

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

### **II. Demonstration of Examples**

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

<sup>1</sup> Institut für gerichtl. Medizin der Univ. Bonn, Stiftsplatz 12, D–5300 Bonn

<sup>2</sup> Inst. für Med. Statistik, Dokumentation und Datenverarbeitung der Univ. Bonn  
Venusberg, D–5300 Bonn

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

### **II. Demonstration of Examples**

**Summary.** By demonstrating three actual cases of disputed paternity the validity of the computer program described in the first part of this paper is shown, namely: the information with respect to possible unrecognized exclusions pointing to chances of extended family studies; the standard deviation and distribution curve giving an actual survey of statistical parameters of a given case of disputed paternity.

**Zusammenfassung.** Anhand von drei aktuellen Beispielen der Begutachtung wird die Leistungsfähigkeit des im ersten Teil der Arbeit beschriebenen Computer – Programmes nach ESSEN–MÖLLER veranschaulicht. Von besonderem Wert ist der Ausdruck der möglichen (verdeckten) Ausschlüsse, Standardabweichung des  $W$  – Wertes und die Verteilungsgraphik der genotypischen  $W$  – Werte.

**Key words.** Vaterschaftsgutachten, Programmsystem zum Abstammungsbegutachtung – Vaterschaftsplausibilität, mögliche Ausschlüsse.

Nachdem im ersten Teil der Arbeit [1] das Rechenprogramm mit seinen Möglichkeiten vorgestellt wurde, soll seine Leistungsfähigkeit nunmehr an drei ausgewählten Beispielen veranschaulicht werden.

Der analytische Teil erlaubt es dem Gutachter, die Dateneingabe anhand des Ausdruckes jederzeit zu kontrollieren. Mutter-Kind-Unverträglichkeit führt zu einem Kommentar, ein direkter Ausschluß zur Ausschlußfeststellung. Fehlerhafte, in der Mutter-Kind-Putativvater – Konstellation jedoch verträgliche Dateneingaben müssen direkt kontrolliert werden.

Der besondere Wert des analytischen Teils liegt in der Auflistung verdeckter Ausschlußmöglichkeiten in den Systemen mit dominant-rezessiver Vererbung. Wenn der erfahrene Gutachter auch viele Ausschlußmöglichkeiten auf den ersten Blick erkennen mag, dürften diese in einigen Systemen (z. B. im Rh- und HLA-System) weder nach der Vielzahl der einzelnen Möglichkeiten, noch vor allem nach deren Gesamt-Häufigkeit und Wertigkeit erfaßbar sein. Im numerischen Teil erlaubt die Auflistung der Ausschlußchancen  $P(\text{Aus})$ , der  $Y/X$  – Quotienten und der  $W$  – Werte in den einzelnen Systemen einen Überblick über das Maß der Väter/Nichtväter – Diskriminanz der betreffenden Mutter-Kind-Konstellation im Hinblick auf den vorgestellten Putativvater. Das Zustandekommen des phänotypischen  $W$  – Wertes wird schließlich in der Verteilungsfunktion der genotypischen  $W$  – Werte in einer Graphik veranschaulicht, für deren Streuung die Standardabweichung  $s$  ein Maß ist.

Diese Aussage sollen an drei ausgewählten Beispielen erläutert werden.

Tabelle 1. Beispiel Nr. 1 (8 Bg 1108/75): Liste der möglichen Ausschlüsse

HANDELT ES SICH IM		R H	SYSTEM UM	
DIE FOLGENDEN		8	MOEGLICHEN AUSSCHLUESSE	
KIND		MUTTER	PUTATIVVATER	
1)	CDE*/C*DE*	CDE*/C*D*E*	CDE*/C*D*E*	
2)	CDE*/C*DE*	CD*E*/C*DE*	CD*E*/C*DE*	
3)	CDE*/C*D*E*	CDE*/C*DE*	CDE*/C*DE*	
4)	CDE*/C*D*E*	CDE*/C*DE*	CD*E*/C*DE*	
5)	CDE*/C*D*E*	CDE*/C*D*E*	CD*E*/C*DE*	
6)	CD*E*/C*DE*	CDE*/C*DE*	CDE*/C*DE*	
7)	CD*E*/C*DE*	CDE*/C*DE*	CDE*/C*D*E*	
8)	CD*E*/C*DE*	CD*E*/C*DE*	CDE*/C*D*E*	

---

HANDELT ES SICH IM		A G (X)	SYSTEM UM	
DEN FOLGENDEN		MOEGLICHEN AUSSCHLUSS		
KIND		MUTTER	PUTATIVVATER	
1)	AG/AG	AGX/AG	AGX/AGX	

---

HANDELT ES SICH IM		P	SYSTEM UM	
DEN FOLGENDEN		MOEGLICHEN AUSSCHLUSS		
KIND		MUTTER	PUTATIVVATER	
1)	P/NON P	P/P	P/P	

---

HANDELT ES SICH IM GM(1,2) SYSTEM UM  
DIE FOLGENDEN 7 MOEGlichen AUSSCHLUESSE

	KIND	MUTTER	PUTATIVVATER
1)	GM1/GM1	GM1/GM1	GM1,2/GM1,2
2)	GM1/GM1	GM1/GM1	GM1,2/GM
3)	GM1/GM1	GM1/GM	GM1,2/GM1,2
4)	GM1/GM1	GM1/GM	GM1,2/GM
5)	GM1/GM	GM1/GM1	GM1/GM1,2
6)	GM1/GM	GM1/GM1	GM1,2/GM1,2
7)	GM1/GM	GM1/GM	GM1,2/GM1,2

HANDELT ES SICH IM H L - A SYSTEM UM  
DIE FOLGENDEN 3 MOEGlichen AUSSCHLUESSE

	KIND	MUTTER	PUTATIVVATER
1)	3, 7/ 11, 7	W30, 13/ 3, 7	11, 5/W30, 7
2)	3, 7/ 11, X2	W30, 13/ 3, 7	11, 5/W30, 7
3)	3, 7/ 11, X2	W30, 13/ 3, 7	11, 7/W30, 5

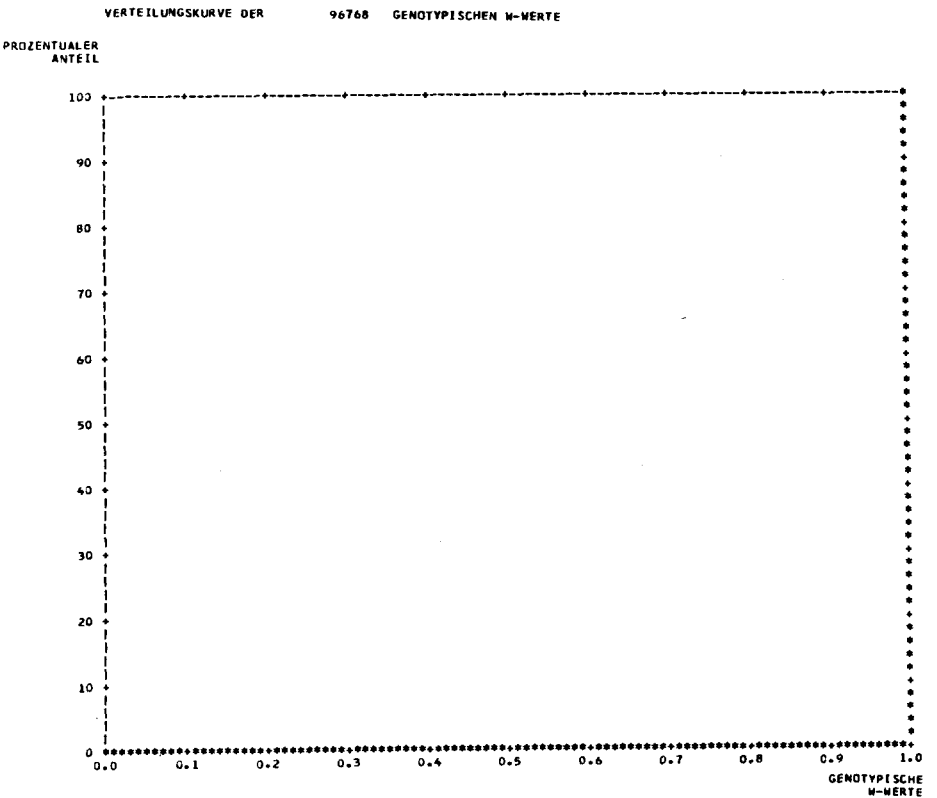


Abb. 1 Beispiel Nr. 1 (8 Bg 1108/75): Verteilungsfunktion der genotypischen W-Werte bei einem W = 99.99%

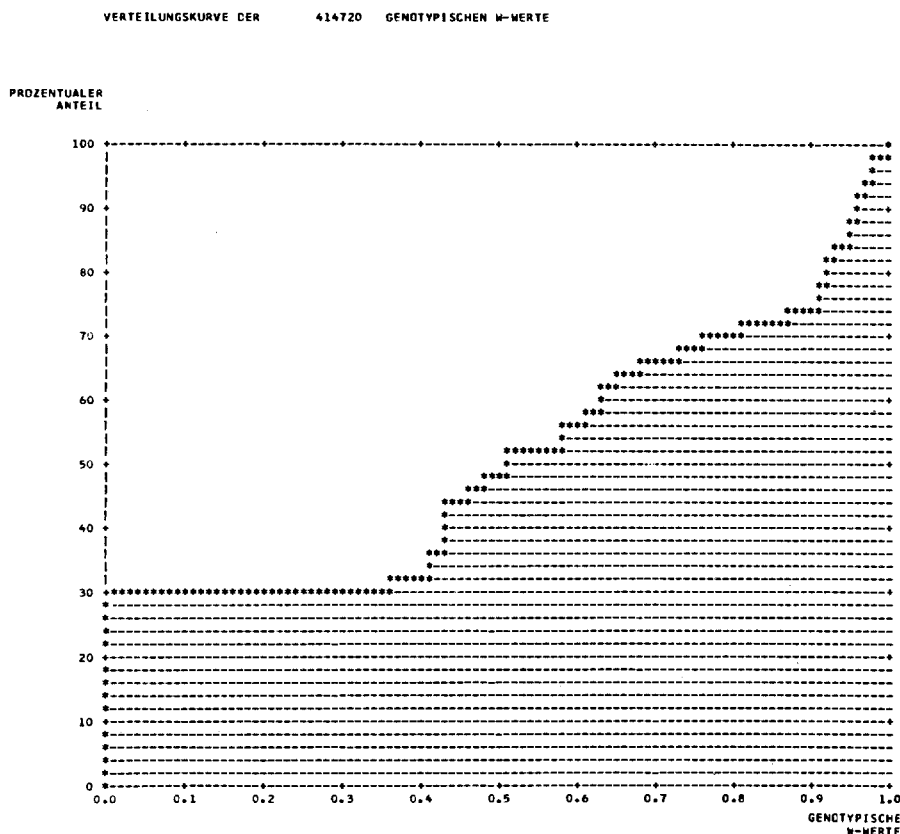
Tabelle 2. Beispiel Nr. 1 (8 Bg 1108/75): Liste der X- und Y-Werte, der Ausschlußchance (P(Aus)), des Quotienten Y/X und der W-Werte in den einzelnen Systemen

SYSTEM	X	M	P	X	Y	P(Aus)	Y/X	W(P) (0+0,50)
A B O	A1	O	A1	0,92111	0,16721	0,59691	0,3987	0,7149751
M N S S*	NS*	MNS*	MNS*	0,10120	0,27435	0,16920	0,7442	0,5733288
R H	CC*DE*	CC*DE*	CC*DE*	0,41096	0,33866	0,02232	0,8241	0,5482213
K E L L	K-	K-	K-	0,26373	0,12103	0,0	0,9607	0,5100141
FY(A,B)	FY(A+B+)	FY(A+B+)	FY(A+B+)	0,47650	0,46221	0,30090	0,9700	0,5076144
JK(A,B)	JK(A-B+)	JK(A-B+)	JK(A-B+)	0,48580	0,23600	0,26440	0,4858	0,6730383
H P	HP 2-2	HP 2-2	HP 2-2	0,62350	0,18875	0,14175	0,6235	0,6159531
G C	GC 2-2	GC 2-1	GC 2-2	0,28250	0,07981	0,51481	0,2825	0,7797270
P G M 1	PGM1 1-1	PGM1 1-1	PGM1 1-1	0,77200	0,59598	0,05198	0,7720	0,5643341
A K	AK 1-1	AK 1-1	AK 1-1	0,96480	0,93084	0,00124	0,9648	0,5089577
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)	1,00000	0,12615	0,87385	0,1261	0,8879821
A G (X)	AG(X-)	AG(X+)	AG(X+)	0,22350	0,39705	0,0	1,7765	0,3601658
P	P+	P+	P+	0,84092	0,80162	0,0	0,9533	0,5119623
A C P	P AB	P A	P AB	0,32920	0,39906	0,15516	1,2122	0,4520391
G M (1,2)	GM(1,-2)	GM(1,-2)	GM(1,2)	0,09790	0,18622	0,0	1,9021	0,3445783
G P T	GPT 2-2	GPT 2-1	GPT 2-2	0,49230	0,24226	0,25766	0,4921	0,6701958
C 3	C3 55	C3 55	C3 55	0,79800	0,63680	0,04080	0,7980	0,5561736
E S D	ESD 1-1	ESD 1-1	ESD 1-1	0,88970	0,79157	0,01217	0,8897	0,5291846
H L - A	3, 11, 7, -	3, W30, 7, 13	11, W30, 5, 7	0,00056	0,00003	0,95776	0,0597	0,9436339

Beispiel Nr. 1 (8 Bg 1108/75):

Es handelt sich um einen einfachen Ein-Mann-Fall, der mit einem Ausgangs-W-Wert von 99,4% zur HL-A-Begutachtung kam und somit zur Fallkategorie Nr. 1 des weiterführenden Blutgruppengutachtens gehörte [2,3]. Insgesamt wurden 20 Blutsysteme untersucht. Tabelle 1 zeigt jene Systeme, in denen mögliche Ausschlüsse verborgen sein können. Immerhin sind im Rh-System acht und im Gm-System sieben (wenn auch für den Gutachter erkennbar seltene) Ausschlußmöglichkeiten aufgelistet. Tabelle 2 zeigt die P(Aus)-, Y/X- und W-Werte in den einzelnen Systemen. Man erkennt auf einen Blick die positiv ins Gewicht fallenden W - Werte im ABO-, Gc- und HL-A-System sowie im Faktor Inv(1), wird jedoch auch auf die aus den verdeckten Ausschlußmöglichkeiten resultierenden negativen Hinweise im Gm-System und

im Faktor Ag(x) aufmerksam gemacht. Die Graphik (Abb. 1) zeigt nun zunächst, daß zwar in dem vorliegenden Fall 96768 genotypische Möglichkeiten enthalten sind, daß sie aber bis auf wenige extrem selten sein müssen, da der Gesamt-W-Wert 99,99% bei einer Standardabweichung von nur 1,14% und einer Gesamtausschlußchance von 99,98% beträgt und damit die verdeckten Ausschlußmöglichkeiten zu vernachlässigen sind.



**Abb. 2.** Beispiel Nr. 2 (8 Bg 315/73): Verteilungsfunktion der genotypischen W-Werte ohne Einschluß des HL-A-Systems bei einem phänotypischen W-Wert von 49,64%

### Beispiel Nr. 2 (8 Bg 315/73)

Hier ist ebenfalls in einem einfachen Ein-Mann-Fall der Ausgangs-W-Wert von 49,64% bei einer Standardabweichung von 36,85% trotz einer Ausschlußchance von 92% für den Gutachter völlig unbefriedigend. Die Graphik in Abb. 2 zeigt eine regelrechte Treppenfunktion der Verteilungskurve, die mit einer Ausgangsbelastung von ca. 30% verdeckten Ausschlüssen beginnt. Dieser Fall der Kategorie 3 des weiterführenden Blutgruppengutachtens mußte weiter untersucht werden. Tabelle 3 listet jene Systeme auf, die verdeckte Ausschlüsse enthalten können (insgesamt acht). Im HL-A-System sind es vier, im ABO-System neun und im Rh-System gar 22 mögliche und

Tabelle 3. Beispiel Nr. 2 (8 Bg 315/73): Systeme und Anzahl verdeckter Ausschlüsse

HANDELT ES SICH IM A B O SYSTEM UM			
DIE FOLGENDEN 9 MOEGLICHEN AUSSCHLUESSE			
KIND	MUTTER	PUTATIVVATER	
1)	A1/O	A1/O	A2/A2
2)	A1/O	A1/A1	A2/A2
3)	A1/O	A1/A2	A2/A2
4)	A1/A1	A1/O	A2/A2
5)	A1/A1	A1/O	A2/O
6)	A1/A1	A1/A1	A2/A2
7)	A1/A1	A1/A1	A2/C
8)	A1/A1	A1/A2	A2/A2
9)	A1/A1	A1/A2	A2/C

---

HANDELT ES SICH IM R H SYSTEM UM			
DIE FOLGENDEN 22 MOEGLICHEN AUSSCHLUESSE			
KIND	MUTTER	PUTATIVVATER	
1)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
2)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
3)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
4)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
5)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
6)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
7)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
8)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
9)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
10)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
11)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
12)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
13)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
14)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
15)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
16)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
17)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
18)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
19)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
20)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
21)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*
22)	CDE*/CDE	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*

---

HANDELT ES SICH IM FY(A,B) SYSTEM UM			
DIE FOLGENDEN MOEGLICHEN AUSSCHLUSSE			
KIND	MUTTER	PUTATIVVATER	
1)	FY A/FY	FY A/FY B	FY A/FY B

HANDELT ES SICH IM I N V (1) SYSTEM UM			
DIE FOLGENDEN MOEGLICHEN AUSSCHLUSSE			
KIND	MUTTER	PUTATIVVATER	
1)	INV/INV	INV/INV	INV 1/INV 1

---

HANDELT ES SICH IM A G (X) SYSTEM UM			
DIE FOLGENDEN MOEGLICHEN AUSSCHLUSSE			
KIND	MUTTER	PUTATIVVATER	
1)	AGX/AG	AGR/AGX	AGX/AGX

---

HANDELT ES SICH IM P SYSTEM UM			
DIE FOLGENDEN MOEGLICHEN AUSSCHLUSSE			
KIND	MUTTER	PUTATIVVATER	
1)	P/NDM P	P/P	P/P

---

HANDELT ES SICH IM GM(1,2) SYSTEM UM			
DIE FOLGENDEN 2 MOEGLICHEN AUSSCHLUESSE			
KIND	MUTTER	PUTATIVVATER	
1)	GM/GM	GM/GM	GM1/GM1,2
2)	GM/GM	GM/GM	GM1,2/GM1,2

---

HANDELT ES SICH IM H L - A SYSTEM UM			
DIE FOLGENDEN 4 MOEGLICHEN AUSSCHLUESSE			
KIND	MUTTER	PUTATIVVATER	
1)	9,W15/ 2,W15	1, 8/ 9,W15	2,W18/ X1,W15
2)	9,W15/ 2, 42	1, 8/ 9,W15	2,W15/ 2,W18
3)	9,W15/ 2, 42	1, 8/ 9,W15	2,W15/ X1,W18
4)	9,W15/ 2, 42	1, 8/ 9,W15	2,W18/ X1,W15

nicht so seltene Ausschlusskonstellationen. Deutliche negative W-Werte ergaben in diesem Fall der Faktor Inv(1) und das Gm-System. Die Einbeziehung des HL-A-Systems erbrachte nun keinen (direkten) Ausschluss, sondern ein  $W = 87,57\%$ . Entsprechend verändert sich die Verteilungsgraphik (s. Abb. 3): Die Gesamt-Häufigkeit möglicher Ausschlüsse sinkt auf 10%, die Verteilungskurve wird deutlich nach rechts zur Väterseite verschoben. Der W-Wert liegt nunmehr bei  $87,41\%$ ,  $s = 28,26\%$ ,  $P(\text{Aus}) = 98,35\%$ . In diesem Falle könnte eine erweiterte Familienuntersuchung mit guten Chancen für eine Aufklärung der Haplotypensituation im Rh- und im HL-A-System viel zur Überzeugungsbildung des Richters beitragen, wenn es deren noch bedarf.

### Beispiel Nr. 3 (8 Bg 582/74)

Auch in diesem nach der Aktenlage einfachen Ein-Mann-Fall gab der Ausgangs-W-Wert von  $73,74\%$  ( $s = 29,41\%$ ,  $P(\text{Aus}) = 84,11\%$ ) mit ca. 14% möglichen Ausschlüssen einen ernstzunehmenden Hinweis auf mögliche Nichtvaterschaft. Die zugehörige Verteilungsgraphik (s. Abb. 4) unterschied sich insofern von derjenigen des vorhergehenden Falles, als der Anstieg der Kurve erst bei ca. 75% begann, also im tatsächlichen Nicht-Ausschlussfalle recht hohe W-Werte zu erwarten waren. — Tabelle 4 gibt die

Tabelle 4. Beispiel Nr. 3 (8 Bg 582/74): Liste der möglichen Ausschlüsse

HANDELT ES SICH IM A B O SYSTEM UM				HANDELT ES SICH IM A G (X) SYSTEM UM			
DIE FOLGENDEN		2 MOEGLICHEN AUSSCHLUESSE		DIE FOLGENDEN		2 MOEGLICHEN AUSSCHLUESSE	
KIND		MUTTER	PUTATIVVATER	KIND		MUTTER	PUTATIVVATER
1)	O/O	A2/O	A1/A1	1)	AGX/AGX	AGX/AGX	AG/AG
2)	O/O	A2/O	A1/A2	2)	AGX/AGX	AGX/AG	AG/AG
HANDELT ES SICH IM R H SYSTEM UM				HANDELT ES SICH IM P SYSTEM UM			
DIE FOLGENDEN		MOEGLICHEN AUSSCHLUSS		DIE FOLGENDEN		MOEGLICHEN AUSSCHLUSS	
KIND		MUTTER	PUTATIVVATER	KIND		MUTTER	PUTATIVVATER
1)	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*	CDE*/CDE*	1)	P/NON P	P/P	P/P
HANDELT ES SICH IM K E L L SYSTEM UM				HANDELT ES SICH IM H L - A SYSTEM UM			
DIE FOLGENDEN		2 MOEGLICHEN AUSSCHLUESSE		DIE FOLGENDEN		11 MOEGLICHEN AUSSCHLUESSE	
KIND		MUTTER	PUTATIVVATER	KIND		MUTTER	PUTATIVVATER
1)	K/K	K/K	NON K/NON K	1)	W29, 12/W29, 8	1, 8/W29, 12	3, 8/ 3, W5
2)	K/K	K/NON K	NON K/NON K	2)	W29, 12/W29, 8	1, 8/W29, 12	3, 8/ X1, W5
				3)	W29, 12/W29, 8	1, 8/W29, 12	3, W5/ X1, 8
				4)	W29, 8/W29, 12	1, 12/W29, 8	3, 8/ 3, W5
				5)	W29, 8/W29, 12	1, 12/W29, 8	3, 8/ X1, W5
				6)	W29, 8/W29, 12	1, 12/W29, 8	3, W5/ X1, 8
				7)	W29, 8/ X1, 12	1, 12/W29, 8	3, 8/ 3, W5
				8)	W29, 8/ X1, 12	1, 12/W29, 8	3, 8/ X1, W5
				9)	W29, 8/ X1, 12	1, 12/W29, 8	3, W5/ X1, 8
				10)	W29, 12/ X1, 8	1, 8/W29, 12	3, 8/ 3, W5
				11)	W29, 12/ X1, 8	1, 8/W29, 12	3, 8/ X1, W5
HANDELT ES SICH IM F Y (A, B) SYSTEM UM							
DIE FOLGENDEN		MOEGLICHEN AUSSCHLUSS					
KIND		MUTTER	PUTATIVVATER				
1)	FY A/FY	FY A/FY B	FY A/FY B				
HANDELT ES SICH IM I N V (I) SYSTEM UM							
DIE FOLGENDEN		2 MOEGLICHEN AUSSCHLUESSE					
KIND		MUTTER	PUTATIVVATER				
1)	INV 1/INV 1	INV 1/INV 1	INV/INV				
2)	INV 1/INV 1	INV 1/INV	INV/INV				

Systeme und die Konstellationen möglicher Ausschlüsse wieder, wobei diejenigen des ABO-Systems am häufigsten sein dürften. Trotz des Zuwachses von weiteren elf möglichen Ausschlüssen brachte die Einbeziehung des HL-A-Systems eine entscheidende Änderung der gutachtlichen Situation: Trotz 12 x so viel genotypischer Möglichkeiten stieg nicht nur der W-Wert auf 97,72% ( $s = 14,88\%$ ,  $P(\text{Aus}) = 97,93\%$ ). Die Verteilungskurve (Abb. 5) macht außerdem auf einen Blick deutlich, daß der betreffende Mann, gehört er nicht zu den 1–3% auszuschließenden Männern, fast mit 100% Wahrscheinlichkeit als Vater des Kindes anzusehen sein dürfte. Diese Entscheidung kann die erweiterte Familienuntersuchung erbringen, die gerade im ABO- und im HL-A-System gute Aussichten hat.

(Ein besonders eindrucksvolles Beispiel zum Wert erweiterter Familienuntersuchung im Duffy-System hatten wir im ersten Teil dieser Arbeit vorgestellt [1]).

Alle hier gezeigten Beispiele wurden mit einer a-priori-Wahrscheinlichkeit von  $p(V) = 0.5$  gerechnet. Die Eingabe von  $p(V)$  ist jedoch im Hinblick auf die mögliche Verwendung sog. realistischer a-priori-Wahrscheinlichkeiten variabel gehalten, da z.B. im Material weiterführender Gutachten ein viel höheres  $p(V)$  zu erwarten ist, als im Material des Basisblutgruppentests.

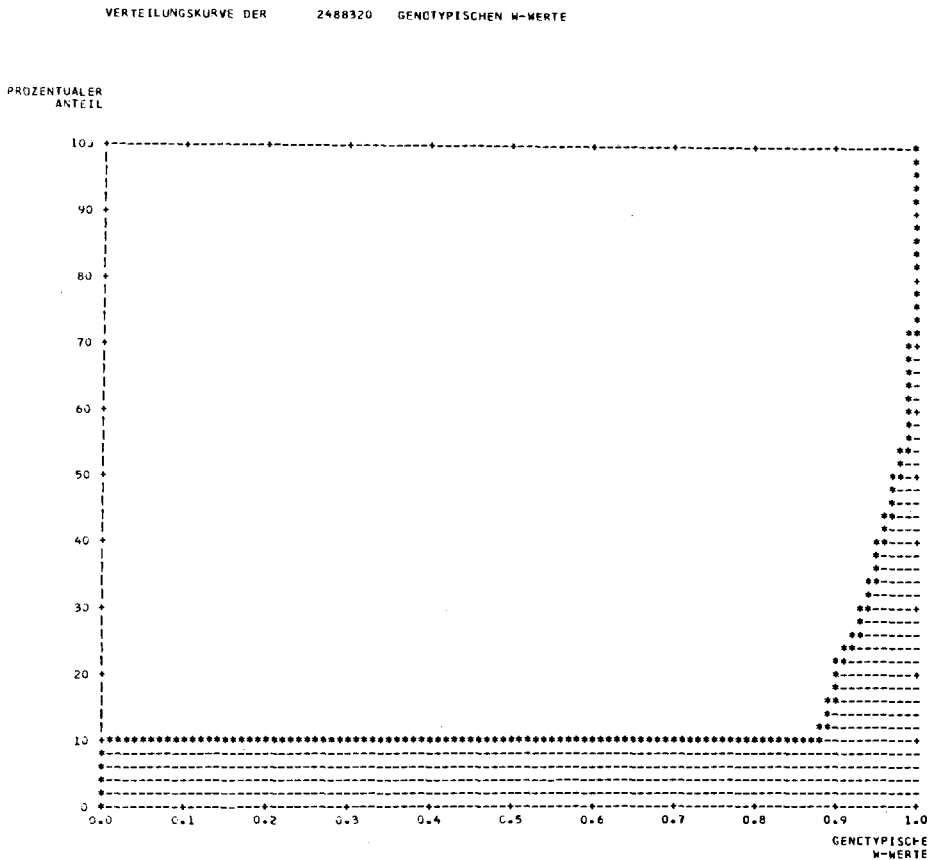


Abb. 3. Beispiel Nr. 2 (8 Bg 315/73): Verteilungsfunktion der genotypischen W-Werte nach Einbeziehung des HL-A-Systems bei einem phänotypischen W-Wert von 87,41%

## Diskussion

Mit den vorgestellten Beispielen sollte die Leistungsfähigkeit unseres Programmes zur Berechnung der Vaterschaftsplaussibilität nach ESSEN-MÖLLER veranschaulicht werden.

Zweifellos sieht jeder Gutachter seine Befunde zuerst auf direkte Ausschlüsse durch. Dieses Programm liefert jedoch eine neuartige und vertiefte Anschauung von der Wertigkeit verdeckter Ausschlußmöglichkeiten. Neuartig ist die Auflistung aller Möglichkeiten, die der Gutachter nur unter erheblichem Zeitaufwand selbst vornehmen kann. Er vermag jedoch nicht aus der Anzahl solcher Ausschlußmöglichkeiten auf ihre relative Häufigkeit und ihre Wertigkeit im betreffenden Fall zu schließen. Wir haben gezeigt, daß die Anzahl solcher Ausschlußmöglichkeiten in Beispiel 1 ohne Belang ist, in den Beispielen 2 und 3 jedoch gewichtige Hinweise auf weiterführende Begutachtungsmöglichkeiten liefern kann. So läßt sich rasch abschätzen, ob die Empfehlung erweiterter Familienuntersuchung, von manchem Gutachter zu Unrecht etwas vernach-



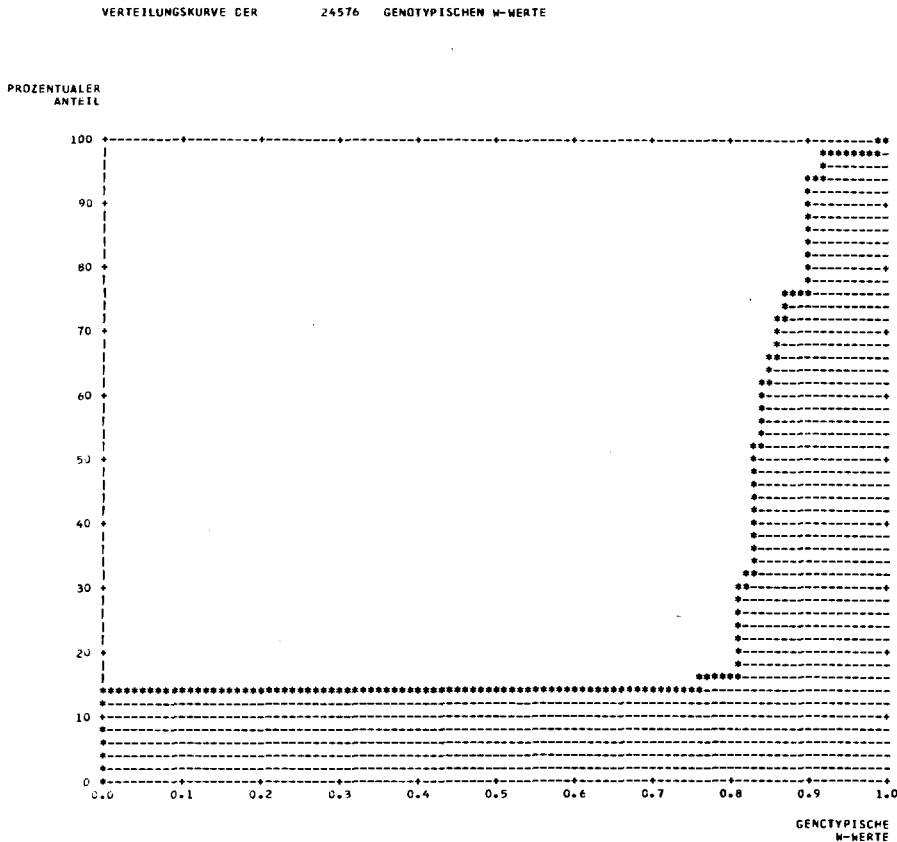


Abb. 4. Beispiel Nr. 3 (8 Bg 582/74): Verteilungsfunktion der genotypischen W-Werte ohne HL-A-System bei einem phänotypischen W-Wert von 73,74%

lässigt, notwendig oder nur wünschenswert und vor allem aussichtsreich ist. Die zentrale Leistung des Programmes liegt jedoch in der Veranschaulichung der genotypischen Möglichkeiten eines phänotypischen W-Wertes unter Angabe der Standardabweichung. Sie ist bekanntlich ein Maß für die Streuung der Einzelwerte um einen mittleren (hier: den phänotypischen) W-Wert. Sie ist hier aber vor allem ein Maß für die Aussichten erweiterter Familienuntersuchung, wie in Beispiel 3 überzeugend gezeigt werden kann: Besitzt der Putativvater keinen Ausschluß-Genotyp, so kann seine Vaterschaft als erwiesen gelten.

Zusammenfassend kann festgestellt werden:

1. Je niedriger der Gesamt-W-Wert, umso größer ist die aus dem vorgestellten Programm zu erwartende Information
2. Bei niedrigen W-Werten ist aus der Analyse der verdeckten Ausschlußmöglichkeiten ein Hinweis auf weitere Begutachtungschancen zu entnehmen.
3. Standardabweichung und Verteilungsfunktion der genotypischen W-Werte veranschaulichen den phänotypischen W-Wert im Hinblick auf die vorliegenden Mutter-Kind-Konstellation und mögliche W-Werte nicht ausschließbarer Putativväter.

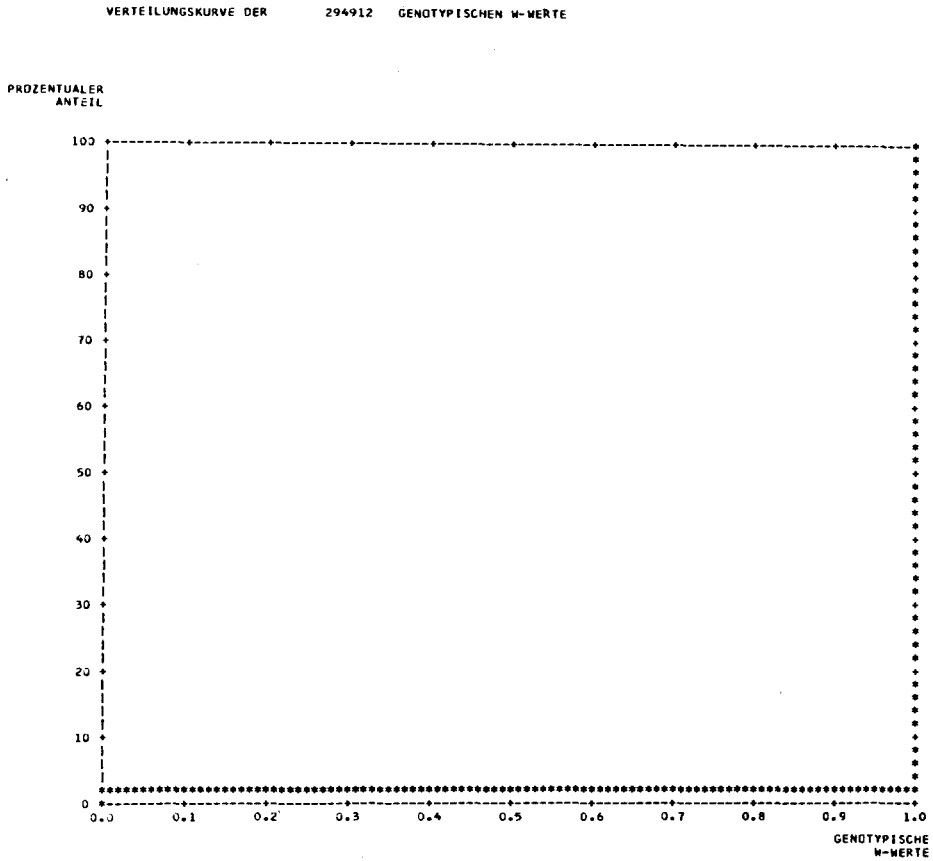


Abb. 5. Beispiel Nr. 3 (8 Bg 582/74): Verteilungsfunktion der genotypischen W-Werte nach Einschluß des HL-A-Systems bei einem phänotypischen W-Wert von 97,72%

## Literatur

1. Baur, M.P., Rittner, Ch.: Programmsystem zur Abstammungsbegutachtung und Berechnung der Plausibilität für Vaterschaft mit Hilfe der Information serologischer Befunde. I. Programmbeschreibung.
2. Rittner, Ch.: Möglichkeiten und Grenzen der derzeitigen Aussagekraft der HL-A-Systems im weiterführenden Blutgruppengutachten einschließlich der biostatistischen Beurteilung. DAVorm 138/1975.
3. Rittner, Ch., Baur, M.P.: Zur Leistungsfähigkeit des HL-A-Systems in den Fallkategorien des weiterführenden Blutgruppengutachtens im Abstammungsprozeß. Neue Jurist. Wschr. (im Druck)

*Eingegangen am 12. April 1976*