



Vorlesung und praktische Übung zur Abstammungsdiagnostik

Am Institut für Humangenetik

Prof. Dr. Cornelius Welter / Prof. Dr. Eckart Meese

Hintergrund:

Mit Hilfe moderner molekulargenetischer Methoden lässt sich der Verwandtschaftsgrad zwischen verschiedenen Individuen genau bestimmen. Dies bedeutet auch, dass menschliche Proben, auch wenn sie nur Spuren von DNA enthalten, einer Person zugeordnet werden können um ggf. einen Tatverdächtigen zu überführen. Ebenso kann mit entsprechenden Analysen im Rahmen einer Abstammungsdiagnostik die Vaterschaft für ein Kind mit einer berechneten Wahrscheinlichkeit praktisch bewiesen oder ausgeschlossen werden.

Im Rahmen der Veranstaltung werden die theoretischen und technischen Grundlagen, mit deren Hilfe Abstammungsgutachten vorgenommen werden können, erläutert. Es werden die verschiedenen Möglichkeiten der Probenentnahme (Blut, Speichel), die Verarbeitung der Proben zur Gewinnung von DNA und die Analyse der isolierten DNA mit Hilfe manueller und automatisierter Auswerteverfahren erklärt. Diese technischen Aspekte werden anhand konkreter Fallbeispiele vorgestellt. Es werden darüber hinaus die gesetzlichen und ethischen Rahmenbedingungen, unter denen diese Untersuchungen durchgeführt werden, erläutert.

Demonstration der automatisierten Analyse von DNA

Zur Bestimmung von Verwandtschaftsverhältnissen werden sogenannte genetische Marker verwendet. Bei diesen genetischen Markern handelt es sich um kurze DNA-Fragmente, die so ausgewählt sind, dass sie sich mit einer hohen Wahrscheinlichkeit zwischen zwei nicht verwandten Individuen unterscheiden (Polymorphismus). Je enger die Verwandtschaft zwischen zwei Individuen desto größer ist die Wahrscheinlichkeit, dass die Fragmente zwischen diesen Individuen übereinstimmen.

Für die automatisierte Verwandtschaftsbestimmung werden DNA-Fragmente eingesetzt, die aus kurzen sich wiederholenden Sequenzen bestehen (Short-Tandem-Repeats (STR)). Von diesen STRs gibt es viele Tausende im menschlichen Genom. Ein einzelner STR besitzt je nach Individuum eine unterschiedliche Anzahl von Wiederholungen (Repeats). Aufgrund der unterschiedlichen Zahl von Wiederholungen der verschiedenen STRs kann man DNA-Profile erstellen, die für ein Individuum spezifisch sind. Ein Allel eines STR-Markers wird jeweils vom Vater und der Mutter ererbt. Das jeweilige nicht von der Mutter ererbte Allel muss vom potentiellen Vater stammen. Zur Profilerstellung werden die einzelnen STRs mittels der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) vermehrt und anschließend mittels eines automatisierten Fragmentanalyse-Systems ausgewertet. Aufgrund der großen Variabilität der STR-Marker

reichen für eine Abstammungsdiagnostik bereits zwischen 14 und 16 verschiedener Marker aus. STR-Marker erlauben keine Aussage über Krankheiten, Veranlagung, Aussehen oder persönliche Eigenschaften, abgesehen vom Geschlecht.

Praktische Übung zum Vergleich von DNA-Isolaten mittels genetischer Marker

Außer über ein automatisiertes Auswertesystem können die PCR-Produkte von genetischen Markern auch manuell analysiert werden. Diese manuelle Analyse soll praktisch durchgeführt werden. Für zwei ausgewählte genetische Marker wird eine PCR-Reaktion mit DNA-Isolaten von verschiedenen Personen durchgeführt. Für die PCR-Reaktion werden Primersequenzen aus den flankierenden Bereichen der verwendeten Marker eingesetzt. Nach der PCR werden die entstandenen Produkte auf einem selbst hergestellten Gel aufgetragen und elektrophoretisch getrennt. Die Fragmente werden nach Färbung mit Ethidiumbromid unter ultraviolettem Licht sichtbar gemacht.

Neben dieser manuellen Analyse wird anhand eines „realen“-Datensatzes aus dem automatischen Analyseverfahren eine Verwandtschaftsbestimmung durchgeführt.

Dateiname: KoMM_Schuelerversuch_Abstammungsdiagnostik.doc
Verzeichnis: C:\Dokumente und Einstellungen\Gabi\Eigene
Dateien\Kompetenzzentrum\Veranstaltungen\Schulen\Schülerpraktika\Schuelerpra
ktikum_Vaterschaftstest
Vorlage: C:\Dokumente und
Einstellungen\Gabi\Anwendungsdaten\Microsoft\Templates\Normal.dotm
Titel: Vorlesung und praktische Übung zur Abstammungsdiagnostik
Thema:
Autor: Cornelius Welter
Stichwörter:
Kommentar:
Erstelldatum: 21.04.2008 14:27:00
Änderung Nummer: 4
Letztes Speicherdatum: 21.04.2008 14:34:00
Zuletzt gespeichert von: Gabi Amoroso
Letztes Druckdatum: 21.04.2008 14:35:00
Nach letztem vollständigen Druck
Anzahl Seiten: 2
Anzahl Wörter: 514 (ca.)
Anzahl Zeichen: 3.239 (ca.)