

Programm „TCol“

Prozessoptimierung der forensischen Gutachtenerstellung

In Deutschland werden im Rahmen der forensischen Spurenbegutachtung heute routinemäßig insgesamt 17 DNA-Systeme untersucht. Verglichen mit dem wesentlich geringeren Untersuchungsumfang der anfänglichen DNA-Gutachten haben sich einerseits die Diskriminierungs- und Aussagekraft, aber andererseits auch die Menge der Daten und deren Bearbeitungsintensität deutlich erhöht. Automatisierte Arbeitsabläufe mithilfe des Programms „TCol“ können hier zu einer Prozessoptimierung beitragen.

Grundlagen

Im Rahmen der forensischen DNA-Analyse werden heute größtenteils „short tandem repeats“ (STR) untersucht. Dabei handelt es sich um Fragmentlängenpolymorphismen, also unterschiedlich häufig hintereinander geschaltete repetitive Einheiten, die im nichtcodierenden Bereich auf allen Chromosomen vorliegen [6]. In Deutschland wurde die Zahl der routinemäßig in der forensischen Spurenbegutachtung untersuchten DNA-Systeme von ursprünglich 5 (1998, [4]) auf heute 17 erhöht. Somit unterliegt die Erstellung von komplexen DNA-Gutachten bei manueller Bearbeitung mittlerweile einem immensen Arbeits- und Zeitaufwand sowie einer hohen „End-to-end“-Fehleranfälligkeit.

Verbesserte sowie neue Untersuchungsmethoden und sinkende Sensitivitätsgrenzen ermöglichen heute die Erstellung eines DNA-Identifizierungsmusters

aus nur wenigen Zellen [9, 10]. Dies wiederum führte zu einem gewaltigen Anstieg der potenziell für eine molekulargenetische Untersuchung geeigneten Spuren. Die sog. Minimalspuren, auch als „Low-template“-Spuren bezeichnet, unter denen sich sehr viele Kontaktsuren befinden, stellen einen immer größer werdenden Anteil des forensischen Untersuchungsguts dar [3]. Gerade unter den Kontaktsuren finden sich jedoch sehr viele Mischspuren, also Spuren, die sich aus dem biologischen Material mehrerer Personen zusammensetzen. Das durch eine forensische DNA-Untersuchung erhaltene Mischprofil stellt in der Regel die Merkmale aller an der Mischung beteiligten Personen dar. Die Zuordnung einzelner Merkmale zu den einzelnen Verursachern ist nur bei bestimmten Konstellationen möglich. Überwiegt beispielsweise in einer Mischung der Anteil des biologischen Materials einer Person, ist es möglich, die Merkmale dieser Person abzuleiten und somit eine Hauptkomponente aus der vorliegenden Mischung zu rekonstruieren [12].

Auch kann bei Mischungen, bestehend aus Spermien und Vaginalzellen, mithilfe eines chemischen Verfahrens, der differentiellen Lyse, die DNA der Vaginalzellen von denen der Spermien getrennt isoliert und analysiert werden [8]. Eine neuere Methode, mit der ebenfalls die Spermien aus einer Spermien-Vaginalzell-Mischung isoliert werden können, ist die Lasermikrodissektion (LMD, [7]). Bei diesem Verfahren werden die Spermien in einer Zellmischung aus einem gefärbten Objektträgerpräparat mithilfe eines La-

serimpulses herausgelöst und in ein Auffanggefäß überführt. Auch können mit der LMD morphologisch gleiche männliche und weibliche Zellen durch vorherige farbliche Markierungen der bzw. eines der Geschlechtschromosome voneinander getrennt werden [1, 2]. All diese Methoden sind jedoch nur in ganz speziellen Fallkonstellationen anwendbar. Aus dem überwiegenden Teil der Mischspuren resultieren nach wie vor Mischprofile, die in verschiedene Typen klassifiziert und den Richtlinien der Spurenkommission entsprechend bewertet werden sollten [11].

Hintergrund und Problemstellung

Für die Auswertung der erhaltenen DNA-Profile stehen z. T. lizenzierte Software-Produkte zur Verfügung, die den Umgang mit den enormen Datenmengen ermöglichen sollen. In der Regel werden für jede Probe mithilfe verschiedener „multiplex polymerase chain reactions“ (Multiplex-PCR, [5]) unabhängige Doppel- (bzw. Mehrfach-)Bestimmungen der einzelnen DNA-Systeme durchgeführt. Die verschiedenen Analysen einer Probe werden dann für das Gutachten zusammengefasst. Im Institut für Rechtsmedizin München wird pro Probe eine unabhängige Doppelbestimmung in allen 17 Systemen durchgeführt, aus denen im Anschluss manuell alle reproduzierbaren Merkmale >50 „relative fluorescence units“ (RFU) in eine Konsensussequenz übernommen werden. Manuell wird weiterhin das Auftreten von nichtreproduzierbaren Merkmalen mit der Abkürzung „zB“ für Zusatz-

The screenshot shows the TCol software interface. At the top is a menu bar with 'Gutachten', 'Optionen', and 'Info...' (labeled 1). Below is a main table (labeled 2) with columns for 'TabNr.', 'ZeilenNr.', 'DNA', and various DNA systems (D3S1358, VWA, FIBRA, TH01, SE33, D8S1179, D21S11, D18S51, Amel, D16S539). The table contains three rows of profile data. Below this is a detailed view of individual profiles (labeled 3) with columns for 'TabNr.', 'ZeilenNr.', 'DNA', and the same DNA systems. The last row shows a profile with 'DAD11' and a question mark. At the bottom is a status bar (labeled 4) showing 'Aktueller User: HEY' and 'Datenstruktur wurde erfolgreich aufgebaut...'.

Abb. 1 ▲ Ausschnitt der Benutzeroberfläche des Programms „TCol“ mit den 4 Funktionsbereichen 1 Menüleiste, 2 in den Abgleich einzubeziehende Spurenprofile, 3 zum Abgleich zur Verfügung stehende Einzelmuster, 4 Statusleiste

The Drop-Outs dialog box contains the following table:

| Untergrenze der Systemanzahl | Obergrenze der Systemanzahl | Anzahl der maximal ausgefallenen Merkmale |
|------------------------------|-----------------------------|-------------------------------------------|
| 1 | 5 | 2 |
| 6 | 8 | 2 |
| 9 | 11 | 2 |
| 12 | 2.147.483.647 | 3 |

An 'OK' button is located at the bottom right of the dialog box.

Abb. 2 ◀ Ausfallta-
belle des Programms
„TCol“

banden definiert. Darüber hinaus werden Nebenbestandteile vom Gutachter innerhalb runder Klammern in der Ergebnistabelle vermerkt. Sollte es möglich sein, eine Hauptkomponente aus der vorliegenden Mischung zu rekonstruieren, wird dies ebenfalls manuell vom Gutachter durchgeführt. Stellt sich dabei das zweite Merkmal innerhalb eines DNA-Systems als fraglich heraus, wird dies vom Gutachter mit einem „?“ signalisiert. Demzufolge finden sich in der Ergebnistabelle ausschließlich die Allelwerte der einzelnen DNA-Systeme und bestimmte Sonderzeichen (?, zb ...). Eine Auskunft beispielsweise über die Signalstärke eines Peaks innerhalb des Elektropherogramms kann der Ergebnistabelle jedoch nicht entnommen werden.

Der Abgleich der einzelnen Datensätze untereinander wird in der Regel manuell durchgeführt. Bei diesem Vorgang müssen Identifizierungsmuster von Personen bzw. DNA-Merkmale von Spuren, die von einer Person verursacht wurden oder aus denen eine Hauptkomponente abgeleitet werden konnte, mit den DNA-Merkmalen

von vorliegenden Mischspuren abgeglichen und evtl. Übereinstimmungen gutachterlich bewertet werden. Die rein verbale Interpretation der Befunde ist jedoch, gerade für Polizei, Staatsanwaltschaft und Gericht sowie im Besonderen bei umfangreichen Fällen sehr komplex und wenig überschaubar. Aus diesem Grund werden im Institut für Rechtsmedizin München, zur übersichtlicheren Darstellung der tabellarischen Ergebnisse im Gutachten, die in der Mischung sowie im Einzelmuster übereinstimmenden DNA-Merkmale farblich hinterlegt. Eine Zuordnung von Einzelspuren zu Personen bzw. eine Übersicht, welche der Vergleichspersonen als Mitspurenverursacher einer Mischung infrage kommen, kann somit in kürzester Zeit erhalten werden. Der gesamte Vorgang des Abgleichs und der farblichen Markierung ist besonders bei sehr komplexen Fällen mit mehreren Hundert Datensätzen enorm arbeits- und zeitaufwendig. Die u. U hohe Fehleranfälligkeit des manuellen Abgleichs bzw. der manuellen farblichen Markierung muss darüber hinaus minimiert werden. Um die-

se Arbeitsschritte zukünftig automatisiert ausführen zu können, wurde das Programm „TCol“ (TableColour) in Zusammenarbeit mit der Universität der Bundeswehr München entwickelt.

„TCol“

Das Programm „TCol“ wurde in der Programmiersprache Visual Basic mit der Entwicklungsumgebung Microsoft Visual Basic 2010 programmiert. „TCol“ ist genau auf die einzelnen Prozesse, Software-Produkte sowie die Darstellungsform der Ergebnistabelle zugeschnitten. Für Nutzer, die beispielsweise eine andere Darstellungsform ihrer Ergebnistabelle einsetzen oder ihre Ergebnisse in einem anderen Dateiformat hinterlegen, müsste das Programm dementsprechend angepasst werden.

Hauptfunktion

Die fertiggestellte Ergebnistabelle liegt abschließend in einem Word-Dokument vor, aus dem das Programm „TCol“ gestartet werden kann. Das Programm führt zunächst eine formale Fehlerüberprüfung innerhalb der Ergebnistabelle durch. Demzufolge dürfen in der Ergebnistabelle nur Zahlen im definierten Wertebereich auftreten. Auch sind nur Zeichen erlaubt, die unterhalb der Tabelle in der Legende definiert sind. Liegt ein formaler Fehler (z. B. Formatierungsfehler, unzulässige Allelbezeichnung) innerhalb der Ergebnistabelle vor, erhält der Gutachter eine entsprechende Meldung. Die

Korrektur des Fehlers obliegt ausschließlich dem Gutachter. Die Benutzeroberfläche des Programms öffnet sich erst nach erfolgreicher Fehlerüberprüfung. Bei jedem Start des Programms wird eine ausführliche Log-Datei erstellt, in der alle Schritte des Programms nachvollziehbar und langfristig dokumentiert werden. Bei einem formal korrekten Word-Dokument öffnet sich anschließend die Benutzeroberfläche des Programms (Abb. 1). Diese teilt sich in 4 Bereiche: In der Menüleiste (Bereich 1) können unter der Rubrik „Gutachten“ der Abgleich- und der Markiervorgang gestartet werden. Unter dem Menüpunkt „Optionen“ befindet sich die „Ausfalltabelle“. Aufgrund mangelnder DNA-Quantität (Minimalspuren) oder -Qualität (z. B. bei Epithelzellspuren) kommt es immer wieder vor, dass nicht alle Merkmale der Person in der Spur bzw. reproduzierbar in beiden Bestimmungen auftreten, die Person jedoch als Mitverursacher dieser Spur nicht grundsätzlich auszuschließen ist. Die maximale Zahl an fehlenden Merkmalen, bei denen trotzdem noch eine farbliche Zuordnung erfolgen soll, muss zuvor vom Gutachter festgelegt werden. Diese Festlegung ist von verschiedenen Aspekten, wie beispielsweise der Komplexität der Spur oder auch von Verwandtschaftsverhältnissen der abzugleichenden Personen untereinander, abhängig. Aus diesem Grund sollten in der Ausfalltabelle (Abb. 2) die entsprechenden Rahmenbedingungen für den Abgleich in diesem speziellen Fall definiert werden. Darüber hinaus sind im Menü noch weitere generelle Informationen über das Programm enthalten.

Im zweiten Bereich des Programms (Abb. 1) werden alle Spurenprofile angezeigt, die in den Abgleich einbezogen werden sollen. Diese Spurenprofile werden vom Programm automatisch von den zum Abgleich zur Verfügung stehenden, markierten Einzelmustern (abgeleitete partielle bzw. vollständige Hauptkomponenten oder Identifizierungsmuster von Personen) getrennt. Die Einzelmuster werden anschließend im dritten Teil der Benutzeroberfläche dargestellt (Abb. 1). Auch Tatortspuren, die von einer Person verursacht wurden, können hier ggf. aufgeführt werden. Mit einem Klick auf das entsprechende Einzelmus-

Rechtsmedizin 2013 · 23:17–21 DOI 10.1007/s00194-012-0865-2
© Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2012

J. Heyder · S. Aehle · M. Tschoche · E. Kropat · K. Anslinger
Programm „TCol“. Prozessoptimierung der forensischen Gutachtenerstellung

Zusammenfassung

Hintergrund. Bei der Bewertung von biologischem Spurenmaterial steht immer wieder die Frage im Raum, ob eine Person als Verursacher bzw. Mitverursacher einer bestimmten Tatortspur infrage kommt oder auszuschließen ist. Demnach müssen Identifizierungsmuster von Personen bzw. DNA-Merkmale von Spuren, die von einer Person verursacht wurden oder aus denen eine Hauptkomponente abgeleitet werden konnte, mit den DNA-Merkmalen der vorliegenden Tatortspuren (oft komplexe Mischspuren) abgeglichen werden. Im manuellen Betrieb ist dieses Verfahren nicht nur fehleranfällig, sondern auch sehr arbeits- und zeitintensiv.

Material und Methode. Um diesen Abgleich zu automatisieren, wurde in Kooperation

mit der Universität der Bundeswehr München das Programm „TCol“ entwickelt, das diesen Vergleich und eine farbliche Markierung, nach erfolgreicher Fehlerüberprüfung, vornimmt. Weiterhin wird eine ausführliche Log-Datei erstellt, in der alle Schritte des Programms dokumentiert werden.

Ergebnis. Das Programm „TCol“ bringt nicht nur eine enorme Arbeits- und Zeitersparnis mit sich. Es ist darüber hinaus auch ein sehr effektives und sicher nachvollziehbares Werkzeug für die Gutachtenerstellung.

Schlüsselwörter

Forensik · DNA-Analyse · Software · Automatisierung · Markierung

“TCol” program. Process optimization for the preparation of forensic DNA reports

Abstract

Background. In the forensic assessment of biological stains one of the most frequently encountered problems is the question whether an individual has contributed to a given stain alone or in combination with other individuals. Thus, the DNA profile of an individual who may have been involved in the crime has to be compared with the DNA profiles of the forensic stain(s) in question. The manual process of such a procedure is not only error prone but also highly labor intensive and time consuming.

Materials and methods. In order to automate this comparison the TCol program was developed in cooperation with the Universität der Bundeswehr München (Universi-

ty of the Federal Armed Forces, Munich). The TCol program not only compares after a successful error check of the results, it also color-labels the relevant alleles. Furthermore, it simultaneously creates a detailed log file in which all steps of the automated analysis are documented.

Result. The TCol program is not only extremely labor and time-saving but also provides a highly effective and accurate tool for the preparation of forensic DNA reports.

Keywords

Forensic science · DNA analysis · Software · Automation · Labeling

ter kann diesem eine Kombination aus Hintergrund- und Textfarbe zugewiesen werden. Im vierten Bereich der Benutzeroberfläche befinden sich die Statusleiste mit Fortschrittsbalken und die Anzeige des aktuellen Benutzers.

Aus Abb. 3 ist ersichtlich, dass die Merkmale, der in rot dargestellten Vergleichsperson (DAD-XXXXXX), in der Spur Abrieb 1 zu finden sind. Es fehlen jedoch das Allel „24“ im System FIBRA und das Allel „22“ im System SE33. Eine Hinweismeldung darüber, dass Merk-

male einer Person innerhalb einer abgeglichenen Spur fehlen, wird vom Programm nach erfolgtem Abgleich ausgegeben. Auf der Grundlage dieser Hinweismeldung betrachtet der Gutachter anschließend die Rohdaten und legt fest, ob es sich bei den fehlenden Allelen um Zusatzbanden „zb“, also nichtreproduzierbare Merkmale, oder um einen möglichen „allelic drop-out“ handelt. Hier ist die manuelle Einzelfallentscheidung des Gutachters nach nochmaliger Prüfung der Originaldaten nötig, die nicht automatisiert

| DNA-Systeme | D3S1358 | VWA | FIBRA | THO1 | SE33 | D8S1179 | D21S11 | D18S51 | Amel | D16S539 | D2S1338 | D19S433 | D22S1045 | D1S1656 | D10S1248 | D2S441 | D12S391 |
|----------------------------|------------------------------|----------------------------|----------------------------|---------------------|-----------------------------|---------------------|---------------------|----------------------------|-------|----------------------|-------------------------|-----------------------|------------------------------|--------------------------------|---------------------|----------------------------|------------------------------|
| Artur-Platz Abrieb 1 | (15) / (16) / (18) / 19 / zb | (14) / (15) / 16 / 18 / zb | 19 / (20) / (21) / 22 / zb | 7 / (8) / 9 | 19 / (22,2) / (29,2) / 30 | (12) / 13 / 14 / zb | 28 / 29 / (30) / zb | (15) / (16) / 17 / 18 / zb | X / Y | 9 / (10) / (13) / zb | 17 / 20 / (24) / zb | 12 / 13 / (14) / zb | 15 / 16 / (17) / (18) / zb | (13) / (14) / 15 / (17,3) / zb | 14 / 15 / 16 / zb | 18 / (19) / 20 / 21 / zb | 17 / (18) / (20) / (23) / zb |
| Artur-Platz Abrieb 2 | 16 / 17 / (18) | (15) / 16 / 18 | 19 / 23 / (24) / zb | 7 / (8) / 9 | 19 / (20,2) / (28,2) / 29,2 | (12) / 13 / 14 | 28 / 29 / (30) | 16 / (17) / 18 | X / Y | 9 / (10) / (13) | (17) / (19) / (20) / 24 | 12 / 13 / (16,2) / zb | 15 / (16) / (17) / (18) / zb | (13) / 14 / 15 / (17,3) / zb | 14 / 15 / 16 / zb | 10 / (11) / 14 / (15) / zb | 17 / (18) / (20) / (22) / 23 |
| Artur-Platz Abrieb 2 HK | 16 / 17 | 16 / 18 | 19 / 23 | 7 / 9 | 19 / 29,2 | 13 / 14 | 28 / 29 | 16 / 18 | X / Y | 9 / 9 | 24 / 24 | 12 / 13 | 15 / 17 | 14 / 15 | 14 / 15 | 10 / 14 | 17 / 23 |
| Artur-Platz Abrieb 4 | 18 / zb | 15 / 18 / zb | 20 / 24 / zb | (6) / 8 / 9 / (9,3) | 20,2 / 28,2 / 29,2 | 12 / 13 / zb | 29 / 30 / zb | (11) / 16 / 17 | X / X | 10 / 13 / zb | 17 / 20 / zb | 13 / 16,2 / zb | 15 / (16) | 13 / 17,3 / zb | 13 / 15 / (16) / zb | 11 / 14 / zb | 18 / 22 / (23) / zb |
| Artur-Platz Abrieb 4 HK | 18 / 18 | 15 / 18 | 20 / 2 | 8 / 9 | 20,2 / 28,2 | 12 / 13 | 29 / 30 | 16 / 17 | X / X | 10 / 13 | 17 / 20 | 16,2 / ? | 15 / 15 | 13 / 17,3 | 13 / 15 | 11 / 14 | 18 / 22 |
| ABD11-XXXXXX | 15 / 17 | 14 / 15 | 22 / 24 | 7 / 9 | 22 / 28,2 | 13 / 14 | 28 / 30 | 14 / 15 | X / Y | 9 / 9 | 18 / 20 | 15,2 / 16 | 17 / 18 | 13 / 15 | 15 / 16 | 10 / 11 | 19 / 21 |

zb = Zusatzbanden; [] = Nebenbestandteil
? = 2. Merkmal fraglich; HK = Hauptkomponente

Abb. 3 Vom Programm „TCol“ und dem Gutachter abschließend bearbeitete Ergebnistabelle

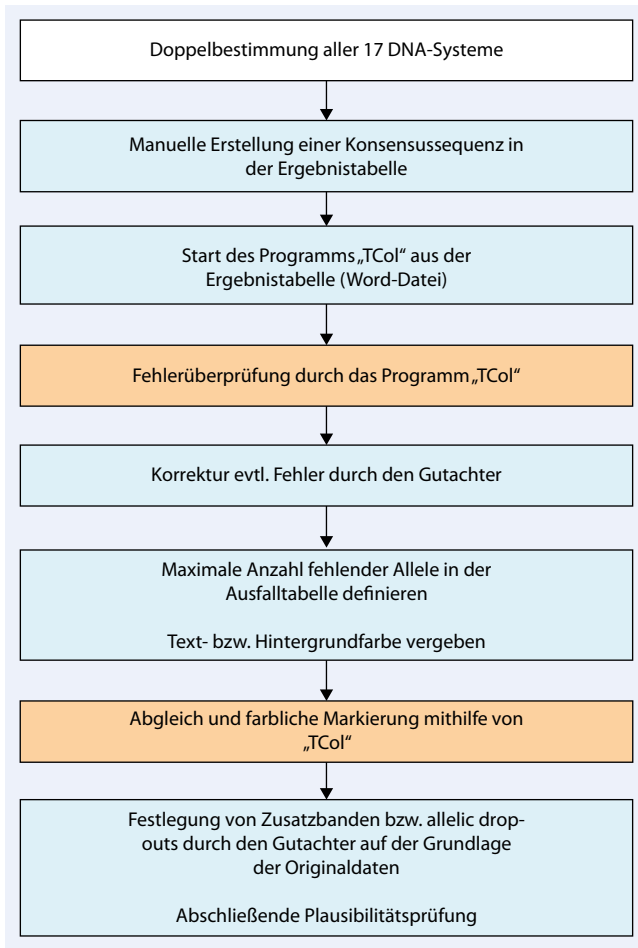


Abb. 4 Zusammenfassende Darstellung der einzelnen Prozessschritte, blau Tätigkeiten des Gutachters, orange automatisierte Aktionen des Programms „TCol“

werden kann. Ebenso wird bei dem Allel „23“ im System FIBRA für die abgeleitete Hauptkomponente aus Abrieb 2 und dem Allel „20“ im System FIBRA für die aus Abrieb 4 abgeleitete Hauptkomponente verfahren. Unter Umständen kann anschließend eine fallspezifische biostatistische Bewertung nach den Empfehlungen der Spurenkommission durchgeführt werden [11].

Sollten sich mehrere Spurenmitverursacher ein Merkmal teilen, ist es mit

dem Programm „TCol“ jederzeit möglich, ein Allel mit mehreren Farben zu markieren. Bei einer Zahl, bestehend aus 2 Ziffern, werden zunächst die einzelnen Ziffern farblich hinterlegt. Besitzen noch weitere Personen das entsprechende Allel, wird jeweils vor bzw. nach der Zahl ein Leerzeichen eingefügt und dieses mit der entsprechenden Farbe hinterlegt.

Bis auf diese notwendigen Leerzeichen fügt das Programm jedoch keine weitere

ren Zeichen in die Ergebnistabelle ein. Auch werden vorhandene Zeichen in keiner Form verändert. „TCol“ nimmt ausschließlich eine farbliche Hinterlegung der vorliegenden Allelwerte vor.

Grundsätzlich sollten jedoch abschließend der Abgleich und die farbliche Markierung vom Gutachter hinsichtlich der vorliegenden Fallkonstellation hinterfragt und auf Plausibilität überprüft werden. Da das Programm „TCol“ lediglich als Hinweis für das Vorliegen einer Person bzw. Hauptkomponente als Mitverursacher einer Spur dient, sollten Aspekte wie die Komplexität der Spur oder etwaige Verwandtschaftsverhältnisse in die abschließende Betrachtung miteinfließen. Der Gutachter hat jederzeit die Möglichkeit, vorliegende farbliche Markierungen zu entfernen, und trifft somit stets die letzte Entscheidung darüber, ob eine Person bzw. Hauptkomponente als Verursacher bzw. Mitverursacher einer Spur infrage kommt oder auszuschließen ist. Zur besseren Veranschaulichung sind in **Abb. 4** die einzelnen Prozessschritte zusammenfassend dargestellt.

Weitere Funktionen

Auch ist es möglich, Ergebnistabellen, die aus weniger als 17 untersuchten Systemen bestehen oder ggf. eine andere Systemauswahl beinhalten, in das Word-Dokument mit der aktuellen Ergebnistabelle einzufügen und entsprechend in den Abgleich einzubeziehen. Für das Programm spielt es keine Rolle, mit welcher Zahl an Systemen die Spuren untersucht wurden; ausschlaggebend sind ausschließlich die zuvor im Programm definierten Systembezeichnungen. Darüber hinaus ist es lediglich notwendig, auch hier die entspre-

chenden Kriterien für den Abgleich in der „Ausfalltabelle“ zu definieren. Weiterhin können parallel zu den autosomalen Systemen auch die Ergebnisse Y-chromosomaler STR-Untersuchungen in den automatischen Abgleich bzw. die entsprechende farbliche Markierung einbezogen werden. Des Weiteren sind in einer Initialisierungsdatei, die vor jedem Programmstart neu geladen wird, alle bisher benötigten DNA-Systembezeichnungen gespeichert. Bei Umstellung auf einen neuen Kit mit noch nicht hinterlegten DNA-Systemen kann der Systemadministrator diese Initialisierungsdatei eigenständig erweitern, wodurch die neu eingepflegten DNA-Systeme nun ebenfalls zum automatischen Abgleich und zur farblichen Markierung vom Programm „TCol“ herangezogen werden.

Die farbliche Markierung der übereinstimmenden Allele innerhalb der Ergebnistabellen trägt somit dazu bei, dass sich der Gutachter bei der anschließenden schriftlichen Darstellung der Ergebnisse jederzeit einen Überblick über alle Personen bzw. Hauptkomponenten machen kann, die als Verursacher bzw. Mitverursacher einer Tatortspur infrage kommen oder ausgeschlossen werden können. Auch bei den auftraggebenden Dienststellen der Polizei und der Justiz stößt die farbliche Aufbereitung der Daten durchweg auf positive Resonanz. Sie profitieren ebenfalls von der automatisiert erzeugten, übersichtlichen Darstellungen der Untersuchungsergebnisse, die Tatzusammenhänge und Spurenlage auf einen Blick und leicht verständlich erkennen lässt.

Fazit für die Praxis

Mit dem Programm „TCol“ können Identifizierungsmuster von Personen bzw. DNA-Merkmale von Spuren, die von einer Person verursacht wurden oder aus denen eine Hauptkomponente abgeleitet werden konnte, mit den DNA-Merkmalen der im entsprechenden Fall vorliegenden Mischspuren automatisiert abgeglichen und farblich markiert werden. Daraus ergibt sich eine enorme Arbeits- und Zeitersparnis aufseiten der Gutachter. Des Weiteren können Fehler bei der manuellen Bearbeitung der Ergebnistabellen minimiert werden.

Korrespondenzadresse



J. Heyder
 Institut für Rechtsmedizin,
 Ludwig-Maximilians-
 Universität
 Nußbaumstr. 26,
 80336 München
 jacqueline.heyder@
 med.uni-muenchen.de

Interessenkonflikt. Die korrespondierende Autorin gibt für sich und ihre Koautoren an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

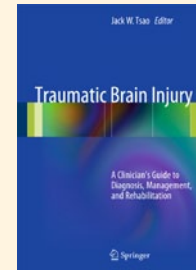
Literatur

1. Anslinger K, Bayer B, Mack B et al (2007) Sex-specific fluorescent labelling of cells for laser microdissection and DNA profiling. *Int J Legal Med* 121:54–56
2. Anslinger K, Mack B, Bayer B et al (2005) Digoxigenin labelling and laser capture microdissection of male cells. *Int J Legal Med* 119:374–377
3. Benschop CC, Van Der Beek CP, Meiland HC et al (2011) Low template STR typing: effect of replicate number and consensus method on genotyping reliability and DNA database search results. *Forensic Sci Int Genet* 5:316–328
4. Brodersen K, Anslinger K, Rolf B (2003) DNA-Analyse und Strafverfahren: rechtliche und biologische Grundlagen der DNA-Analyse. Beck, München
5. Butler JM (2001) Forensic DNA typing: biology and technology behind STR markers. Academic Press, London
6. Edwards A, Civitello A, Hammond HA et al (1991) DNA typing and genetic mapping with trimeric and tetrameric tandem repeats. *Am J Hum Genet* 49:746–756
7. Elliott K, Hill DS, Lambert C et al (2003) Use of laser microdissection greatly improves the recovery of DNA from sperm on microscope slides. *Forensic Sci Int* 137:28–36
8. Gill P, Jeffreys AJ, Werrett DJ (1985) Forensic application of DNA „fingerprints“. *Nature* 318:577–579
9. Hohoff C, Brinkmann B (2003) Trends in der forensischen Molekularbiologie. *Rechtsmedizin* 13:183–189
10. Kelly H, Bright JA, Curran J et al (2012) The interpretation of low level DNA mixtures. *Forensic Sci Int Genet* 6:191–197
11. Schneider PM, Fimmers R, Keil W et al (2006) Allgemeine Empfehlungen der Spurenkommission zur Bewertung von DNA-Mischspuren. *Rechtsmedizin* 16:401–404
12. Torres Y, Flores I, Prieto V et al (2003) DNA mixtures in forensic casework: a 4-year retrospective study. *Forensic Sci Int* 134:180–186

Jack W. Tsao

Traumatic Brain Injury

Heidelberg: Springer 2012, 339 S.,
 (ISBN 978-0-387-87886-7), 160.45 EUR



Der 2012 erschienene Band geht zurück auf einen Workshop der American Academy of Neurology 2008, in dem vor allem Spezialisten aus der Neurologie

und Neurochirurgie einen kompakten Leitfaden für das klinische Management und die Diagnostik mit bildgebenden Verfahren geben. Hierbei konzentriert sich der Band vor allem auf Hirn- und Schädelverletzungen bei Militärangehörigen sowie auf Verletzungen infolge von Sportunfällen. Der große Vorteil des Buches für Rechtsmediziner: Es werden Verletzungen durch Langwaffen sowie infolge von Explosionen beschrieben, die sich sonst kaum in anderen Büchern finden lassen. Zudem geht es um Sekundärfolgen entsprechender Hirntraumata einschließlich Überlegungen zur Prognose und zu Spätkomplikationen. Diese Beschreibungen sind vor allem für die rechtsmedizinische Gutachtenpraxis ausgesprochen wertvoll. Unbefriedigend ist die zum Teil unkorrekte Wiedergabe wundballistischer Zusammenhänge, die man aber einem Buch mit klinischem Schwerpunkt verzeihen mag. Insgesamt lohnt sich die Anschaffung des Bandes vor allem für die Erstellung von Gutachten im Hinblick auf die Gefährlichkeit und eventuelle Spätkomplikationen sowie die Prognose von Schädel-Hirn-Traumen.

M.A. Rothschild (Köln)