

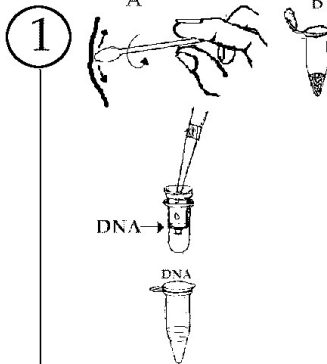
# Le Coeur du Roi

- Wie wurde das Geheimnis um die Identität von Louis XVII aufgedeckt? -

Auf Grund ihrer besonderen Struktur ist mitochondriale DNA (mtDNA) im Vergleich zu Kern-DNA (nDNA) viel unempfindlicher gegenüber DNA-abbauenden Einflüssen. Zudem wird mtDNA nur über die mütterliche Linie an die Nachkommen weiter gegeben und bleibt so über Generationen relativ konstant. Daraus ergibt sich die Möglichkeit, Identitätsnachweise an sehr geringen und/oder an sehr alten (fossilen) Geweberesten durchzuführen.

In unserem Experiment verwenden wir eine Region innerhalb der mtDNA, die für einen Sequenzvergleich geeignet ist. Auf diese Weise wird z. B. die rechtsmedizinische Vorgehensweise nachvollziehbar gemacht, die die tatsächliche Abstammung von Personen aufklärt, die behaupten, Nachkommen hoher Herrscherhäuser zu sein.

## 1. Isolierung der DNA mit Hilfe von Silika Technologie und Zentrifugation

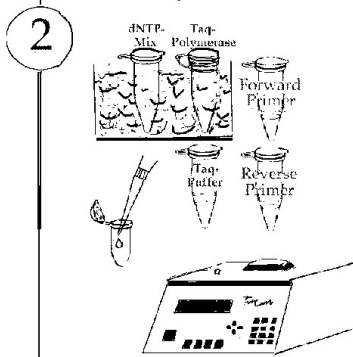


DNA wird aus Mundschleimhautzellen (und optional aus Vergleichsmaterial) isoliert.

Dazu wird ein Verfahren benutzt, bei dem die DNA an eine Silika Membran gebunden wird.

Am Ende wird die hoch gereinigte DNA in einem Puffer aufgefangen.

## 2. Vervielfältigung eines bestimmten DNA-Abschnitts mit PCR (Polymerase Chain Reaction)

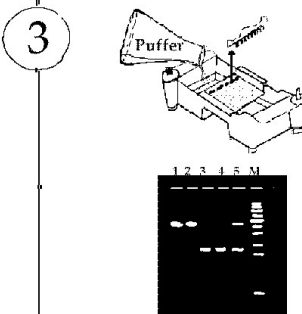


Aufreinigung des PCR-Produkts

Mit Hilfe der "Polymerase Ketten Reaktion" können auch geringste Mengen von DNA nachgewiesen werden, indem die isolierte DNA gezielt vervielfältigt wird. In unserem Experiment handelt es sich um eine hyper-variable Region in der mt-DNA.

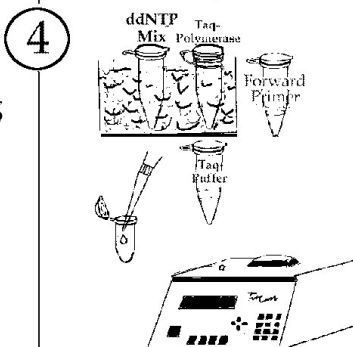
Nach der 1. PCR wird das PCR-Produkt so aufgereinigt, dass überschüssige Primer und dNTPs entfernt sind.

## 3. Überprüfung der vorangegangenen Schritte durch Gelelektrophorese



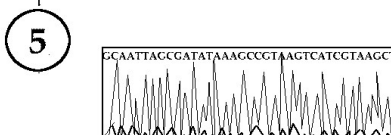
Um die isolierte DNA und das aufgereinigte PCR-Produkt sichtbar zu machen, werden sie auf Agarose-Gele aufgetragen. Nach Anlegen einer Spannung wandert die DNA durch das Porensystem des Gels.

## 4. PCR mit markierten ddNTPs zur Vorbereitung der mtDNA Sequenzierung



Für die 2. PCR werden keine dNTPs, sondern ddNTPs verwendet. Mit Hilfe dieser ddNTPs kann die Abfolge der Nucleotide im PCR-Produkt von einem Sequenzierautomaten bestimmt werden.

## 5. Sequenzierung des PCR-Produktes aus der mtDNA nach Sanger



In der Abt. Genomanalyse des HZI wird das 2. PCR-Produkt sequenziert.

Auf Wunsch ist auch eine Führung durch diese Abteilung möglich.