

## Die Unterbringung

In verschiedenen Hotels in Mainz sind Zimmerkontingente unter dem Stichwort „DGAB 2010“ vorgebucht. Eine Auflistung entnehmen Sie bitte dem Einleger. Ihre Hotelrechnung begleichen Sie bitte beim Auschecken selbst.

## Das Organisatorische

Die Veranstaltung findet im Rahmen der Jahrestagung der AG der Sachverständigen für Abstammungsgutachten der Bundesrepublik Deutschland e.V. und der deutschsprachigen Arbeitsgruppe in der ISFG in Mainz statt.

**Bitte beachten Sie, dass eine Anmeldung zu unserem Workshop unabhängig von der Anmeldung zur Jahrestagung der Sachverständigen erfolgen muss.**

Das Seminar findet im Hörsaal des Instituts für Rechtsmedizin der Universität zu Mainz, Am Pulverturm 3 statt. Es beginnt am Donnerstag, dem 17. Juni 2010 pünktlich um 11:00 Uhr und dauert bis 17:00 Uhr.

Die Teilnehmerzahl ist auf 20 begrenzt.

Ja, ich möchte mich anmelden:

Mitglied der DGAB

ja       nein

\_\_\_\_\_  
Vorname, Name

\_\_\_\_\_  
Institut, Firma

\_\_\_\_\_  
Straße

\_\_\_\_\_  
PLZ, Ort

\_\_\_\_\_  
Telefon / Telefax

\_\_\_\_\_  
Email

\_\_\_\_\_  
Datum, Unterschrift

**Haben Sie weitere Fragen?**

Ihre Ansprechpartnerin ist Frau Schwarzhoff  
Tel. 0228 / 287 - 14628  
Fax.: 0228 / 287 - 14572  
Email: Beate.Schwarzhoff@ukb.uni-bonn.de

Prof. Dr. Max P. Baur  
Dr. Rolf Fimmers  
Universität Bonn

## Einladung

zum Workshop

## Statistik in der Abstammungsbegutachtung

17. Juni 2010

**in Mainz**

Diese Veranstaltung wird von der AG der Sachverständigen für Abstammungsgutachten der Bundesrepublik Deutschland e. V. als Fortbildungsmaßnahme anerkannt.

## Die Inhalte

### ☞ Populationsgenetische Grundlagen

Die Anwendung statistischer Methoden in der Abstammungsbegutachtung beruht auf einer Reihe von vereinfachenden Annahmen über die Häufigkeit und die Vererbung genetischer Informationen (z. B. das Hardy-Weinberg-Gleichgewicht).

Diese Konzepte und Annahmen werden dargestellt und diskutiert, um die Grundlage für den weiteren Kurs zu schaffen.

### ☞ Berechnung statistischer Kenngrößen in Terzetenfällen

Ausgangspunkt der wichtigsten Kenngrößen ist die Wahrscheinlichkeit (**Likelihood**), die beobachteten genetischen Ausprägungen unter Annahme von Vaterschaft und bei einem in Wahrheit unverwandten Putativvater zu finden. Der Quotient der Likelihoods unter diesen alternativen Annahmen bestimmt sowohl den **EM-Wert**, als auch die Bayes'sche à-posteriori Wahrscheinlichkeit, den **W-Wert**.

Ein anderes Verfahren, die genetische Information über die fragliche Vaterschaft zu bewerten, ist die Angabe der allgemeinen oder der speziellen **Ausschlusschance**. Ziel dieses zweiten Abschnittes ist es, Sie mit den Grundlagen zur Berechnung dieser Größen vertraut zu machen.

### ☞ Einführung in die Berechnung von Defizienzfällen

Die Berechnung von Defizienzfällen basiert auf den gleichen Prinzipien wie die Berechnung der Terzetenfälle. Unterschiede liegen in der aufwendigeren Berechnung der Likelihoods unter den verschiedenen Verwandtschaftshypothesen und in der möglicherweise komplexeren Hypothesenstruktur. Um einen ersten Einblick in diese Problematik zu geben, werden einige einfache Beispiele ausführlich dargestellt und mit dem Softwareprogramm zur Biostatistischen Abstammungsbegutachtung gelöst.

### ☞ Einführung in die Berechnung bei möglichen Mutationen

Das Auftreten einzelner Mutationen in STR-Systemen macht es notwendig, Mutationsereignisse in die Wahrscheinlichkeitsberechnungen einzu beziehen. Das zunehmende Wissen über Art und Wahrscheinlichkeit dieser Mutationsereignisse erlaubt immer differenziertere Aussagen. Ausgehend von den grundsätzlich theoretischen Überlegungen über die Einbeziehung von Mutationsereignissen in die Likelihoodberechnung und der Kenntnis über Auftretenswahrscheinlichkeiten von Ein-, Zwei- und Mehrschrittmutationen wird ein Konzept für die Behandlung von Mutationsereignissen entwickelt. Die Berechnung der statistischen Kenngrößen bei Mutationsereignissen wird mit Hilfe eines Computerprogramms demonstriert.

## Die Referenten

**Prof. Dr. Max P. Baur** ist Direktor des Instituts für Medizinische Biometrie, Informatik und Epidemiologie am Universitätsklinikum Bonn. Einer seiner Schwerpunkte ist die Anwendung statistischer Methoden in Abstammungsbegutachtung, Populationsgenetik und genetischer Epidemiologie.

**Dr. Rolf Fimmers** ist wissenschaftlicher Mitarbeiter am Institut für Medizinische Biometrie, Informatik und Epidemiologie am Universitätsklinikum Bonn. Als Mathematiker und Statistiker liegt sein Forschungsinteresse auf der modellhaften Abbildung genetischer Prozesse und der Entwicklung mathematischer Methoden im Bereich der genetischen Epidemiologie und der Biometrie.

## Die Kosten

Die Gebühren für das Seminar betragen für Mitglieder der DGAB € 190,- zzgl. MwSt. Die Gebühren für Nichtmitglieder betragen € 230,- zzgl. MwSt. In diesem Preis sind eine Kaffeepause und ein Mittagessen enthalten. Im Falle Ihrer Anmeldung erhalten Sie von uns eine Rechnung mit Rechnungsnummer. Bitte überweisen Sie den aufgeführten Betrag unter Angabe der Rechnungsnummer erst nach Erhalt der Rechnung

