

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

prüf. nr. 0280/2013 www.kfqa.de

**ForGen - Forensische Genetik
und Rechtsmedizin am Institut
für Hämatopathologie GmbH**

Stichting De Hoge Veluwe Nationale Park
Jakob Leidekker
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
URL: <http://www.forensik-hh.de>

Hamburg, den 25.06.2023

Betreff: Molekulargenetische Analyse (SU0246-23)

Bezug:	Speziesidentifikation 11 Haarproben
Beschluss/Auftrag vom:	Privat
Eingang des Auftrags an unserem Institut:	30.05.2023
Eingang des Spurenmaterials an unserem Institut:	30.05.2023

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:

01.06.2023	bis	22.06.2023
------------	-----	------------

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

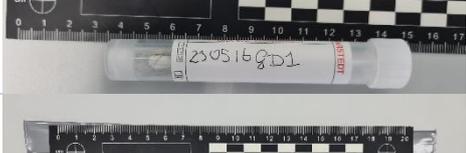


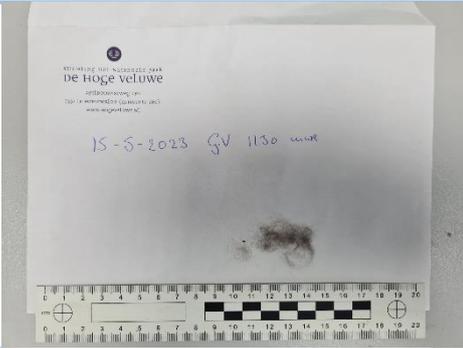
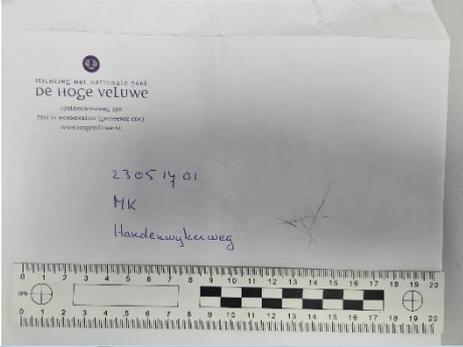
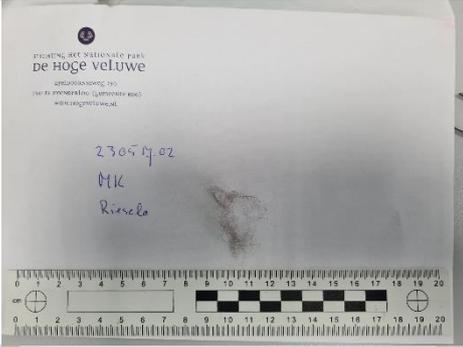
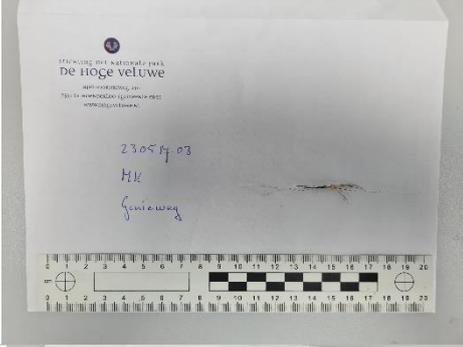
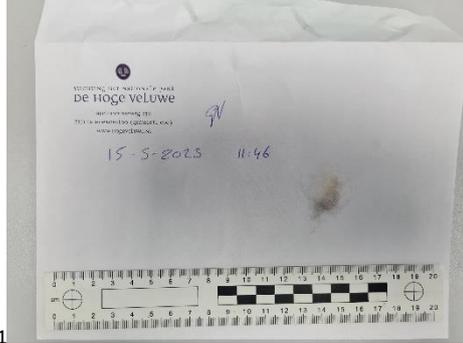
Forensische Genetik und Rechtsmedizin
am Institut für Hämatopathologie GmbH

Hamburger Sparkasse
IBAN: DE61200505501002238630
BIC: HASPDEHHXXX

3.1 Spurenmaterial

Die im Folgenden beschriebenen 11 Spureträger bzw. biologische Spuren wurden untersucht:

Bezeichnung	lfd. Nummer	Beschreibung	Durchgeführte Methoden	Foto
Spur 1	0671-23	Abstrich Forensic Swab mit diversen grau-braunen Haaren, ca. 7 cm lang: die Haare werden gemeinsam komplett aufgearbeitet	Extraktion von Minimal Spuren, Quantifizierung von DNA, Erstellung eines genetischen, autosomalen Merkmalsmusters, Geschlechtsbestimmung, Sequenzierung der mitochondrialen DNA	
Spur 2	0672-23	s.o.	s.o.	
Spur 3	0673-23	s.o.	s.o.	
Spur 4	0674-23	s.o.	s.o.	
Spur 5	0675-23	Haarbüschel in Plastik-Zipper-Beutel, braun, 1-6 cm lang: die Haare werden gemeinsam, komplett aufgearbeitet	s.o.	
Spur 6	0676-23	s.o.	s.o.	

Bezeichnung	lfd. Nummer	Beschreibung	Durchgeführte Methoden	Foto
Spur 7	0677-23	s.o., maximal 2 cm lang	s.o.	
Spur 8	0678-23	s.o., weiß-graubraun-weiß	s.o.	
Spur 9	0679-23	s.o., maximal 2 cm lang	s.o.	
Spur 10	0680-23	s.o., Haare sind „verklebt“	s.o.	
Spur 11	0681-23	s.o., maximal 2 cm lang	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
0671-23	-	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	118/122	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0672-23	-	(110)	k.E.	k.E.	k.E.	104	k.E.	k.E.	178/182	k.E.	k.E.
0673-23	+	k.E.	155/177	k.E.	k.E.	96	k.E.	k.E.	178	k.E.	k.E.
0674-23	-	110	k.E.	k.E.	k.E.	104	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0675-23	+	114	137/147	231	289/297	96/112	k.E.	268/272	176/180	232	277
0676-23	-	(110)	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	178/182	254	k.E.
0677-23	k.E.	k.E.	k.E.	(219)/229	k.E.	112/120	k.E.	(260)	k.E.	250/258	k.E.
0678-23	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	96/104	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.
0679-23	+	114	170/177	219/249/257	k.E.	96/104/112/120	k.E.	260/264	178/182	250/258	k.E.
0680-23	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	323	k.E.	k.E.	k.E.	178/182	k.E.	k.E.
0681-23	k.E.	110	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.

Multiplex II/III:

Lfd. Nr.	FC2087	FC2137	AMG	PEZ03	PEZ15	FC2508	FC2361	WTF	FC2613	FC2611	FC3241	vWFX	FC2132	Assoziationsanalyse
0671-23	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	84	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0672-23	107/(123)	160	Y	k.E.	k.E.	102/110	k.E.	k.E.	94	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0673-23	115	k.E.	Y	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	72/94	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich Wolfsalle in PEZ05.
0674-23	119	(160)	Y	k.E.	k.E.	106/110	k.E.	k.E.	94	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0675-23	119/123	160	XY	134/137	203/207	106/110	135/145	168/190	(130/138)	(192/204)	259/271	132/164	275/289	FCI-01 Hütehunde (55 %, z.B. belgischer Schäferhund) Wolf (60 %, lettische Population) --zusätzlich-- Wolf (85 %, französische Population)
0676-23	k.E.	156	XY	k.E.	180	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0677-23	131/135	k.E.	XY	k.E.	k.E.	96/110/(114)	k.E.	k.E.	94	k.E.	255/259	(164).	k.E.	Nicht möglich

Lfd. Nr.	FC2087	FC2137	AMG	PEZ03	PEZ15	FC2508	FC2361	WTF	FC2613	FC2611	FC3241	vWFX	FC2132	Assoziationsanalyse
0678-23	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 Wolfsallel in PEZ05.
0679-23	103/119/131/135	k.E.	XY	(113)	k.E.	102/114/118	k.E.	k.E.	138	k.E.	259	(136)	k.E.	Nicht möglich Mischspur Wolfsallel in PEZ05.
0680-23	k.E.	160	XY	k.E.	k.E.	102/114	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	Nicht möglich
0681-23	k.E.	k.E.	Y	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	k.E.	259	k.E.	k.E.	Nicht möglich

*: Angabe der spezifischen Merkmale in Basenpaareinheiten (Rohdaten) nach Auftrennung in einem ABI3130 Genetic Analyzer; ()=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		
0671-23 (Spur 1)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich
0672-23 (Spur 2)	Komplette Sequenz	Komplette Sequenz	HIT1: Canis lupus M45 HIT2: Canis lupus CLH2 HIT3: Canis lupus DM1124	D1 (Leehoei et.al., 2020)
0673-23 (Spur 3)	k.E.	C1, C2 Teilsequenz	HIT1: Canis lupus M45 HIT2: Canis lupus CLH2 HIT3: Canis lupus OW17	Nicht möglich
0674-23 (Spur 4)	k.E.	C1, C2 Teilsequenz	HIT1: Canis lupus familiaris BOK_5 HIT2: Canis lupus lu49 HIT3: Canis lupus familiaris G3_NK	Nicht möglich
0675-23 (Spur 5)	Komplette Sequenz	Komplette Sequenz	HIT1: Canis lupus M45 HIT2: Canis lupus x Canis lupus familiaris HIT3: Canis lupus DM1124	D1 (Leehoei et.al., 2020)
0676-23 (Spur 6)	k.E.	C1, C2 Teilsequenz	HIT1: Canis lupus DM1124 HIT2: Canis lupus x Canis lupus familiaris HIT3: Canis lupus w19latvia	D1 (Leehoei et.al., 2020)
0677-23 (Spur 7)	k.E.	C1, C2 Teilsequenz	HIT1: Canis lupus familiaris 15a HIT2: Canis lupus familiaris 15b HIT3: Canis lupus 15	Nicht möglich
0678-23 (Spur 8)	k.E.	C1, C2 Teilsequenz	HIT1: Canis lupus Clu73 HIT2: Canis lupus Clu67 HIT3: Canis lupus Sweden3	Nicht möglich
0679-23 (Spur 9)	k.E.	k.E.	HIT1: Canis lupus DM1124 HIT2: Canis lupus x Canis lupus familiaris HIT3: Canis lupus w19latvia	Nicht möglich
0680-23 (Spur 10)	k.E.	C1, C2 Teilsequenz	HIT1: Canis lupus Clu73 HIT2: Canis lupus Clu67 HIT3: Canis lupus Sweden3	Nicht möglich
0681-23 (Spur 11)	k.E.	k.E.	Nicht möglich	Nicht möglich

(A) 0672-23

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	Canis lupus	492	962	89%	6e-134	98.95%	16727	OM743395.1
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate CLH2 tRNA-Thr gene, partial sequence, tRNA-Pro gene, complete sequence, and D-loop, partial sequence	Canis lupus	492	663	61%	6e-134	98.95%	394	OP503588.1
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate DM1124 mitochondrion, complete genome	Canis lupus	492	962	89%	6e-134	98.95%	16690	MT622509.1
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus haplotype WY1-LT control region, partial sequence, mitochondrial	Canis lupus	492	962	89%	6e-134	98.95%	682	JX508634.1
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus x Canis lupus familiaris isolate ehy6 cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence	Canis lupus x Canis lupus familiaris	492	962	89%	6e-134	98.95%	1393	JN182126.1
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w32latvia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence	Canis lupus	492	962	89%	6e-134	98.95%	1402	JN182087.1
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w19latvia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence	Canis lupus	492	962	89%	6e-134	98.95%	1342	JN182074.1
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w5latvia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence	Canis lupus	492	962	89%	6e-134	98.95%	1372	JN182060.1
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w3latvia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence	Canis lupus	492	962	89%	6e-134	98.95%	1292	JN182058.1
<input checked="" type="checkbox"/> Canis lupus isolate w3gestonia cytochrome b gene, partial cds, tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence	Canis lupus	492	962	89%	6e-134	98.95%	1442	JN182054.1

(B) 0673-23

	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	Canis lupus	216	216	81%	3e-51	80.38%	16727	OM743395.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate CLH2 tRNA-Thr gene, partial sequence, tRNA-Pro gene, complete sequence, and D-loop, partial...	Canis lupus	216	216	81%	3e-51	80.38%	394	QP503598.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate OW17 D-loop, partial sequence, mitochondrial	Canis lupus	216	216	81%	3e-51	80.38%	431	KF723525.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate OW40 D-loop, partial sequence, mitochondrial	Canis lupus	216	216	81%	3e-51	80.38%	431	KF723521.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate OW104 D-loop, partial sequence, mitochondrial	Canis lupus	216	216	81%	3e-51	80.38%	431	KF723520.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate DM1124 mitochondrion, complete genome	Canis lupus	216	216	81%	3e-51	80.38%	16690	MT622509.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus haplotype W1+T control region, partial sequence, mitochondrial	Canis lupus	216	216	81%	3e-51	80.38%	682	JX508634.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus x Canis lupus familiaris isolate ehv6 cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, c...	Canis lupus x Ca...	216	216	81%	3e-51	80.38%	1393	JN182126.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate w3latvia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence; a...	Canis lupus	216	216	81%	3e-51	80.38%	1402	JN182087.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate w19latvia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence; a...	Canis lupus	216	216	81%	3e-51	80.38%	1342	JN182074.1

(C) 0674-23

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris isolate BOK_5 tRNA-Thr gene, partial sequence, tRNA-Pro gene, complete sequence, and D...	Canis lupus famili...	77.0	77.0	39%	1e-09	85.14%	730	MG920368.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus clone lu49 control region, partial sequence, mitochondrial	Canis lupus	77.0	77.0	39%	1e-09	85.14%	425	AY812734.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris isolate G3_NK_HAMRAT_K15 control region, partial sequence, mitochondrial	Canis lupus famili...	76.1	76.1	38%	4e-09	85.51%	472	KY744769.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris isolate F3_NK_OMS_K27 control region, partial sequence, mitochondrial	Canis lupus famili...	75.2	75.2	38%	4e-09	85.51%	473	KY744758.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis familiaris H289 mitochondrial control region, partial sequence	Canis lupus famili...	75.2	75.2	38%	4e-09	85.92%	1273	AY240047.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris isolate D11_BN_AGD_BS control region, partial sequence, mitochondrial	Canis lupus famili...	74.3	74.3	38%	1e-08	85.51%	474	KY744799.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris isolate D10_BN_AGD_B1 control region, partial sequence, mitochondrial	Canis lupus famili...	74.3	74.3	38%	1e-08	85.51%	474	KY744798.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris isolate C4_BN_AGD_B7 control region, partial sequence, mitochondrial	Canis lupus famili...	74.3	74.3	38%	1e-08	85.51%	474	KY744789.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris isolate B4_BN_AGD_B19 control region, partial sequence, mitochondrial	Canis lupus famili...	74.3	74.3	38%	1e-08	85.51%	474	KY744785.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris isolate old_D12_DJ46 control region, partial sequence, mitochondrial	Canis lupus famili...	74.3	74.3	38%	1e-08	85.51%	474	KY700671.1

(D) 0675-23

	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	Canis lupus	1210	1210	100%	0.0	99.85%	16727	OM743395.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate DM1124 mitochondrion, complete genome	Canis lupus	1210	1210	100%	0.0	99.85%	16690	MT622509.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus x Canis lupus familiaris isolate ehv6 cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, c...	Canis lupus x Ca...	1210	1210	100%	0.0	99.85%	1393	JN182126.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate w19latvia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence; a...	Canis lupus	1210	1210	100%	0.0	99.85%	1342	JN182074.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate w5latvia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence; a...	Canis lupus	1210	1210	100%	0.0	99.85%	1372	JN182060.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate w3latvia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence; a...	Canis lupus	1210	1210	100%	0.0	99.85%	1292	JN182058.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate w3gestonia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequenc...	Canis lupus	1210	1210	100%	0.0	99.85%	1442	JN182054.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate w28estonia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequenc...	Canis lupus	1210	1210	100%	0.0	99.85%	1422	JN182046.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate w31estonia cytochrome b gene, partial cds; tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequenc...	Canis lupus	1210	1210	100%	0.0	99.85%	1392	JN182049.1

(E) 0677-23

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus genome assembly, chromosome: 21	Canis lupus	293	293	96%	1e-74	80.14%	53106277	HG994405.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris breed Labrador retriever chromosome 21a	Canis lupus famili...	291	291	93%	5e-74	80.85%	51019060	CP050601.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris breed Labrador retriever chromosome 21b	Canis lupus famili...	291	291	93%	5e-74	80.85%	51014097	CP050624.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris DNA, nuclear pseudogene of mitochondrial cytb, tRNA-thr, tRNA-pro, D-loop, tRNA-phe_1...	Canis lupus famili...	291	291	93%	5e-74	80.85%	4131	AB048587.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris DNA, nuclear pseudogene of mitochondrial cytb, tRNA-thr, tRNA-pro, D-loop, tRNA-phe_1...	Canis lupus famili...	286	286	96%	2e-72	79.39%	5712	AB048589.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris breed Labrador retriever chromosome 15a	Canis lupus famili...	284	341	96%	8e-72	79.39%	64284575	CP050569.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris breed Labrador retriever chromosome 15b	Canis lupus famili...	284	341	96%	8e-72	79.39%	64292917	CP050620.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus genome assembly, chromosome: 15	Canis lupus	284	341	96%	8e-72	79.39%	65778685	HG994395.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus genome assembly, chromosome: 29	Canis lupus	243	243	96%	2e-59	76.69%	44093449	HG994412.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris DNA, nuclear pseudogene of mitochondrial cytb, tRNA-thr, tRNA-pro, D-loop, tRNA-phe_1...	Canis lupus famili...	243	243	96%	2e-59	76.69%	4251	AB048588.1

(F) 0678-23

	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	Canis lupus	886	886	99%	0.0	100.00%	582	KY124130.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate Clu67 D-loop, partial sequence: mitochondrial	Canis lupus	882	882	99%	0.0	99.80%	582	KX898345.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate Sweden3 mitochondrion, partial genome	Canis lupus	880	880	99%	0.0	99.80%	16727	KF661052.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate Clu69 D-loop, partial sequence: mitochondrial	Canis lupus	878	878	99%	0.0	99.80%	581	KX898347.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus lupus haplotype W7 D-loop, partial sequence: mitochondrial	Canis lupus lupus	878	878	99%	0.0	99.80%	496	KY549999.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate M45 mitochondrion, partial genome	Canis lupus	878	878	99%	0.0	99.80%	16727	OM743395.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate DM1124 mitochondrion, complete genome	Canis lupus	878	878	99%	0.0	99.80%	16690	MT622509.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus haplotype W1-LT control region, partial sequence: mitochondrial	Canis lupus	878	878	99%	0.0	99.80%	682	JX508634.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus x Canis lupus familiaris isolate ehy6 cytochrome b gene, partial cds: tRNA-Thr and tRNA-Pro genes...	Canis lupus x Ca...	878	878	99%	0.0	99.80%	1393	JN182126.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate w32latvia cytochrome b gene, partial cds: tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence:...	Canis lupus	878	878	99%	0.0	99.80%	1402	JN182087.1

(G) 0679-23

	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	Canis lupus famil...	230	230	88%	1e-55	81.98%	64284575	CP050569.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris breed Labrador retriever chromosome 15b	Canis lupus famil...	230	230	88%	1e-55	81.98%	64292917	CP050620.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus genome assembly, chromosome: 15	Canis lupus	230	230	88%	1e-55	81.98%	65778685	HG994395.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris DNA, nuclear, pseudogene of mitochondrial cytb, tRNA-thr, tRNA-pro, D-loop, tRNA-phe, 1...	Canis lupus famil...	230	230	88%	1e-55	81.98%	5712	AB048589.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris breed Labrador retriever chromosome 21a	Canis lupus famil...	223	223	92%	2e-53	79.22%	51019060	CP050601.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris breed Labrador retriever chromosome 21b	Canis lupus famil...	223	223	92%	2e-53	79.22%	51014097	CP050624.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus genome assembly, chromosome: 21	Canis lupus	223	223	92%	2e-53	79.22%	53106277	HG994405.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris DNA, nuclear, pseudogene of mitochondrial cytb, tRNA-thr, tRNA-pro, D-loop, tRNA-phe, 1...	Canis lupus famil...	223	223	92%	2e-53	79.22%	4131	AB048587.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris breed Labrador retriever chromosome 29a	Canis lupus famil...	183	183	86%	2e-41	77.88%	41746788	CP050580.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus familiaris breed Labrador retriever chromosome 29b	Canis lupus famil...	183	183	86%	2e-41	77.88%	41750700	CP050629.1

(H) 0680-23

	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	Canis lupus	862	862	99%	0.0	98.57%	582	KY124130.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate Clu67 D-loop, partial sequence: mitochondrial	Canis lupus	857	857	99%	0.0	98.37%	582	KX898345.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate Sweden3 mitochondrion, partial genome	Canis lupus	856	856	99%	0.0	98.37%	16727	KF661052.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate Clu69 D-loop, partial sequence: mitochondrial	Canis lupus	854	854	99%	0.0	98.37%	581	KX898347.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus lupus haplotype W7 D-loop, partial sequence: mitochondrial	Canis lupus lupus	854	854	99%	0.0	98.37%	496	KY549999.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate M45 mitochondrion, partial genome	Canis lupus	854	854	99%	0.0	98.37%	16727	OM743395.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate DM1124 mitochondrion, complete genome	Canis lupus	854	854	99%	0.0	98.37%	16690	MT622509.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus haplotype W1-LT control region, partial sequence: mitochondrial	Canis lupus	854	854	99%	0.0	98.37%	682	JX508634.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus x Canis lupus familiaris isolate ehy6 cytochrome b gene, partial cds: tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, c...	Canis lupus x Ca...	854	854	99%	0.0	98.37%	1393	JN182126.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Canis lupus isolate w32latvia cytochrome b gene, partial cds: tRNA-Thr and tRNA-Pro genes, complete sequence:...	Canis lupus	854	854	99%	0.0	98.37%	1402	JN182087.1

Abb. 1: Ergebnis der Blastanalysen für die 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
0671-23 (Spur 1)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar.	Nicht möglich	- Nicht möglich	Die vorliegenden Daten reichen für eine weitere Eingrenzung nicht aus.
0672-23 (Spur 2)	Teilprofil: - männlich	Nicht möglich	Komplette Sequenz: - Wolf - Haplotyp D1 - Ursprung: Osteuropa	Sequenzierung zeigt wolfstypischen Haplotypen.
0673-23 (Spur 3)	Teilprofil: - männlich	Nicht möglich Wolfsallel in PEZ05.	Teilsequenz: - Wolf	STR Analyse zeigt wolfstypisches Allel in PEZ05.

Lfd. Nr.	STR Analyse/Geschlecht	Assoziationsanalyse	mtDNA Sequenzierung	Ergebnis
			- Haplotypbestimmung nicht möglich	Sequenzierung zeigt wolfstypische Teilsequenz. Wolf sehr wahrscheinlich. Wolf oder Wolf-Hund-Mischling aus forensischer Sicht nicht ausgeschlossen.
0674-23 (Spur 4)	Teilprofil: - männlich	Assoziationsanalyse nicht möglich.	Teilsequenz: - Wolf/Hund - Haplotypbestimmung nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich
0675-23 (Spur 5)	Vollprofil: - männlich	FCI-01 Hütehunde (75 %, z.B. belgischer Schäferhund) Wolf (60 %, lettische Population) --zusätzlich-- Wolf (85 %, französische Population)	Komplette Sequenz: - Wolf - Haplotyp D1 <u>Ursprung:</u> Osteuropa	Zwei Analysen sprechen hier für einen Wolf bzw. ist aus forensischer Sicht auch ein Wolf-Hund-Mischling möglich. Eher Wolf, mütterliche Linie Wolf
0676-23 (Spur 6)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar.	Assoziationsanalyse nicht möglich.	Teilsequenz: - Wolf - Haplotyp D1 - <u>Ursprung:</u> Osteuropa	Sequenzierung zeigt wolfstypischen Haplotyp.
0677-23 (Spur 7)	Teilprofil: - männlich	Assoziationsanalyse nicht möglich.	Teilsequenz: - Wolf/Hund - Haplotypbestimmung nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich, Hinweise auf Mischspur
0678-23 (Spur 8)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Assoziationsanalyse nicht möglich. Wolfsallel in PEZ05.	Teilsequenz: - Wolf -Haplotypbestimmung nicht möglich	Zwei Analysen sprechen hier für einen Wolf bzw. ist aus forensischer Sicht auch ein Wolf-Hund-Mischling möglich. Eher Wolf, mütterliche Linie Wolf
0679-23 (Spur 9)	Mischspur - männlich	Assoziationsanalyse nicht möglich. Wolfsallel in PEZ05.	Teilsequenz: - Wolf -Haplotypbestimmung nicht möglich	Mischspur mindestens zweier Canidae. STRs zeigen wolfspezifisches Allel in PEZ 5. Sequenzierung spricht für mütterliche Linie Wolf.
0680-23 (Spur 10)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Assoziationsanalyse nicht möglich.	Teilsequenz: - Wolf -Haplotypbestimmung nicht möglich	Sequenzierung zeigt wolfstypische Teilsequenz.
0681-23 (Spur 11)	Nur vereinzelte Merkmale nachweisbar. - männlich	Assoziationsanalyse nicht möglich.	Nicht möglich	Canide, keine weitere Aussage möglich

Von den 11 Haarproben zeigten sich in einer Spur nur einzelne Signale (Probe 1), während zwei Haarbüschel DNA von mindestens zwei Tieren aufweisen (Proben 7 und 9).

Eine Probe (Probe 5) führt zu einem kompletten Profil, das einem männlichen Tier zuzuordnen ist, dass die gleichen genetischen Assoziationen aufweist, wie auch die in den Vorgutachten typisierten Tiere.

Aus den anderen Proben ließen sich durchgängig Merkmale für männliche Tiere nachweisen; die mitochondriale DNA zeigte entweder den gleichen Haplotypen D1 oder aber

Teilsequenzen spezifisch für Wolf und oder Hund. Desweiteren zeigen sich hohe Ähnlichkeiten zwischen den Merkmalsmustern, die auf eine enge Verwandtschaft zwischen den Tieren bzw. auf die Herkunft nur weniger Tiere hinweisen. Dies wird ebenfalls durch die mitochondriale DNA bestätigt, die in vergleichbaren Sequenzen identisch ist und dem gleichen Haplotypen D1 zuzuordnen ist.

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 spiralförmig 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:

- | | |
|-------------------------------|---|
| >75 % | es handelt sich mit großer Wahrscheinlichkeit um einen „reinrassigen“ Wolf. |
| <75 % und >25 %: | 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. |
| <25 %: | 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 Genotyphäufigkeit 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 Spurenräger/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.
Spurenräger (Gegenstände) als VM in Identifizierungsfällen	4 Wochen nach Gutachtenausgang
Extrahierte DNA aus obigen Fällen	5 Jahre
Weitere Spurenräger/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.