aus den serologischen Befunden für das Kind, die Mutter und den Putativvater bestehen, begonnen. Hierbei kommt es bei nicht plausiblen Daten zu einem Fehlerkommentar, bei Mutter-Kind-Unverträglichkeit oder direktem Ausschluß zur Meldung der Systeme, in denen die Unverträglichkeit oder der Ausschluß festgestellt wurden, und die Bearbeitung dieses Falles ist beendet. Bei plausiblen Daten, die keinen direkten Ausschluß beinhalten, liefert der analytische Teil als letztes eine Auflistung der genotypisch möglichen, aber phänotypisch nicht erkennbaren Ausschlüsse in den einzelnen Systemen und damit Hinweise, ob erweiterte Familienuntersuchung sinnvoll ist. Abb. 8 zeigt diesen Teil für den Beispielfall mit der darin enthaltenen genotypischen Ausschlußkonstellation, gefolgt von der Liste der numerischen Ergebnisse. Diese Liste liefert die Werte  $X$  und  $Y$ , die Ausschlußchance  $P(AUS)$  der gegebenen Kind-Mutter Dublette, den Quotienten  $Y/X$  und die Vaterschaftsplausibilität  $W$  bei gegebener a-priori Wahrscheinlichkeit ( $Q=0,5$ ). Als nächstes folgt die Auflistung der genotypischen Möglichkeiten mit der Angabe der jeweiligen Werte  $X, Y, Y/X, W$  und dem prozentualen Anteil  $P$  in der letzten Spalte.

Abb. 9 ist die vom Programm erstellte Graphik der Verteilung der genotypischen  $W$ -Werte, die durch die weiße und schraffierte Fläche die Anteile von richtigen und falschen Entscheidungen verdeutlicht. Als letztes liefert der Output die Angabe der Vaterschaftsplausibilität  $W$  und der Standardabweichung  $s$ , wie Abb. 10 zeigt.



AUS DEM  
INSTITUT FÜR MEDIZINISCHE STATISTIK, DOKUMENTATION UND DATENVERARBEITUNG  
UND DEM  
INSTITUT FÜR GERICHTLICHE MEDIZIN  
DER RHEINISCHEN FRIEDRICH-WILHELMS-UNIVERSITÄT BONN

BIOSTATISTISCHE ABSTAMMUNGSBEGUTACHTUNG NACH DER METHODE VON  
E S S E N – M O E L L E R

PROGRAMM VON M A X P. B A U R (AUGUST 1975)

BEISPIEL ZUR VERANSCHAULICHUNG DER GENOTYPISCHEN BETRACHTUNGSWEISE

BEI DER      K I N D      M U T T E R      P U T A T I V V A T E R      K O N S T E L L A T I O N  
                 B                   A1B                   B

HANDELT ES SICH IM A B O      S Y S T E M U M  
DEN FOLGENDEN MÖGLICHEN AUSSCHLUSS

                 K I N D                   M U T T E R                   P U T A T I V V A T E R  
1)              B/O                   A1/B                   B/B

SYSTEM	K	M	P	X	Y	P(AUS)		Y/X	W(P) (Q=0.50)	
A B O	B	A1B	B	0.14909	0.10654	0.0		0.7146	0.5832266	
GENOTYPEN	K	M	P	X	Y	PROD X	PROD Y	Y/X	W(G) (Q=0.50)	%
	B/B	A1/B	B/B	0.07890	0.00623	0.79E-01	0.62E-02	0.0789	0.9268699	3.68
	B/B	A1/B	B/O	0.63570	0.10031	0.64E 00	0.10E 00	0.1578	0.8637071	31.79
	B/O	A1/B	B/B	0.0	0.00623	0.0	0.62E-02	*****	0.0	2.17
	B/O	A1/b	B/O	0.07890	0.10031	0.79E-01	0.10E 00	1.2714	0.4402574	62.37

Abb. 8. Output des Programms für den Beispielfall

Abschließend soll noch an Hand des Bonner Gutachtenfalles BG 909/73 [16] gezeigt werden, wie die Ergebnisse eines echten Falles, bei dem viele Systeme getestet wurden, aussehen. Der Output (Abb. 11 – Abb. 13) liefert zunächst wieder die Auflistung der serologischen Daten und weist auf die genotypisch möglichen Ausschlußkombinationen in den Systemen ABO, Rh, Duffy und P hin. Aus der Liste der numerischen Ergebnisse (Abb. 12) ist zu ersehen, daß die Systeme MNSS, Rh, Hp und acP recht starke positive Hinweise liefern, da sie für sich betrachtet jeweils W-Werte über 0,60 ergeben. Dem steht der starke negative Hinweis im Duffy System gegenüber, wo es sich nur dann nicht um einen Ausschluß handelt, wenn der Beklagte ein stummes

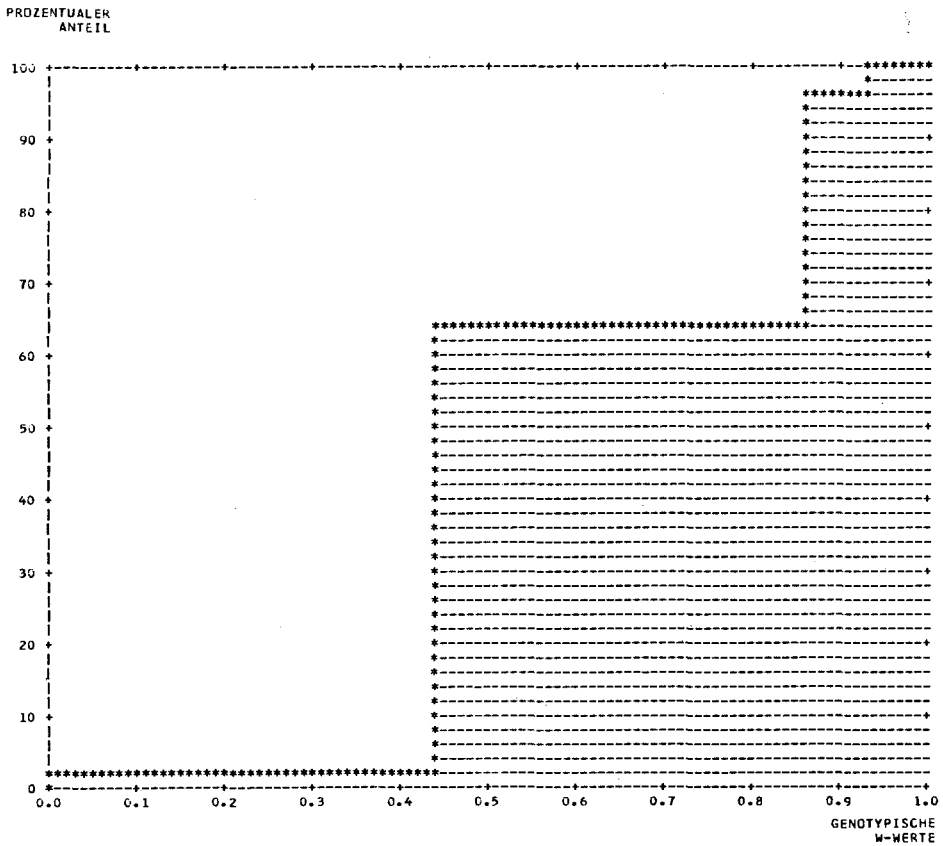


Abb. 9. Vom Programm erstellte Graphik der genotypischen Verteilungsfunktion

Allel besitzt und dieses an das Kind vererbt hat. Die Einzelausschlußchancen liegen nur in den Systemen MNSs und Rh über 0,50. Die genotypische Verteilungskurve zeigt, daß der Anteil der verdeckten Ausschüsse ungefähr 6% beträgt — die Kurve steigt bei 0,0 um 6% an — und daß, falls kein verdeckter Ausschluß vorliegt, der genotypische W-Wert über 0,99 liegt. Abb. 13 gibt die zusammenfassende Auskunft, daß die phänotypische Vaterschaftsplaussibilität  $W = 0,9310$  ist, daß die Standardabweichung mit  $s = 0,2520$  sehr hoch ist und daß die Gesamtausschlußchance  $A = 0,9521$  beträgt.

Die hohe Standardabweichung  $s$  und der große Anteil verdeckter Ausschüsse kommen offensichtlich durch die ungewöhnliche Situation im System Duffy zustande. Eine erweiterte Familienuntersuchung der Eltern des Beklagten ergab, daß die Mutter des Beklagten vom Typ  $Fy(a+b-)$  war, wodurch das stumme Allel praktisch gesichert war, und der Genotyp des Beklagten als



AUS DEM  
INSTITUT FÜR MEDIZINISCHE STATISTIK, DOKUMENTATION UND DATENVERARBEITUNG  
UND DEM  
INSTITUT FÜR GERICHTLICHE MEDIZIN  
DER RHEINISCHEN FRIEDRICH-WILHELMS-UNIVERSITÄT BÖNN

BIOSTATISTISCHE ABSTAMMUNGSBEURTEILUNG NACH DER METHODE VON E S S E N - M O E L L E R

PROGRAMM VON M A X P. B A U R (AUGUST 1975)  
BG 909/73

BEI DER	K I N D	M U T T E R	P U T A T I V V A T E R	K O N S T E L L A T I O N
	B	A1B	0	
	MNSS*	NS*	MSS*	
	C*DEE*	CC*DE*	C*DEE*	
	K-	K-	K-	
	FY(A+B-)	FY(A+B-)	FY(A+B+)	
	JK(A-B+)	JK(A+B+)	JK(A+B+)	
	HP 1-1	HP 1-1	HP 1-1	
	GC 2-1	GC 2-1	GC 2-1	
	PGM1 1-1	PGM1 2-1	PGM1 1-1	
	-	-	-	
	ADA 1-1	ADA 1-1	ADA 1-1	
	-	-	-	
	INV(-1)	INV(-1)	INV(-1)	
	AG(X-)	AG(X-)	AG(X-)	
	P+	P+	P+	
	-	-	-	
	P B	P B	P B	
	GM(-1,-2)	GM(-1,-2)	GM(-1,-2)	
	GPT 2-1	GPT 2-1	GPT 2-1	
	-	-	-	
	-	-	-	
	-	-	-	
	-	-	-	

HANDELT ES SICH IM A B C SYSTEM UM  
DEN FOLGENDEN MÖGLICHEN AUSSCHLUSS

	K I N D	M U T T E R	P U T A T I V V A T E R
1)	B/B	A1/B	0/0

HANDELT ES SICH IM R H SYSTEM UM  
DIE FOLGENDEN 7 MÖGLICHEN AUSSCHLÜSSE

	K I N D	M U T T E R	P U T A T I V V A T E R
1)	C*DE/C*DE*	CDE*/C*DE*	C*DE*/C*DE*
2)	C*DE/C*DE*	CD*E*/C*DE*	C*DE*/C*DE*
3)	C*DE*/C*DE*	CDE*/C*DE*	C*DE/C*DE*
4)	C*DE*/C*DE*	CDE*/C*DE*	C*DE/C*DE*
5)	C*DE*/C*DE*	CD*E*/C*DE*	C*DE/C*DE*
6)	C*DE*/C*DE*	CDE*/C*DE*	C*DE/C*DE*
7)	C*DE/C*DE*	CDE*/C*DE*	C*DE*/C*DE*

Abb. 11.

HANDELT ES SICH IM FY(A,B) SYSTEM UM  
DIE FOLGENDEN 6 MOEGLICHEN AUSSCHLUESSE

KIND	MUTTER	PUTATIVVATER
1) FY A/FY A	FY A/FY A	FY B/FY B
2) FY A/FY A	FY A/FY A	FY B/FY
3) FY A/FY A	FY A/FY	FY B/FY B
4) FY A/FY A	FY A/FY	FY B/FY
5) FY A/FY	FY A/FY A	FY B/FY B
6) FY A/FY	FY A/FY	FY B/FY B

HANDELT ES SICH IM P SYSTEM UM  
DEN FOLGENDEN MOEGLICHEN AUSSCHLUSS

KIND	MUTTER	PUTATIVVATER
1) P/NON P	P/P	P/P

SYSTEM	K	M	P	X	Y	P(AUS)	Y/X	W(P) (Q=0.50)
A B O	B	A1B	O	0.56551	0.40411	0.0	0.7146	0.5832265
M N S S*	MNSS*	NS*	MSS*	0.30120	0.15174	0.51459	0.5038	0.6649821
R H	C*DEE*	CC*DE*	C*DEE*	0.42753	0.12224	0.72452	0.2859	0.7776552
K E L L	K-	K-	K-	0.96073	0.92300	0.0	0.9607	0.5100141
FY(A,B)	FY(A+B-)	FY(A+B-)	FY(A+B+)	0.03441	0.33457	0.0	9.7229	0.0932584
JK(A,B)	JK(A+B-)	JK(A+B+)	JK(A+B+)	0.51420	0.49960	0.26440	0.9716	0.5072024
H P	HP 1-1	HP 1-1	HP 1-1	0.37650	0.14175	0.38875	0.3765	0.7264802
G C	GC 2-1	GC 2-1	GC 2-1	0.40539	0.40539	0.0	1.0000	0.4999999
P G M 1	PGM1 1-1	PGM1 2-1	PGM1 1-1	0.77200	0.59598	0.05198	0.7720	0.5643341
A D A	ADA 1-1	ADA 1-1	ADA 1-1	0.93400	0.87236	0.00436	0.9340	0.5170631
I N V (1)	INV(-1)	INV(-1)	INV(-1)	0.93480	0.87385	0.0	0.9348	0.5168493
A G (X)	AG(X-)	AG(X-)	AG(X-)	0.77650	0.60295	0.0	0.7765	0.5629047
P	P+	P+	P+	0.84092	0.80162	0.0	0.9533	0.5119623
A C P	P B	P B	P B	0.60610	0.36736	0.15516	0.6061	0.6226263
GM(1,2)	GM(-1,-2)	GM(-1,-2)	GM(-1,-2)	0.69900	0.48860	0.0	0.6990	0.5885816
G P T	GPT 2-1	GPT 2-1	GPT 2-1	0.49818	0.49624	0.00001	0.9961	0.5009768

Abb. 11. (Fortsetzung)

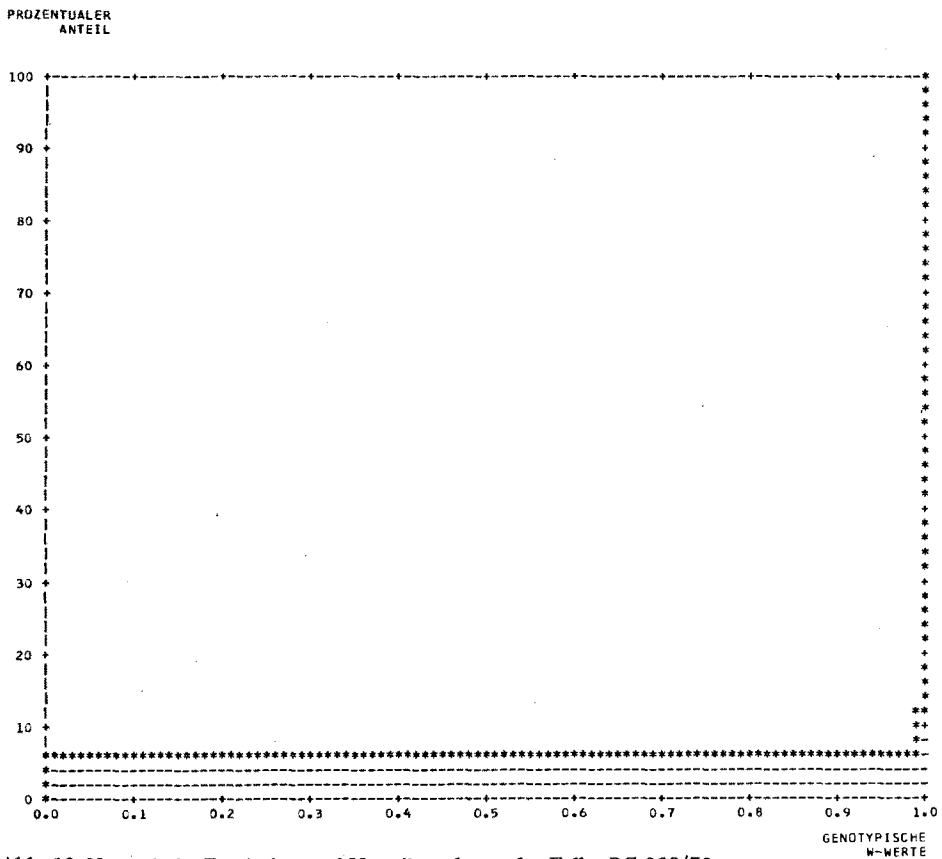


Abb. 12. Numerische Ergebnisse und Verteilungskurve des Falles BG 909/73

## Diskussion

Sinn des hier vorgelegten Programmes ist es, mit Hilfe der genotypischen Betrachtungsweise dem Gutachter und dem mit Abstammungsfragen befaßten Laien einen Eindruck darüber zu vermitteln, wie sich der phänotypische W-Wert eines betreffenden Falles zusammensetzt und dem Gutachter die Berechnung der Vaterschaftsplausibilität von Hand zu ersparen. In bestimmten Fällen (mit verdeckten Ausschlußmöglichkeiten oder niedriger „Aussagekraft“ der Mutter-Kind-Konstellation) liefert das Programm Hinweise auf weitere Untersuchungswege, z.B. erweiterte Familienuntersuchung. Es ermöglicht darüberhinaus vergleichende Berechnungen mit unterschiedlichen Genfrequenzen und a-priori Wahrscheinlichkeiten. Heide [8] verwendete das Programm für die Berechnungen mit unterschiedlichen Genfrequenzen aus Schleswig-Holstein.

Das Programm erlaubt nicht die Bearbeitung von Fällen mit Verwandtschaft zwischen Putativvater und Kindesmutter, dagegen lassen sich wie im Programm von Hummel, Ihm und Conradt [12] bei Vorliegen entsprechender Genfrequenzen W-Werte für Fremdstämmige berechnen. Weder die Programme von Hummel, Ihm

[illegible]

**Abb. 13. Gesamtergebnisse des Falles BG 909/73**

und Conradt [12] noch von Chastang [5] enthalten jedoch die genotypische Betrachtungsweise.

Das vorliegende Programm, geschrieben in der weitverbreiteten Programmiersprache FORTRAN IV, ist zur Zeit auf der Rechananlage IBM 370/168 des RHRZ Bonn

und auf der IBM 370/125 der Universitätskliniken Bonn implementiert. Die benötigte Rechenzeit hängt je nach Fall von der Anzahl der genotypisch möglichen Kombinationen ab und blieb in den meisten bisher gerechneten Fällen im Bereich von Sekunden. Der vom Benutzer selbst zu leistende Arbeitsaufwand besteht im Ablocken von je einer Datenkarte pro getestetes System und in der kritischen Analyse der gelieferten Ergebnisse.

Beispiele praktischer Berechnung sind Gegenstand einer weiteren Arbeit [17].

## Literatur

1. Albert, E.D.: Representative HLA Phenotype and Haplotype Frequencies of the German Population. Sixth Annual Meeting of the German Tissue Typing Laboratories, Essen 1974, Z. Immun. – Forsch. 148, 367-413 (1975)
2. Baur, M.P.: Die Beziehung zwischen genotypischen und phänotypischen Vaterschaftsplausibilitäten. Z. Rechtsmedizin 75, 279-284 (1974)
3. Baur, M.P., Rittner, Ch., Voigt, U., Oberhoffer, G.: Program for the Computation of Plausibilities of Paternity Including the HLA System. International Computer Workshop in Forensic Serology and Human Genetics, Bonn 1975, Vox Sang., im Druck
4. Baur, M. P., Rittner, Ch., Mayr, W. R.: Algorithm for the Computation of Plausibilities of Paternity in the HLA System. Z. Immun. Forsch. (im Druck)
5. Chastang, C.: Contribution à l'aide au diagnostic: Analyse d'un problème de parenté. Diss. 1973, Université de Clermont
6. Drews, J., Sachs, V.: Bestimmung der Frequenzen der Genkomplexe und Genkomplexkombinationen im Rh-Blutgruppen-System nach der Maximum-Likelihood-Methode unter besonderer Berücksichtigung des Merkmals C<sup>w</sup>. Z. Immun. – Forsch. 141, 69-84 (1970)
7. Essen-Möller, E.: Die Beweiskraft der Ähnlichkeit im Vaterschaftsnachweis; theoretische Grundlagen. Mitt. Anthropol. Ges. (Wien) 68, 9 (1938)
8. Heide, K. G.: Diskussionsbeitrag. International Computer Workshop in Forensic Serology and Human Genetics, Bonn 1975, Vox Sang. (im Druck)
9. Hirsfeld, L.: Probleme der Blutgruppenforschung. Jena: Fischer 1960
10. Hummel, K.: Die medizinische Vaterschaftsbegutachtung mit biostatistischem Beweis. Stuttgart: G. Fischer 1961
11. Hummel, K.: Biostatistische Abstammungsbegutachtung, Tabellenband I. Stuttgart: G. Fischer 1971
12. Hummel, K., Ihm, P., Conradt, J.: A Universal Program for the Computation of the Plausibility of the Biological Fatherhood and Other Relationships on the Basis of Blood Group Findings Including the HLA System with Native as well as Foreign People. International Computer Workshop in Forensic Serology and Human Genetics, Bonn 1975, Vox Sang., im Druck
13. Mayr, W. R.: Grundlagen zur Berechnung der Vaterschaftswahrscheinlichkeit im HLA System. Z. Immun. – Forsch. Bd. 144, 18-27 (1972)
14. Race, R.R., Sanger, R.: Blood Groups in Man, 5. Aufl. Oxford: Blackwell Scientific Publ. 1968
15. Rittner, Ch.: Forensische Serologie. In: B. Mueller, Gerichtliche Medizin, 2. Aufl. Berlin-Heidelberg-New York: Springer 1974
16. Rittner Ch.: Diskussionsbeitrag. 6. Internationale Tagung der Gesellschaft für forensische Blutgruppenkunde, Innsbruck 1975
17. Rittner, Ch., Baur, M.P.: Programmsystem zur Abstammungsbegutachtung und Berechnung der Plausibilität für Vaterschaft mit Hilfe der Information serologischer Befunde. II. Anwendungsbeispiele aus dem Bonner Gutachtenmaterial. Z. Rechtsmedizin 78, 245-254 (1976)
18. Rittner, Ch., Rittner, B.: Report 1973/1974 of the Reference Laboratory for the Polymorphism of the Third Component (C3) of the Human Complement System. Vox Sang. 27, 464-472 (1974)
19. Zimmermann, W.: Forensische Blutgruppenkunde. Berlin-New York: Walter de Gruyter 1975

Eingegangen am 31. März 1976