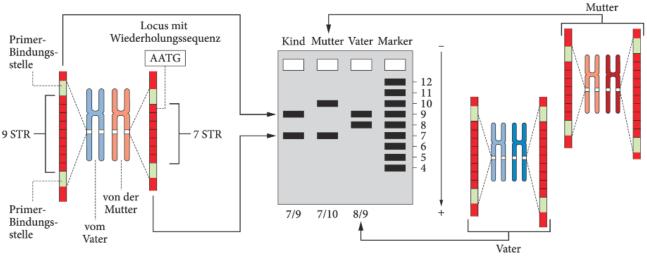
Wie funktioniert der Vaterschaftstest?

Die Loci mit ihren typischen STR werden vererbt. Erhält zum Beispiel ein Kind von der Mutter ein Chromosom mit sieben Wiederholungen und vom Vater das homologe Chromosom mit neun Wiederholungen an dem entsprechenden Locus, so ergibt die PCR mit anschließender Gel-Elektrophorese zwei Signale mit der Typisierung 7 und 9 (7/9).

Dies nutzt man bei einem Vaterschaftstest, mit dem ein biologischer Vater ermittelt wird. Die Typisierung der Mutter ist bekannt, eines der beiden PCR-Signale des Kindes kann also der Mutter zugeordnet werden. Das zweite Signal muss demnach vom Vater stammen.



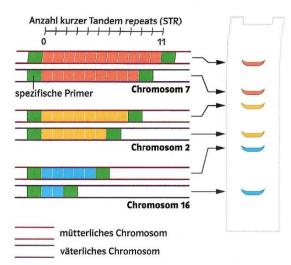
114.1 Vaterschaftstest

Erläutern Sie mögliche Typisierungen für ein Geschwisterkind entsprechend Abb. 114.1.

7.4 Die moderne DNA-Analyse löst ein historisches Rätsel

Der genetische Fingerabdruck wird nicht nur zur Feststellung einer Vaterschaft oder zur Überführung von straffälligen Personen genutzt, sondern manchmal hilft er auch, historische Rätsel zu lösen.

Da die DNA-Bereiche, die für Proteine codieren, bei allen Menschen sehr ähnlich sind, können sie nicht für eine individuelle Identifizierung genutzt werden. In den nicht codierenden Bereichen gibt es aber an zahlreichen Stellen Sequenzen von wenigen Nucleotiden, die unterschiedlich oft wiederholt werden. Diese Mikrosatelliten werden auch kurz STRs (engl.: short tandem repeats) genannt. Die Anzahl der Wiederholungen unterscheidet sich von Mensch zu Mensch und wird von Eltern auf ihre Kinder vererbt. Für kriminaltechnische Untersuchungen hat man sich auf die Analyse von 13 solcher STRs geeinigt, die auf verschiedenen Chromosomen liegen. Durch



1 Drei verschiedene STRs auf verschiedenen Chromosomen jeweils vom mütterlichen und väterlichen Chromosom mit dem Ergebnis der Gelelektrophorese.

diese große Zahl ist es extrem unwahrscheinlich, dass zwei Menschen in der Zahl aller Wiederholungen genau übereinstimmen. Dieses Verfahren wurde genutzt, um das Schicksal der russischen Zarenfamilie zumindest teilweise zu klären.

Im Zuge der Oktoberrevolution 1918 wurde die russische Zarenfamilie erschossen. Lange war der Verbleib der Leichen unbekannt. 1979 wurden in der Nähe des Hinrichtungsortes neun Skelette gefunden, die aber erst 1991 genetisch untersucht werden konnten. Geschlechtsuntersuchungen, Knochenuntersuchungen und STR-Analysen der DNA aus den Knochen ergaben, dass eine Frau und ein Mann mittleren Alters sowie drei junge Frauen miteinander verwandt waren. Die anderen Personen zeigten keine Verwandtschaft.

Zur Klärung, ob es sich tatsächlich um die Zarenfamilie handelte, wurden aber auch bekannte noch lebende Verwandte wie König Charles III. herangezogen.

	Person 1 (m)	Person 2 (w)	Person 3 (w)	Person 4 (w)	Person 5 (w)
STR-1	8-8	7-10	8-10	7-8	8-10
STR-2	3-5	7-7	5-7	5-7	3-7
STR-3	12-13	12-12	12-13	12-13	12-13
STR-4	32-36	11-32	11-32	11-36	32-36
STR-5	15-16	15-16	15-16	15-16	15-16

² Die Tabelle zeigt die Zahl der Wiederholungen bei fünf verschiedenen STRs jeweils von den beiden homologen Chromosomen. Die Personen 1 und 2 sind Erwachsene mittleren Alters. (m. männlich; w. weiblich)

- O 1 Erklären Sie, was STRs sind und wieso sie es ermöglichen, Personen eindeutig zu identifizieren.
- 2 Erläutern Sie mithilfe der angegebenen Werte der STR-Analyse in [Abb. 2], dass die jungen Frauen die Töchter der beiden Erwachsenen sind.

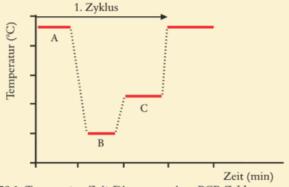
Bearbeiten Sie bitte die folgende Aufgabe aus Ihrem Genetikbuch:

5 HPV-Nachweis

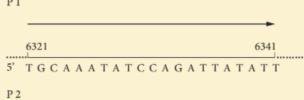
Humane Papillomviren (HPV) befallen Zellen im Genitalbereich. Von den etwa 200 verschiedenen HPVs gelten die Varianten HPV6 und 11 als Mitverursacher für gutartige Genitalwarzen, HPV16 und 18 als Mitverursacher von Gebärmutterhalskrebs.

Zur Diagnose einer HPV-Infektion wird das Virus-Genom durch PCR nachgewiesen. Der dabei amplifizierte DNA-Abschnitt liegt im Bereich des L1-Gens, das für ein Hüllprotein des Virus codiert.

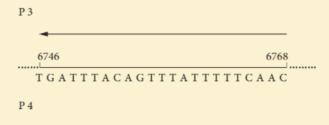
- a) Beschreiben Sie die Phasen A-C eines typischen PCR-Zyklus und begründen Sie die jeweiligen Temperaturen (Abb. 59.1).
- Entscheiden Sie, für jedes der Primerpaare 1–4, ob sie für eine PCR geeignet beziehungsweise nicht geeignet sind und begründen Sie dies.
 - 1 5'-CTTGCTGAA-3' 5'-GCCTAGTGGCATTATGCC-3'
 - 2 5'-GGCATAATGCCACTAGGC-3' 5'-GCCTAGTGGCATTATGCC-3'
 - 3 5'-AGCTAACTGGACGTTAGCT-3' 5'-GCCTAGTGGCATTATGCC-3'
 - 4 5'-CATTGGGCTCAAGCGGC-3' 5'-GCCTAGTGGCATTATGCC-3'
- c) In Abbildung 59.2 ist der Nichtmatrizenstrang des Ll-Gens ausschnittweise dargestellt. Die Pfeile markieren die Position und Länge von vier Primern Pl−P4, die für die PCR verwendet werden können. Geben Sie die Sequenzen der verwendeten Primer Pl-P4 in 5'→3'-Orientierung an.
- d) Leiten Sie ab, welche beiden Primer aus Abbildung 59.2 bei der Analyse der Probe A in Abbildung 59.3 als Primerpaar verwendet wurden.
- e) Obwohl das PCR-Ergebnis bei Verwendung des gleichen Primerpaares unter identischen PCR-Bedingungen bei Patientin A und C in Abbildung 59.3 gleich war, ergab eine zusätzliche Analyse, dass sie mit verschiedenen HPV-Typen infiziert waren. Leiten Sie zwei Aussagen über die jeweiligen L1-Abschnitte der beiden HPV-Typen ab.
- Benennen Sie eine prinzipielle Vorgehensweise, wie ausgehend von den PCR-Produkten, der genaue HPV-Typ ermittelt werden konnte.



59.1 Temperatur-Zeit-Diagramm eines PCR-Zyklus

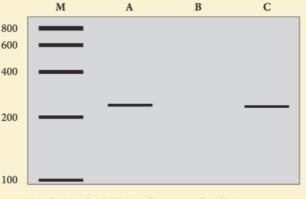






GTTTTCTGCAGACCTAGATCAGT

59.2 Ausschnittsweise Darstellung der L1-Sequenz
von HPV16



59.3 Ergebnisse der PCR-Analysen von drei Patienten