

# ForGen

Forensische Genetik und Rechtsmedizin  
am Institut für Hämatopathologie GmbH

ForGen – Forensische Genetik und Rechtsmedizin am Institut für  
Hämatopathologie GmbH | Fangdieckstr. 75a | 22547 Hamburg

dgab

fachabstammungsgutachterin  
geprüft durch die kfqa

prüfnr. 0280/2013 www.kfqa.de

ForGen - Forensische Genetik  
und Rechtsmedizin am Institut  
für Hämatopathologie GmbH

Stichting De Hoge Veluwe Nationale Park

Apeldoornseweg 250  
7351TA Haenderloo

Fangdieckstr. 75a, 22547 Hamburg

Tel: +49 (0) 40 524 72 36-600  
Fax: +49 (0) 40 524 72 36-610  
Mail: [info@forensik-hh.de](mailto:info@forensik-hh.de)  
URL: <http://www.forensik-hh.de>

Hamburg, den 25.07.2023

## Betreff: Molekulargenetische Analyse (SU0227-23)

<b>Bezug:</b>	<b>Speziesidentifikation 27 Haarproben</b>
<b>Beschluss/Auftrag vom:</b>	Privat
<b>Eingang des Auftrags an unserem Institut:</b>	22.05.2023
<b>Eingang des Spurenmaterials an unserem Institut:</b>	22.05.2023

Gemäß schriftlicher Anforderung soll ein

### forensisch-genetisches Spurengutachten

erstellt werden.

#### 1. Frage- bzw. Aufgabenstellung

- I. Bitte um molekulargenetische Analyse und - wenn möglich - Spezieszuordnung.
- II. Befindet sich an den Spurenrägern genetisches Material, welche für eine Untersuchung geeignet ist?
- III. Wenn ja, stammen die übersandten Proben von einem Hund oder einem anderen Vertreter der Canidae?

#### 2. Zum Sachverhalt

---

#### 3. Spuren- und Vergleichsmaterial:

Die Untersuchungen und statistischen Berechnungen bzw. Auswertungen fanden im folgenden Zeitraum statt:

Amtsgericht Hamburg, HRB 139130  
Steuer-Nr.: 41/720/03074  
Geschäftsführer:

■■■■■■■■■■  
■■■■■■■■■■  
■■■■■■■■■■

Hamburger Sparkasse  
IBAN: DE61200505501002238630  
BIC: HASPDEHHXXX

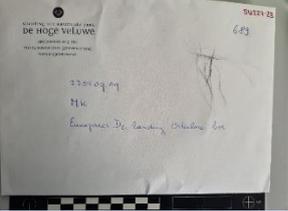
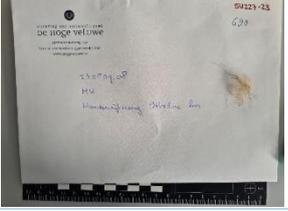


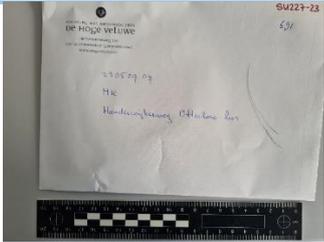
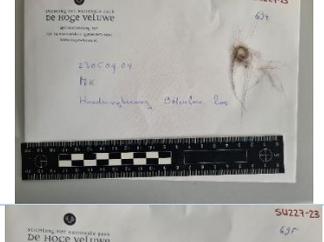
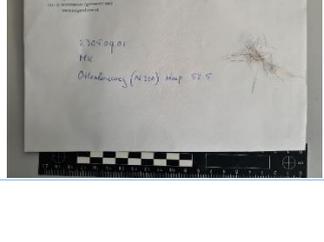
ForGen  
Forensische Genetik und Rechtsmedizin  
am Institut für Hämatopathologie GmbH

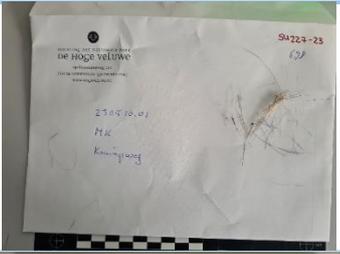
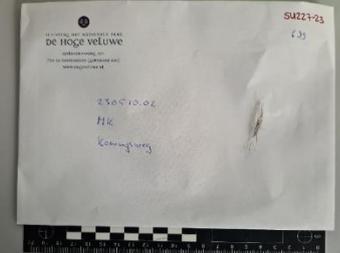
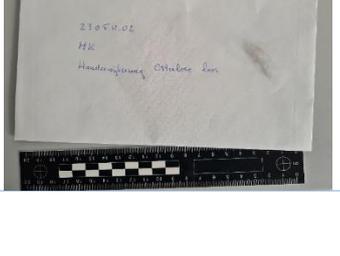
01.06.2023	bis	20.07.2023
------------	-----	------------

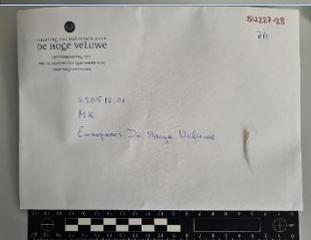
### 3.1 Spurenmaterial

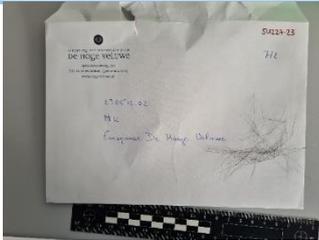
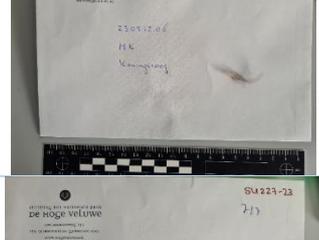
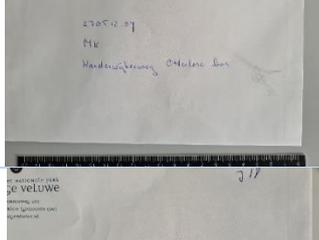
Die im Folgenden beschriebenen Spureträger wurden untersucht:

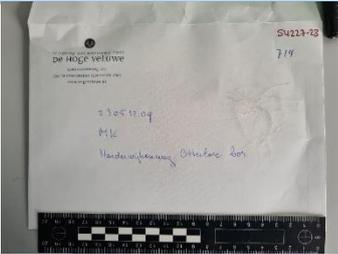
Bezeichnung	lfd. Nummer	Beschreibung	Durchgeführte Methoden	Foto
<b>Spur 1</b>	0685-23	Umschlag mit Haarbüschel, 1-7 cm lang, teilweise Wurzeln erkennbar: die Büschel werden komplett aufgearbeitet	Extraktion von Minimalspuren, Quantifizierung von DNA, Erstellung eines genetischen, autosomalen Merkmalsmusters, Geschlechtsbestimmung, Sequenzierung der mitochondrialen DNA	
<b>Spur 2</b>	0686-23	s.o.	s.o.	
<b>Spur 3</b>	0687-23	s.o.	s.o.	
<b>Spur 4</b>	0688-23	s.o.	s.o.	
<b>Spur 5</b>	0689-23	s.o.	s.o.	
<b>Spur 6</b>	0690-23	s.o.	s.o.	

Bezeichnung	lfd. Nummer	Beschreibung	Durchgeführte Methoden	Foto
Spur 7	0691-23	s.o.	s.o.	
Spur 8	0692-23	s.o.	s.o.	
Spur 9	0693-23	s.o.	s.o.	
Spur 10	0694-23	s.o.	s.o.	
Spur 11	0695-23	s.o.	s.o.	
Spur 12	0696-23	s.o.	s.o.	
Spur 13	0697-23	s.o.	s.o.	

Bezeichnung	lfd. Nummer	Beschreibung	Durchgeführte Methoden	Foto
Spur 14	0698-23	s.o.	s.o.	
Spur 15	0699-23	s.o.	s.o.	
Spur 16	0700-23	s.o.	s.o.	
Spur 17	0701-23	s.o.	s.o.	
Spur 18	0702-23	s.o.	s.o.	
Spur 19	0703-23	s.o.	s.o.	
Spur 20	0704-23	s.o.	s.o.	

Bezeichnung	lfd. Nummer	Beschreibung	Durchgeführte Methoden	Foto
Spur 21	0705-23	s.o.	s.o.	
Spur 22	0706-23	s.o.	s.o.	
Spur 23	0707-23	s.o.	s.o.	
Spur 24	0708-23	s.o.	s.o.	
Spur 25	0709-23	s.o.	s.o.	
Spur 26	0710-23	s.o.	s.o.	
Spur 27	0711-23	s.o.	s.o.	

Bezeichnung	lfd. Nummer	Beschreibung	Durchgeführte Methoden	Foto
Spur 28	0712-23	s.o.	s.o.	
Spur 29	0713-23	s.o.	s.o.	
Spur 30	0714-23	s.o.	s.o.	
Spur 31	0715-23	s.o.	s.o.	
Spur 32	0716-23	s.o.	s.o.	
Spur 33	0717-23	s.o.	s.o.	
Spur 34	0718-23	s.o.	s.o.	

Bezeichnung	lfd. Nummer	Beschreibung	Durchgeführte Methoden	Foto
Spur 35	0719-23	s.o.	s.o.	
Spur 36	0720-23	s.o.	s.o.	
Spur 37	0721-23	s.o.	s.o.	

### 3.2 Vergleichsmaterial (VM) bzw. –daten (VD)

Nicht untersucht.

## 4. Ergebnisse

### 4.1 Voruntersuchungen ---

### 4.2 Molekulargenetische Untersuchungen

Es wurden 22 polymorphe, spezifische STR-Marker (teils in Doppelbestimmung) analysiert, mit denen Canide nachgewiesen werden können. Dabei kann, bei ausreichendem Profil, zwischen Fuchs, Wolf, Schakal und Hund differenziert werden. Bei Hunden können die entsprechenden Rassen bestimmt werden. Zusätzlich werden zwei – unabhängige- Geschlechtsbestimmungen durchgeführt. Ebenfalls zeigt sich, wenn die DNA von mehreren Tieren stammt.

**Tab. 1: DNA-Typisierungsergebnisse des Spuren- u. Vergleichsmaterials, hundespezifische STR-Merkmale (siehe 11).** Angabe der spezifischen Fragmente nach kapillarelektrophoretischer Auftrennung in Rohdaten. Multiplex I:

Lfd. Nr.	SRY	PEZ1	FC2054	FC2010	PEZ16	PEZ5	PEZ20	PEZ12	PEZ6	PEZ8	FC2079
0685-23	k.E.	k.E.	k.E.	(254)	k.E.	112	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0686-23	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	104	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0687-23	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0688-23	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0689-23	k.E.	110	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0690-23	k.E.	110	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0691-23	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	(112)	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0692-23	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0693-23	k.E.	110	k.E.	k.E.	(289)	96/104	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.

Lfd. Nr.	SRY	PEZ1	FC2054	FC2010	PEZ16	PEZ5	PEZ20	PEZ12	PEZ6	PEZ8	FC2079
0694-23	-	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0695-23	-	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0696-23	-	114	k.E.	k.E.	k.E.	96	k.E.	k.E.	163	k.E.	k.E.
0697-23	-	(114)	k.E.	k.E.	k.E.	96	k.E.	k.E.	179/183	k.E.	k.E.
0698-23	-	(114)	k.E.	k.E.	k.E.	96	k.E.	k.E.	179/183	k.E.	k.E.
0699-23	-	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0700-23	-	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	104	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0701-23	-	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	(96)	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0702-23	-	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	(112)	k.E.	k.E.	179/183	k.E.	k.E.
0703-23	-	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0704-23	-	k.E.	k.E.	249/257	k.E.	112/120	k.E.	k.E.	179	k.E.	k.E.
0705-23	-	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	178	k.E.	k.E.
0706-23	-	(114)	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0707-23	-	(110)	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0708-23	-	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	104	k.E.	k.E.	183	254	k.E.
0709-23	-	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	104	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0710-23	-	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	96/118	208	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0711-23	-	(102/110)	k.E.	225/253	k.E.	112/(120)	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0712-23	+	k.E.	177	k.E.	k.E.	(118)	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0713-23	-	k.E.	k.E.	229/249	249	112/(120)	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0714-23	-	110	k.E.	k.E.	k.E.	96/104	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0715-23	-	(110)	k.E.	k.E.	k.E.	96/104/118	k.E.	k.E.	178	k.E.	k.E.
0716-23	-	110/114	172/182	229/249	k.E.	112/120	192	k.E.	179	k.E.	k.E.
0717-23	-	(114)	k.E.	k.E.	k.E.	112	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0718-23	-	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	104	(159)	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0719-23	-	110/114	(164)	k.E.	299	96/104	k.E.	289	k.E.	k.E.	273
0720-23	-	110	k.E.	k.E.	k.E.	104	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0721-23	-	104/110	k.E.	229	k.E.	96/112/120	k.E.	k.E.	k.E.	(228).	k.E.

**Multiplex II/III:**

Lfd. Nr.	FC2087	FC2137	AMG	PEZ03	PEZ15	FC2508	FC2361	WTF	FC2613	FC2611	FC3241	vWFX	FC2132	Assoziations-analyse
0685-23	(141/145)	k.E.	XY	k.E.	k.E.	104/110	k.E.	173/199	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0686-23	k.E.	k.E.	Y	k.E.	k.E.	104	k.E.	239	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0687-23	k.E.	k.E.	XY	k.E.	k.E.	104	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0688-23	k.E.	k.E.	xY	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0689-23	k.E.	k.E.	Y	k.E.	k.E.	110	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0690-23	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	110	k.E.	k.E.	83	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0691-23	k.E.	k.E.	Y	k.E.	k.E.	104/110	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0692-23	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	110	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0693-23	k.E.	k.E.	Y	k.E.	k.E.	104/110	k.E.	k.E.	(108/120)	k.E.	k.E.	(158)	k.E.	Nicht möglich Wolffalle in PEZ5.
0694-23	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	110	k.E.	k.E.	(108/120)	k.E.	k.E.	(150)	k.E.	Nicht möglich Wolffalle in PEZ5.
0695-23	k.E.	k.E.	Y	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0696-23	k.E.	172/180	Y	k.E.	k.E.	112	k.E.	173/239	108/120	155/159	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich

Lfd. Nr.	FC2087	FC2137	AMG	PEZ03	PEZ15	FC2508	FC2361	WTF	FC2613	FC2611	FC3241	vWFX	FC2132	Assoziationsanalyse
														Wolfalle in PEZ5.
0697-23	k.E.	176	X	(150)	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich Wolfalle in PEZ5.
0698-23	k.E.	188	XY	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich Wolfalle in PEZ5.
0699-23	k.E.	k.E.	XY	(130)	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0700-23	k.E.	k.E.	XY	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0701-23	(115)	k.E.	(X)Y	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich Wolfalle in PEZ5.
0702-23	k.E.	k.E.	X	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0703-23	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	(151/159)	k.E.	Nicht möglich
0704-23	132/136	168	XY	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	259	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0705-23	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	(120/136)	(200)	k.E.	(160)	k.E.	Nicht möglich
0706-23	k.E.	k.E.	Y	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0707-23	k.E.	160	XY	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0708-23	k.E.	k.E.	XY	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0709-23	110/118	k.E.	XY	(130/139)	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	(108/120)	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0710-23	k.E.	k.E.	Y	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich Wolfalle in PEZ5.
0711-23	140/144	k.E.	XY	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	255/259	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0712-23	k.E.	k.E.	X	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0713-23	136	k.E.	X	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	255/259	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0714-23	116	k.E.	XY	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich Wolfalle in PEZ5.
0715-23	k.E.	156	XY	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich → Mischprofil. Wolfalle in PEZ5.
0716-23	136	k.E.	X	136	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	255/259	k.E.	k.E.	FCI-01 Hütehund (50 %, z.B. Belgischer Schäferhund) Wolf (30 %, baltische Population)
0717-23	k.E.	k.E.	XY	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0718-23	k.E.	k.E.	XY	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0719-23	120/124	156/178	X	121/139	203/211	110	136/156	177	138	k.E.	259	137/157	k.E.	FCI-01 Hütehund (65 %, z.B. Belgischer Schäferhund) Wolf (52 %, lettische Population) --zusätzlich-- Wolf (75 %, französische Population)

Lfd. Nr.	FC2087	FC2137	AMG	PEZ03	PEZ15	FC2508	FC2361	WTF	FC2613	FC2611	FC3241	vWFX	FC2132	Assoziationsanalyse
0720-23	k.E.	k.E.	Y	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0721-23	100/132	k.E.	X	k.E.	k.E.	96/114	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich → Mischprofil. Wolfanteil in PEZ5.

\*: Angabe der spezifischen Merkmale in Basenpaareinheiten (Rohdaten) nach Auftrennung in einem ABI3130 Genetic Analyzer; (J)=Merkmale, die eine geringe Amplitude aufweisen oder nicht reproduzierbar bestimmt werden konnten. Diese werden in die Assoziationsanalyse nicht einbezogen. Signale in Klammern: Signalstärke sehr gering, SRY: Geschlechtsmarker, Y-Chromosom

Zusätzlich wurden zwei Fragmente aus dem **hypervariablen Bereich der mitochondrialen DNA**. Mit diesen kann, bei erfolgreicher Analyse, zwischen Wolf und Hund unterschieden und eine Haplotypzuordnung durchgeführt werden.

lfd. Nummer	Sequenzierungserfolg*		Hits (1-3)	Haplotyp (lt. Thai et.al. 2017)
	740 bp	319 bp		
0685-23 (Spur 1)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0686-23 (Spur 2)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0687-23 (Spur 3)	k.E.	C1, C2 Teilsequenz	HIT1: Canis lupus M45 HIT2: Canis lupus CLH2 HIT3: Canis lupus DM1124	Nicht möglich
0688-23 (Spur 4)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0689-23 (Spur 5)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0690-23 (Spur 6)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0691-23 (Spur 7)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0692-23 (Spur 8)	k.E.	C1, C2 Teilsequenz	HIT1: Canis lupus Clu73 HIT2: Canis lupus Clu67 HIT3: Canis lupus Sweden3	Nicht möglich
0693-23 (Spur 9)	k.E.	C1, C2 Teilsequenz	HIT1: Canis lupus Clu73 HIT2: Canis lupus Clu67 HIT3: Canis lupus Sweden3	Nicht möglich
0694-23 (Spur 10)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0695-23 (Spur 11)	Komplette Sequenz	Komplette Sequenz	HIT1: Canis lupus M45 HIT2: Canis lupus DM1124 HIT3: Canis lupus x Canis lupus familiaris	D1 (Leehoei et.al., 2020)
0696-23 (Spur 12)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0697-23 (Spur 13)	Komplette Sequenz	Komplette Sequenz	HIT1: Canis lupus M45 HIT2: Canis lupus DM1124 HIT3: Canis lupus x Canis lupus familiaris	D1 (Leehoei et.al., 2020)
0698-23 (Spur 14)	Komplette Sequenz	Komplette Sequenz	HIT1: Canis lupus M45 HIT2: Canis lupus DM1124 HIT3: Canis lupus x Canis lupus familiaris	D1 (Leehoei et.al., 2020)
0699-23 (Spur 15)	Komplette Sequenz	Komplette Sequenz	HIT1: Canis lupus M45 HIT2: Canis lupus DM1124 HIT3: Canis lupus x Canis lupus familiaris	D1 (Leehoei et.al., 2020)
0700-23 (Spur 16)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0701-23 (Spur 17)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0702-23 (Spur 18)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich

Ifd. Nummer	Sequenzierungserfolg*		Hits (1-3)	Haplotyp (lt. Thai et.al. 2017)
	740 bp	319 bp		
0703-23 (Spur 19)	k.E.	C1, C2 Teilsequenz	HIT1: Canis lupus Clu73 HIT2: Canis lupus Clu67 HIT3: Canis lupus Sweden3	Nicht möglich
0704-23 (Spur 20)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0705-23 (Spur 21)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0706-23 (Spur 22)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0707-23 (Spur 23)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0708-23 (Spur 24)	Komplette Sequenz	Komplette Sequenz	HIT1: Canis lupus M45 HIT2: Canis lupus CLH2 HIT3: Canis lupus DM1124	D1 (Leehoei et.al., 2020)
0709-23 (Spur 25)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0710-23 (Spur 26)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0711-23 (Spur 27)	k.E.	Teilsequenz	Rotfuchs	Nicht möglich
0712-23 (Spur 28)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0713-23 (Spur 29)	k.E.	C1, C2 Teilsequenz unsauber	HIT1: Canis lupus Clu73 HIT2: Canis lupus Clu67 HIT3: Canis lupus Clu26	Nicht möglich
0714-23 (Spur 30)	Komplette Sequenz	Komplette Sequenz	HIT1: Canis lupus M45 HIT2: Canis lupus CLH2 HIT3: Canis lupus DM1124	D1 (Leehoei et.al., 2020)
0715-23 (Spur 31)	k.E.	Komplette Sequenz	HIT1: Canis lupus M45 HIT2: Canis lupus CLH2 HIT3: Canis lupus DM1124	D1 (Leehoei et.al., 2020)
0716-23 (Spur 32)	k.E.	C1,C3-Teilsequenz	HIT1: Canis lupus familiaris Labrador retriever HIT2: Canis lupus familiaris Labrador retriever HIT3: Canis lupus	Nicht möglich
0717-23 (Spur 33)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0718-23 (Spur 34)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0719-23 (Spur 35)	Komplette Sequenz	Komplette Sequenz	HIT1: Canis lupus M45 HIT2: Canis lupus DM1124 HIT3: Canis lupus x Canis lupus familiaris	D1 (Leehoei et.al., 2020)
0720-23 (Spur 36)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0721-23 (Spur 37)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich

(A) 0687-23

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate M45 mitochondrion, partial genome</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	93%	4e-121	94.20%	16727	<a href="#">OM743395.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate CLH2 tRNA:Thr gene, partial sequence; tRNA-Pro gene, complete sequence; and D-lo...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	93%	4e-121	94.20%	394	<a href="#">OP503598.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate DM1124 mitochondrion, complete genome</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	93%	4e-121	94.20%	16690	<a href="#">MT622509.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus haplotype W1-LT control region, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	93%	4e-121	94.20%	682	<a href="#">JX508634.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus x Canis lupus familiaris isolate ehy6 cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro...</a>	<a href="#">Canis lupus x ...</a>	448	448	93%	4e-121	94.20%	1393	<a href="#">JN182126.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w32latvia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete se...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	93%	4e-121	94.20%	1402	<a href="#">JN182087.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w19latvia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete se...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	93%	4e-121	94.20%	1342	<a href="#">JN182074.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w5latvia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete seq...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	93%	4e-121	94.20%	1372	<a href="#">JN182060.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w3latvia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete seq...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	93%	4e-121	94.20%	1292	<a href="#">JN182058.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w36estonia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	93%	4e-121	94.20%	1442	<a href="#">JN182054.1</a>

(B) 0692-23

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate Clu73 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	466	466	99%	1e-126	100.00%	582	<a href="#">KY124130.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate Clu69 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	466	466	99%	1e-126	100.00%	581	<a href="#">KX898347.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate Clu26 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	466	466	99%	1e-126	100.00%	581	<a href="#">KX898321.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus lupus haplotype W8 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus lupus</a>	466	466	99%	1e-126	100.00%	496	<a href="#">KY550000.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus lupus haplotype W7 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus lupus</a>	466	466	99%	1e-126	100.00%	496	<a href="#">KY549999.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate M45 mitochondrion, partial genome</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	466	466	99%	1e-126	100.00%	16727	<a href="#">OM743395.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate CLH2 tRNA:Thr gene, partial sequence; tRNA-Pro gene, complete sequence; and D-loop, parti...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	466	466	99%	1e-126	100.00%	394	<a href="#">OP503598.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate OW17 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	466	466	99%	1e-126	100.00%	431	<a href="#">KF723525.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate OW40 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	466	466	99%	1e-126	100.00%	431	<a href="#">KF723521.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate OW104 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	466	466	99%	1e-126	100.00%	431	<a href="#">KF723520.1</a>

(C) 0693-23

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate Clu73 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	99%	4e-121	98.02%	582	<a href="#">KY124130.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate Clu69 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	99%	4e-121	98.02%	581	<a href="#">KX898347.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate Clu26 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	99%	4e-121	98.02%	581	<a href="#">KX898321.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus lupus haplotype W8 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus lupus</a>	448	448	99%	4e-121	98.02%	496	<a href="#">KY550000.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus lupus haplotype W7 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus lupus</a>	448	448	99%	4e-121	98.02%	496	<a href="#">KY549999.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate M45 mitochondrion, partial genome</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	99%	4e-121	98.02%	16727	<a href="#">OM743395.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate CLH2 tRNA:Thr gene, partial sequence; tRNA-Pro gene, complete sequence; and D-loop, parti...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	99%	4e-121	98.02%	394	<a href="#">OP503598.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate OW17 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	99%	4e-121	98.02%	431	<a href="#">KF723525.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate OW40 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	99%	4e-121	98.02%	431	<a href="#">KF723521.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate OW104 D-loop, partial sequence; mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	448	448	99%	4e-121	98.02%	431	<a href="#">KF723520.1</a>

(D) 0695-23

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate M45 mitochondrion, partial genome</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1177	1177	100%	0.0	97.47%	16727	<a href="#">OM743395.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate DM1124 mitochondrion, complete genome</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1177	1177	100%	0.0	97.47%	16690	<a href="#">MT622509.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus x Canis lupus familiaris isolate ehy6 cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, c...</a>	<a href="#">Canis lupus x Ca...</a>	1177	1177	100%	0.0	97.47%	1393	<a href="#">JN182126.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w19latvia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence; ...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1177	1177	100%	0.0	97.47%	1342	<a href="#">JN182074.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w5latvia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence; a...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1177	1177	100%	0.0	97.47%	1372	<a href="#">JN182060.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w3latvia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence; a...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1177	1177	100%	0.0	97.47%	1292	<a href="#">JN182058.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w36estonia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence; ...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1177	1177	100%	0.0	97.47%	1442	<a href="#">JN182054.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w28estonia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence; ...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1177	1177	100%	0.0	97.47%	1422	<a href="#">JN182046.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w31estonia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence; ...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1177	1177	100%	0.0	97.47%	1392	<a href="#">JN182049.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w27estonia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence; ...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1177	1177	100%	0.0	97.47%	1413	<a href="#">JN182045.1</a>

(E) 0697-23

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate M45 mitochondrion , partial genome</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1149	1149	92%	0.0	97.31%	16727	<a href="#">OM743395.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate DM1124 mitochondrion , complete genome</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1149	1149	92%	0.0	97.31%	16690	<a href="#">MT622509.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus x Canis lupus familiaris isolate ehv6 cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , c...</a>	<a href="#">Canis lupus x C...</a>	1149	1149	92%	0.0	97.31%	1393	<a href="#">JN182126.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w19latvia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequence...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1149	1149	92%	0.0	97.31%	1342	<a href="#">JN182074.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w5latvia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequence...a...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1149	1149	92%	0.0	97.31%	1372	<a href="#">JN182060.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w3latvia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequence...a...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1149	1149	92%	0.0	97.31%	1292	<a href="#">JN182058.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w36estonia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequenc...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1149	1149	92%	0.0	97.31%	1442	<a href="#">JN182054.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w28estonia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequenc...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1149	1149	92%	0.0	97.31%	1422	<a href="#">JN182046.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w31estonia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequenc...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1149	1149	92%	0.0	97.31%	1392	<a href="#">JN182049.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w27estonia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequenc...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1149	1149	92%	0.0	97.31%	1413	<a href="#">JN182045.1</a>

(F) 0698-23

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate M45 mitochondrion , partial genome</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1284	1284	99%	0.0	99.43%	16727	<a href="#">OM743395.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate DM1124 mitochondrion , complete genome</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1284	1284	99%	0.0	99.43%	16690	<a href="#">MT622509.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus x Canis lupus familiaris isolate ehv6 cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , c...</a>	<a href="#">Canis lupus x Ca...</a>	1284	1284	99%	0.0	99.43%	1393	<a href="#">JN182126.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w19latvia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequence...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1284	1284	99%	0.0	99.43%	1342	<a href="#">JN182074.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w5latvia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequence...a...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1284	1284	99%	0.0	99.43%	1372	<a href="#">JN182060.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w3latvia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequence...a...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1284	1284	99%	0.0	99.43%	1292	<a href="#">JN182058.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w36estonia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequenc...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1284	1284	99%	0.0	99.43%	1442	<a href="#">JN182054.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w28estonia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequenc...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1284	1284	99%	0.0	99.43%	1422	<a href="#">JN182046.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w31estonia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequenc...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1284	1284	99%	0.0	99.43%	1392	<a href="#">JN182049.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w27estonia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequenc...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1284	1284	99%	0.0	99.43%	1413	<a href="#">JN182045.1</a>

(G) 0699-23

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate M45 mitochondrion , partial genome</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1279	1279	99%	0.0	99.43%	16727	<a href="#">OM743395.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate DM1124 mitochondrion , complete genome</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1279	1279	99%	0.0	99.43%	16690	<a href="#">MT622509.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus x Canis lupus familiaris isolate ehv6 cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , c...</a>	<a href="#">Canis lupus x Ca...</a>	1279	1279	99%	0.0	99.43%	1393	<a href="#">JN182126.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w19latvia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequence...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1279	1279	99%	0.0	99.43%	1342	<a href="#">JN182074.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w5latvia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequence...a...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1279	1279	99%	0.0	99.43%	1372	<a href="#">JN182060.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w3latvia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequence...a...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1279	1279	99%	0.0	99.43%	1292	<a href="#">JN182058.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w36estonia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequenc...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1279	1279	99%	0.0	99.43%	1442	<a href="#">JN182054.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w28estonia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequenc...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1279	1279	99%	0.0	99.43%	1422	<a href="#">JN182046.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w31estonia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequenc...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1279	1279	99%	0.0	99.43%	1392	<a href="#">JN182049.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate w27estonia cytochrome b gene , partial cds : tRNA-Thr and tRNA-Pro genes , complete sequenc...</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	1279	1279	99%	0.0	99.43%	1413	<a href="#">JN182045.1</a>

(H) 0703-23

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate Clu73 D-loop , partial sequence , mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	361	591	80%	1e-94	93.75%	582	<a href="#">KY124130.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate Clu67 D-loop , partial sequence , mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	361	591	80%	1e-94	93.75%	582	<a href="#">KX898345.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus familiaris isolate 1-83 D-loop , partial sequence , mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus famili...</a>	361	574	80%	1e-94	93.75%	582	<a href="#">MW194777.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus isolate Sweden3 mitochondrion , partial genome</a>	<a href="#">Canis lupus</a>	361	361	49%	1e-94	93.75%	16727	<a href="#">KF661052.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus familiaris haplotype 20 control region , partial sequence , mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus famili...</a>	361	554	77%	1e-94	93.75%	561	<a href="#">GU079516.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus familiaris haplotype 17 control region , partial sequence , mitochondrial</a>	<a href="#">Canis lupus famili...</a>	361	554	77%	1e-94	93.75%	561	<a href="#">GU079513.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus familiaris mitochondrial DNA , D-loop region , partial sequence</a>	<a href="#">Canis lupus famili...</a>	361	574	80%	1e-94	93.75%	673	<a href="#">AB007401.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus familiaris mitochondrial partial D-loop , isolate AL3053</a>	<a href="#">Canis lupus famili...</a>	357	571	80%	1e-93	93.33%	16682	<a href="#">LR742782.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus familiaris genome assembly , chromosome : 1</a>	<a href="#">Canis lupus famili...</a>	357	571	80%	1e-93	93.33%	16688	<a href="#">LR745081.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Canis lupus familiaris mitochondrial gene for tRNA-Pro , D-loop , complete and partial sequence , isolate : Cf79</a>	<a href="#">Canis lupus famili...</a>	357	357	48%	1e-93	93.70%	710	<a href="#">AB605567.1</a>

(I) 0713-23

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate Clu73 D-loop, partial sequence, mitochondrial	<a href="#">Canis lupus</a>	466	746	70%	3e-126	100.00%	582	<a href="#">KY124130.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate Clu69 D-loop, partial sequence, mitochondrial	<a href="#">Canis lupus</a>	466	751	70%	3e-126	100.00%	581	<a href="#">KX898347.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate Clu26 D-loop, partial sequence, mitochondrial	<a href="#">Canis lupus</a>	466	748	70%	3e-126	100.00%	581	<a href="#">KX898321.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus lupus haplotype W8 D-loop, partial sequence, mitochondrial	<a href="#">Canis lupus lupus</a>	466	606	56%	3e-126	100.00%	496	<a href="#">KY550000.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus lupus haplotype W7 D-loop, partial sequence, mitochondrial	<a href="#">Canis lupus lupus</a>	466	609	56%	3e-126	100.00%	496	<a href="#">KY549999.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate M45 mitochondrion, partial genome	<a href="#">Canis lupus</a>	466	901	86%	3e-126	100.00%	16727	<a href="#">OM743395.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate CLH2 tRNA-Thr gene, partial sequence, tRNA-Pro gene, complete sequence, and D-loop, parti...	<a href="#">Canis lupus</a>	466	466	42%	3e-126	100.00%	394	<a href="#">OP503598.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate OW17 D-loop, partial sequence, mitochondrial	<a href="#">Canis lupus</a>	466	466	42%	3e-126	100.00%	431	<a href="#">KF723525.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate OW40 D-loop, partial sequence, mitochondrial	<a href="#">Canis lupus</a>	466	466	42%	3e-126	100.00%	431	<a href="#">KF723521.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate OW104 D-loop, partial sequence, mitochondrial	<a href="#">Canis lupus</a>	466	466	42%	3e-126	100.00%	431	<a href="#">KF723520.1</a>

(J) 0715-23

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate M45 mitochondrion, partial genome	<a href="#">Canis lupus</a>	484	766	88%	6e-132	98.88%	16727	<a href="#">OM743395.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate CLH2 tRNA-Thr gene, partial sequence, tRNA-Pro gene, complete sequence, and D-loop, partial...	<a href="#">Canis lupus</a>	484	484	49%	6e-132	98.88%	394	<a href="#">OP503598.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate DM1124 mitochondrion, complete genome	<a href="#">Canis lupus</a>	484	766	88%	6e-132	98.88%	16690	<a href="#">MT622509.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus haplotype W1-LT control region, partial sequence, mitochondrial	<a href="#">Canis lupus</a>	484	766	88%	6e-132	98.88%	682	<a href="#">JX508634.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus x Canis lupus familiaris isolate ehy6 cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, c...	<a href="#">Canis lupus x Ca...</a>	484	766	88%	6e-132	98.88%	1393	<a href="#">JN182126.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w3latvia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence, c...	<a href="#">Canis lupus</a>	484	766	88%	6e-132	98.88%	1402	<a href="#">JN182087.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w19latvia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence, c...	<a href="#">Canis lupus</a>	484	766	88%	6e-132	98.88%	1342	<a href="#">JN182074.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w5latvia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence, a...	<a href="#">Canis lupus</a>	484	766	88%	6e-132	98.88%	1372	<a href="#">JN182060.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w3latvia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence, a...	<a href="#">Canis lupus</a>	484	766	88%	6e-132	98.88%	1292	<a href="#">JN182058.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w36estonia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence, c...	<a href="#">Canis lupus</a>	484	766	88%	6e-132	98.88%	1442	<a href="#">JN182054.1</a>

(K) 0716-23

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus familiaris breed Labrador retriever chromosome 15a	<a href="#">Canis lupus famil...</a>	289	289	77%	3e-73	87.45%	64284575	<a href="#">CP050569.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus familiaris breed Labrador retriever chromosome 15b	<a href="#">Canis lupus famil...</a>	289	289	77%	3e-73	87.45%	64292917	<a href="#">CP050620.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus genome assembly, chromosome: 15	<a href="#">Canis lupus</a>	289	289	77%	3e-73	87.45%	65778685	<a href="#">HG994395.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus familiaris DNA, nuclear, pseudogene of mitochondrial cytb, tRNA-thr, tRNA-pro, D-loop, tRNA-phe, 12...	<a href="#">Canis lupus famil...</a>	289	289	77%	3e-73	87.45%	5712	<a href="#">AB048589.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus familiaris breed Labrador retriever chromosome 21a	<a href="#">Canis lupus famil...</a>	263	263	77%	2e-65	85.28%	51019060	<a href="#">CP050601.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus familiaris breed Labrador retriever chromosome 21b	<a href="#">Canis lupus famil...</a>	263	263	77%	2e-65	85.28%	51014097	<a href="#">CP050624.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus genome assembly, chromosome: 21	<a href="#">Canis lupus</a>	263	263	77%	2e-65	85.28%	53106277	<a href="#">HG994405.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus familiaris DNA, nuclear, pseudogene of mitochondrial cytb, tRNA-thr, tRNA-pro, D-loop, tRNA-phe, 12...	<a href="#">Canis lupus famil...</a>	263	263	77%	2e-65	85.28%	4131	<a href="#">AB048587.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus familiaris breed Labrador retriever chromosome 29a	<a href="#">Canis lupus famil...</a>	243	243	77%	2e-59	84.42%	41746788	<a href="#">CP050580.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus familiaris breed Labrador retriever chromosome 29b	<a href="#">Canis lupus famil...</a>	243	243	77%	2e-59	84.42%	41750700	<a href="#">CP050629.1</a>

(L) 0719-23

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate M45 mitochondrion, partial genome	<a href="#">Canis lupus</a>	1271	1271	99%	0.0	99.43%	16727	<a href="#">OM743395.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate DM1124 mitochondrion, complete genome	<a href="#">Canis lupus</a>	1271	1271	99%	0.0	99.43%	16690	<a href="#">MT622509.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus x Canis lupus familiaris isolate ehy6 cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, c...	<a href="#">Canis lupus x Ca...</a>	1271	1271	99%	0.0	99.43%	1393	<a href="#">JN182126.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w19latvia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence, c...	<a href="#">Canis lupus</a>	1271	1271	99%	0.0	99.43%	1342	<a href="#">JN182074.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w5latvia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence, a...	<a href="#">Canis lupus</a>	1271	1271	99%	0.0	99.43%	1372	<a href="#">JN182060.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w3latvia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence, a...	<a href="#">Canis lupus</a>	1271	1271	99%	0.0	99.43%	1292	<a href="#">JN182058.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w36estonia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence, c...	<a href="#">Canis lupus</a>	1271	1271	99%	0.0	99.43%	1442	<a href="#">JN182054.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w28estonia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence, c...	<a href="#">Canis lupus</a>	1271	1271	99%	0.0	99.43%	1422	<a href="#">JN182046.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w31estonia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence, c...	<a href="#">Canis lupus</a>	1271	1271	99%	0.0	99.43%	1392	<a href="#">JN182049.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w27estonia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence, c...	<a href="#">Canis lupus</a>	1271	1271	99%	0.0	99.43%	1413	<a href="#">JN182045.1</a>

Abb. 1: Ergebnis der Blastanalyse für die Probe jeweils genannte Probe.

## 5. Zusammenfassung der Ergebnisse und Begutachtung der vorgegebenen Beweisfragen

**Tab. 2. Zusammenfassung der Ergebnisse in tabellarischer Form.** Es werden jeweils die Ergebnisse der einzelnen Analysen sowie ein Fazit angegeben

Lfd. Nr.	STR Analyse/Geschlecht	Assoziationsanalyse	mtDNA Sequenzierung	Ergebnis
0685-23 (Spur 1)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
0686-23 (Spur 2)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
0687-23 (Spur 3)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Nicht möglich	<b>Teilsequenz:</b> - Wolf - Haplotypbestimmung nicht möglich	Sequenzierung zeigt wolfstypische Teilsequenz. <b>Wolf sehr wahrscheinlich.</b> <b>Wolf</b> oder Wolf-Hund-Mischling aus forensischer Sicht nicht ausgeschlossen.
0688-23 (Spur 4)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
0689-23 (Spur 5)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
0690-23 (Spur 6)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar.	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
0691-23 (Spur 7)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
0692-23 (Spur 8)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar.	Nicht möglich	<b>Teilsequenz:</b> - Wolf -Haplotypbestimmung nicht möglich	Sequenzierung zeigt wolfstypische Teilsequenz.
0693-23 (Spur 9)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Assoziationsanalyse nicht möglich. Wolfsallel in PEZ05.	<b>Teilsequenz:</b> - Wolf -Haplotypbestimmung nicht möglich	STR Analyse zeigt wolfstypisches Allel in PEZ05. Sequenzierung zeigt wolfstypische Teilsequenz. <b>Wolf sehr wahrscheinlich.</b> <b>Wolf</b> oder Wolf-Hund-Mischling aus forensischer Sicht nicht ausgeschlossen.
0694-23 (Spur 10)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar.	Assoziationsanalyse nicht möglich. Wolfsallel in PEZ05.	Nicht möglich	STR Analyse zeigt wolfstypisches Allel in PEZ05.
0695-23 (Spur 11)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Assoziationsanalyse nicht möglich.	<b>Komplette Sequenz:</b> - Wolf - Haplotyp D1 <u>Ursprung:</u> Osteuropa	Sequenzierung zeigt wolfstypischen Haplotypen. Sequenzierung spricht für mütterliche Linie Wolf.
0696-23 (Spur 12)	<b>Teilprofil:</b> - <b>männlich</b>	Assoziationsanalyse nicht möglich.	Nicht möglich	STR Analyse zeigt wolfstypisches Allel in PEZ05.
0697-23 (Spur 13)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Assoziationsanalyse nicht möglich.	<b>Komplette Sequenz:</b> - Wolf - Haplotyp D1 <u>Ursprung:</u> Osteuropa	STR Analyse zeigt wolfstypisches Allel in PEZ05. Sequenzierung zeigt wolfstypischen Haplotypen. <b>Wolf sehr wahrscheinlich.</b>

Lfd. Nr.	STR Analyse/Geschlecht	Assoziationsanalyse	mtDNA Sequenzierung	Ergebnis
				<b>Wolf</b> oder Wolf-Hund-Mischling aus forensischer Sicht nicht ausgeschlossen.
<b>0698-23 (Spur 14)</b>	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Assoziationsanalyse nicht möglich.	<b>Komplette Sequenz:</b> - Wolf - Haplotyp D1 <u>Ursprung:</u> Osteuropa	STR Analyse zeigt wolfstypisches Allel in PEZ05. Sequenzierung zeigt wolfstypischen Haplotypen. <b>Wolf sehr wahrscheinlich.</b> Wolf oder Wolf-Hund-Mischling aus forensischer Sicht nicht ausgeschlossen.
<b>0699-23 (Spur 15)</b>	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Assoziationsanalyse nicht möglich.	<b>Komplette Sequenz:</b> - Wolf - Haplotyp D1 <u>Ursprung:</u> Osteuropa	Sequenzierung zeigt wolfstypischen Haplotypen.
<b>0700-23 (Spur 16)</b>	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
<b>0701-23 (Spur 17)</b>	<b>Teilprofil:</b> - <b>männlich</b>	Assoziationsanalyse nicht möglich. Wolfsallel in PEZ05.	Nicht möglich	STR Analyse zeigt wolfstypisches Allel in PEZ05.
<b>0702-23 (Spur 18)</b>	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
<b>0703-23 (Spur 19)</b>	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Nicht möglich	<b>Teilsequenz:</b> - Wolf -Haplotypbestimmung nicht möglich	Sequenzierung zeigt wolfstypische Teilsequenz.
<b>0704-23 (Spur 20)</b>	<b>Teilprofil:</b> - <b>männlich</b>	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
<b>0705-23 (Spur 21)</b>	<b>Teilprofil:</b>	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
<b>0706-23 (Spur 22)</b>	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
<b>0707-23 (Spur 23)</b>	<b>Teilprofil:</b> - <b>männlich</b>	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
<b>0708-23 (Spur 24)</b>	<b>Teilprofil:</b> - <b>männlich</b>	Nicht möglich	<b>Komplette Sequenz:</b> - Wolf - Haplotyp D1 <u>Ursprung:</u> Osteuropa	Sequenzierung zeigt wolfstypischen Haplotypen.
<b>0709-23 (Spur 25)</b>	<b>Teilprofil:</b> - <b>männlich</b>	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
<b>0710-23 (Spur 26)</b>	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Assoziationsanalyse nicht möglich. Wolfsallel in PEZ05.	Nicht möglich	STR Analyse zeigt wolfstypisches Allel in PEZ05.
<b>0711-23 (Spur 27)</b>	<b>Teilprofil:</b> - <b>männlich</b>	Nicht möglich	<b>Teilsequenz:</b> - Rotfuchs	Canide, wahrscheinlich Rotfuchs beteiligt.
<b>0712-23 (Spur 28)</b>	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - weiblich	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
<b>0713-23 (Spur 29)</b>	<b>Teilprofil:</b> - <b>männlich</b>	Nicht möglich	<b>Teilsequenz:</b> - Wolf -Haplotypbestimmung nicht möglich	Sequenzierung zeigt wolfstypische Teilsequenz.
<b>0714-23 (Spur 30)</b>	<b>Teilprofil:</b> - <b>männlich</b>	Assoziationsanalyse nicht möglich. Wolfsallel in PEZ05.	<b>Komplette Sequenz:</b> - Wolf - Haplotyp D1 <u>Ursprung:</u> Osteuropa	STR Analyse zeigt wolfstypisches Allel in PEZ05. Sequenzierung zeigt wolfstypischen Haplotypen. <b>Wolf sehr wahrscheinlich.</b>

Lfd. Nr.	STR Analyse/Geschlecht	Assoziationsanalyse	mtDNA Sequenzierung	Ergebnis
				<b>Wolf</b> oder Wolf-Hund-Mischling aus forensischer Sicht nicht ausgeschlossen.
<b>0715-23 (Spur 31)</b>	<b>Mischprofil:</b> - <b>männlich</b>	Assoziationsanalyse nicht möglich. Wolfsallel in PEZ05.	<b>Komplette Sequenz:</b> - Wolf - Haplotyp D1 <u>Ursprung:</u> Osteuropa	Mischprofil: STR Analyse zeigt wolfstypisches Allel in PEZ05. Sequenzierung zeigt wolfstypischen Haplotypen. <b>Wolf sehr wahrscheinlich.</b> <b>Wolf</b> oder Wolf-Hund-Mischling aus forensischer Sicht nicht ausgeschlossen.
<b>0716-23 (Spur 32)</b>	<b>Teilprofil:</b> - <b>weiblich</b>	<b>FCI-01 Hütehund</b> (50 %, z.B. Belgischer Schäferhund) <b>Wolf</b> (30 %, baltische Population)	<b>Teilsequenz:</b> - Nicht eindeutig -Haplotypbestimmung nicht möglich	Zwei Analysen sprechen hier für einen Hund mit erhöhtem Wolfsanteil bzw. ist aus forensischer Sicht auch ein Wolf-Hund-Mischling möglich.
<b>0717-23 (Spur 33)</b>	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
<b>0718-23 (Spur 34)</b>	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
<b>0719-23 (Spur 35)</b>	<b>Teilprofil:</b> - <b>männlich</b>	<b>FCI-01 Hütehund</b> (65 %, z.B. Belgischer Schäferhund) <b>Wolf</b> (52 %, lettische Population) --zusätzlich-- <b>Wolf</b> (75 %, französische Population)	<b>Komplette Sequenz:</b> - Wolf - Haplotyp D1 <u>Ursprung:</u> Osteuropa	STR Analyse zeigt wolfstypisches Allel in PEZ05. Assoziationsanalyse zeigt hohen Wolfsanteil. Sequenzierung zeigt wolfstypischen Haplotypen. <b>Wolf sehr wahrscheinlich.</b> <b>Wolf</b> oder Wolf-Hund-Mischling aus forensischer Sicht nicht ausgeschlossen.
<b>0720-23 (Spur 36)</b>	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Nicht möglich	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
<b>0721-23 (Spur 37)</b>	<b>Mischprofil:</b> - <b>weiblich</b>	Assoziationsanalyse nicht möglich. Wolfsallel in PEZ05.	Nicht möglich	Mischprofil: STR Analyse zeigt wolfstypisches Allel in PEZ05.

Insgesamt wurden **37 Proben** untersucht. Die DNA-Ausbeute war dabei sehr unterschiedlich, teilweise zeigten sich Hinweise auf DNA von mehreren Tieren, so dass keine Assoziationsanalyse möglich war.

Generell zeigt sich eine große Ähnlichkeit zwischen den Merkmalsmuster, so dass von nur wenigen Tieren, bzw. sehr eng verwandten Tieren auszugehen ist.

Die Ausprägung der STR-Merkmale weist auf mindestens **4 verschiedene Wölfe** hin, wobei mehrere Proben sehr gut von nur einem Tier stammen können, bzw. mehrere der gemischten Proben den einzelnen zuzuordnen wären.

Die Assoziationsanalyse weist durchgängig auf eine ähnliche Art hin, was die enge Verwandtschaft stützt.

In 15 Fällen konnten **zusätzlich auswertbare und Sequenzen der mitochondrialen DNA** dargestellt werden. Diese zeigten, wenn soweit bestimmbar, den identischen, wolfstypischen Haplotypen D1. Auch dies weist auf eine enge Verwandtschaft mit einem identischen Ursprung hin.

Abschließend muss bemerkt werden, dass die hier untersuchte DNA aufgrund der Umstände (Stichwort: Minimalspur, Untergrund/Herkunft) in schlechter Qualität und Quantität vorliegt, was zu Veränderungen (Degradierung) führen kann. Daher könnten sowohl Allelverluste als auch –gewinne auftreten, die (geringen) Einfluss auf die oben angegebene Beurteilung haben könnten.

## 6. Methoden und Technisches

### 6.1 Methoden und Hintergrund

Die folgenden Methoden wurden vom Labor für die Spurenuntersuchung eingesetzt. Alle Methoden und Verfahren sind dabei verifiziert und validiert, in einem laufenden Qualitätsmanagementsystem eingebettet und aktuell akkreditiert (wenn nicht anders beschrieben):

(7) DNA-Extraktion (SAA\_009v002):

Die DNA-Isolierung erfolgt durch Aufschluss der kernhaltigen Zellen in mehreren Inkubations- und Waschschritten und der Zugabe sogenannter Magnetic beads. Diese binden die DNA-Moleküle, die dann erneut durch verschiedene Schritte gewaschen und eluiert werden können. Die Aufarbeitung wird dabei mit einem Extraktionsgerät von ThermoFisher durchgeführt.

(8) Generelles zur DNA-Analyse, Darstellung, Auswertung:

Die DNA oder DNS (Desoxyribonukleinsäure) ist der Träger der Erbsubstanz, die in den Zellkernen auf langen Molekülfäden spiralig angeordnet ist. Sie besteht aus Einzelbausteinen, die 4 Basen enthalten (Adenin, Thymin, Cytosin, Guanin). Die Anordnung entspricht dem genetischen Code.

An bestimmten Orten im Genom befinden sich sogenannte short tandem repeats (STRs), Bereiche der DNA, die sich durch spezifische Abfolgen von 2 bis 4 Basenpaaren Länge auszeichnen, die in Wiederholungen von 10 bis 40 vorkommen. Diese Wiederholungszahl ist individuell unterschiedlich und wird als Merkmal für jeden Genort kodominant vererbt. Bei Mischerbigkeit sind zwei unterschiedliche Fragmente (=Allele) nachweisbar. Bei Reinerbigkeit liegen zwei identische

Fragmente (Allele) vor. Diese short tandem repeats sind sämtlich in den sogenannten nicht-kodierenden Bereichen der DNA lokalisiert, so dass mit keinem Genort Rückschlüsse auf eventuelle Erkrankungen oder Fehlbildungen geschlossen werden können. Dabei werden 16 bis 23 dieser STR-Merkmale analysiert (SAA\_12v001 und 13v001). Immer ein Merkmal wird von der Mutter, eines vom Vater vererbt, so dass über den Nachweis der STRs und mit Wissen der Frequenz der einzelnen genetischen Merkmale Abstammungsgutachten durchgeführt werden können (SAA\_015v001). Zusätzlich ist auch eine Identitätsüberprüfung möglich. Da die verschiedenen Merkmale unterschiedliche Wahrscheinlichkeiten aufweisen (d.h. unterschiedlich häufig in der Bevölkerung vorkommen), kann berechnet werden, wie wahrscheinlich es ist, dass z.B. eine bestimmte biologische Spur von einer bestimmten Person stammt (SAA\_016v001), wenn all deren Merkmale mit denen der Spur übereinstimmen. Im Fall sogenannter Mischspuren, die von mehr als einer Person verursacht wurden, können ebenfalls über weitere Rechenwege nach Schneider et al, 2006 biostatistische Aussagen zur Entstehung bzw. Zugehörigkeit einer Mischspur erstellt werden (SAA\_17\_v001).

#### (10) Fragmentanalyse (SAA\_014v001):

Durch den Einsatz spezifischer, fluoreszenzmarkierter Primer können diese relativ kurzen DNA-Fragmente in einem Polymerase-Ketten-Verfahren (PCR) vervielfältigt und in einer automatischen Fragmentanalyse mittels Kapillarelektrophorese und Laserdetektion in z.B. einem AbiPrism3130 (Fa. Applied Biosystems) bestimmt werden.

#### (11) Hundespezifische Analysen (SAA\_019v001, nicht aktuell akkreditiert):

In drei verschiedenen kommerziell erhältlichen bzw. durch die CaDNAP (Canine DNA Profiling in forensic casework) Gruppe der ISFG (International Society for Forensic Genetics) empfohlenen Multiplex-Kits können STR-Merkmale amplifiziert werden, die spezifisch für die Familie der Canidae sind. In diesem Gutachten werden diese zusätzlich zu dem Stockmarks Canine for Dogs Kit von Thermo Fisher eingesetzt, sodass insgesamt 22 autosomale und 2 gonosomale Marker nachgewiesen werden können. Auch diese Merkmale kommen in unterschiedlichen Häufigkeiten vor, so dass ebenfalls einfache Identitätsuntersuchungen und Abstammungsanalysen durchgeführt werden können. Die benötigten Frequenzdaten hierzu sind einer naturwissenschaftlichen Doktorarbeit (Modrow, 2014, Kiel) entnommen und werden laufend aufgestockt. Ähnlich wie beim Menschen, gibt es auch bei Hunden spezifische Häufigkeitsverteilungen, die hier für die verschiedenen Rassen spezifisch sind. Daher kann über eine Assoziationsanalyse mit den erhaltenen Daten eine Zuordnung zu einer bestimmten Hunderasse durchgeführt werden. Hierzu müssen Daten für die entsprechende Rasse in der Datenbank vorliegen. Rassen, die hier nicht untersucht wurden, können durch diese Analyse nicht bestimmt bzw. zugeordnet werden. Zusätzlich wird eine PCR-gestützte Geschlechtsbestimmung durchgeführt.

#### (15) Hinweise zur forensisch-genetischen Rissanalyse (nicht akkreditiert):

Unsere Gesamtbeurteilung bzgl. der genetischen Übereinstimmung mit dem Wolf richtet sich nach dem Washingtoner Artenschutzabkommen Artikel II und den Mendel'schen Vererbungsregeln wie folgt:

<b>&gt;75 %</b>	es handelt sich mit großer Wahrscheinlichkeit um einen „reinrassigen“ Wolf.
<b>&lt;75 % und &gt;25 %:</b>	es handelt sich mit großer Wahrscheinlichkeit um einen Wolf-Hund-Hybriden der F1, F2, F3 oder F4 Generation bzw. deren Rückkreuzungen (B1-B4) oder einem der Hunderassen mit hoher Wolfsähnlichkeit (Sallus Wolfshund und Wolfs-/Großspitz) bzw. eines Mischlings desselben bei den niedrigeren Werten.
<b>&lt;25 %:</b>	es handelt sich mit großer Wahrscheinlichkeit nicht um einen direkten Wolfsabkömmling, sondern um einen Hund der zusätzlich angegebenen Rassen.

Gerechnet wird ab dem Nachweis von Merkmalen in 6 Genorten. Bei einem Nachweis von Merkmalen in 6 bis 7 Genorten wird ein Korrekturfaktor von 15 % einberechnet, der das eigentliche Ergebnis korrigiert; bei einem Nachweis von Merkmalen in 8 bis 9 Genorten beträgt er 10 %. Dies dient dem Vermeiden falsch-positiver bzw. negativer Spezieszuordnungen. Angegeben wird der Mittelwert.

- Die Interpretation bezüglich einer möglichen Zugehörigkeit zum Wolf bezieht sich dabei auf die Untersuchung von mehr als 6000 Hunden aus über 170 Rassen, bei denen in keinem Fall mehr als 35 % genetische Ähnlichkeit zum Wolf festgestellt werden konnte. Dabei werden die spezifischen Merkmalsmuster der Hunde mit denen der Wölfe im Rahmen einer Assoziationsstudie verglichen. Die Merkmalsmuster entstammen eigenen Untersuchungen und Literaturangaben (n=2100, Broad Institute. 2014. Broad Institute, broadinstitute.com: <http://www.broadinstitute.org/scientific-community/data>, Ganco, L., et al. Genetic diversity analysis of 10 STR's loci used for forensic identification in canine hair samples. Forensic Science International: Genetics Supplement Series 2. 2009, S. 288-289.)
- Zusätzlich beinhaltet die Analyse den Abgleich mit Merkmalen, die für den Fuchs typisch sind. Auch hierzu wurden eigene Daten erstellt und zusätzlich auf die aus der Literatur zurückgegriffen (n=68, A Multiplex PCR assay to differentiate between dog and red fox: Forensic Sci Int Genet 2011 Nov 29;5(5):411-4. Epub 2010 Dec 29, M Weissenberger, W Reichert, R Mattern/A marker set for construction of a genetic map of the silver fox (Vulpes vulpes): J Hered 2004 May-Jun;95(3):185-94, A V Kukekova, L N Trut, I N Oskina, A V Kharlamova, S G Shikhevich, E F Kirkness, G D Aguirre, G M Acland /Variation of short tandem repeats within and between species belonging to the Canidae family: Mamm Genome 1995 Jan;6(1):11-8 M Fredholm, A K Winterø).

Alle von uns untersuchten Proben werden in eine von ForGen entwickelte und geführte Datenbank eingespeist. Alle Rissproben werden als Gruppe „Risse“ geführt; alle Wolfsproben als Gruppe „Wölfe“. Letztere wird weiter unterteilt in „Baltische“ und „russische“ und „lettische“ Population. Im Rahmen einer Identitätsüberprüfung und Assoziationsanalyse

werden neue Daten mit den in der Datenbank vorhandenen Merkmalsmustern abgeglichen und Ähnlichkeitswerte bestimmt. Dies ermöglicht eine Zuordnung zu den Gruppen Riss, Wolf (mit Untergruppen), Hund (mit Untergruppen) bzw. eine Zuordnung zu einer einzelnen Probe („Match“) bei einer vollständigen Übereinstimmung. Im letzteren Fall wäre auch über die Bestimmung der Genotyp Häufigkeit eine statistische Würdigung einer Probenzugehörigkeit möglich. Stimmt ein Teilmuster mit einem Tier überein, kann auch dieses biostatistisch berechnet werden. Da allerdings die Verwandtschaftsgrade insbesondere bei den Wolfsgruppen nicht bestimmbar sind, können derartige Analysen nur als Annäherungswerte angesehen werden.

(16) Analyse der mitochondrialen DNA (mtDNA, nicht akkreditiert):

Die mitochondriale DNA (mtDNA) wird bei Hunden als Ergänzung zur Assoziationsanalyse (nDNA), wenn z.B. nicht genügend (intakte) nukleäre DNA für die Erstellung eines genetischen, autosomalen Merkmalsmusters vorliegt. D.h., wenn DNA-Qualität und -Quantität nicht für eine Analyse der nukleären DNA ausreichen. Aufgrund der maternalen Vererbung der mitochondrialen DNA (mtDNA) lässt sich diese Methodik nur eingeschränkt nutzen und wird daher von uns ergänzend zur Analyse der nukleären DNA eingesetzt. Bei der Analyse der mtDNA werden ein 319 bp und-wenn möglich- ein 740 bp großes Fragment aus dem hypervariablen Bereich des mtDNA Genoms sequenziert (anlehnend an Gundry, et al. 2007, Schneider, Seo und Rittner 1999). Das resultierende Sequenzmuster wird im letzten Schritt mittels Alignment-Algorithmen analysiert und u.a. mit der NCBI Datenbank abgeglichen. Dieses Verfahren ist durch die Wahl der Primer spezifisch für die Familie der Canidae und ermöglicht durch einen Abgleich die Erstellung eines mtDNA Haplotyps und die maternale Zuordnung z.B. zu Hund oder Wolf. Bei der Haplotypzuordnung wird sich an der Arbeit von Thai et al, 2016 orientiert.

Die mitochondriale DNA (mtDNA) wird außerdem als zusätzliche Analyse zur Speziesidentifizierung eingesetzt. Bestimmte Bereiche dieser DNA sind bei den verschiedenen Spezies unterschiedlich, so dass über die Sequenzierung dieser Bereiche und dem anschließenden Abgleich der Sequenz mit Proben in einer internationalen Datenbank („Blast“, NCBI) überprüft werden kann, zu welcher Spezies die untersuchte Probe gehört. Hierbei wird ein ca. 148 bp großes Fragment im Bereich des Cytochrom B der mitochondrialen DNA sequenziert und mit der obengenannten Datenbank abgeglichen (siehe Lopez-Oceja et al.(2016)). So ist die genetische Unterscheidung verschiedener Säugetiere, Amphibien, Reptilien und Insekten bzgl. ihrer Art und z.T. auch Unterart möglich.

## 6.2 Verbleib

Die für die vorliegende Untersuchung benutzten Spureträger/Lösungen werden gem. Verfahrensanweisung FG\_VA\_008v001 Probengewahrsam wie folgt aufbewahrt:

Material	Aufbewahrung Entsorgung
Originäre Spuren (z.B. Sektionsasservate)	1 Jahr nach erfolgter Analyse und Gutachtenausgang
Extrahierte DNA aus obigen Spuren	s.o.
Mundschleimhautabstriche/Blut als VM	Sofortige Vernichtung nach Gutachtenausgang
Extrahierte DNA aus VM	s.o.
Spureträger (Gegenstände) als VM in Identifizierungsfällen	4 Wochen nach Gutachtenausgang
Extrahierte DNA aus obigen Fällen	5 Jahre
Weitere Spureträger/Abstriche diverse ohne spezielle Vereinbarung	2 Jahre
Extrahierte DNA aus obigen Spuren	5 Jahre

Diese Fristen gelten nicht, wenn seitens des Auftraggebers Einspruch eingelegt wird, bestimmte Abmachungen vorliegen oder, wenn es sich um Analysen im Rahmen eines Tötungsdeliktes oder anderer Kapitaldelikte handelt. Diese Proben werden langfristig asserviert.