

11. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung (DGAB)

gemeinsam mit der
Deutschsprachigen Arbeitsgruppe der
International Society of Forensic Genetics (ISFG)

11.-13. Juni 2015, Frankfurt am Main

Tagungsprogramm

Organisation:

Institut für Transfusionsmedizin und Immunhämatologie
Institut für Rechtsmedizin
Johann Wolfgang Goethe-Universitätsklinikum

Bild und Layout: clipVISION Michael Wicander
Web Video & Image Productions, Frankfurt am Main

Grußwort

Liebe Kolleginnen und Kollegen,

im Namen des Vorstandes und des lokalen Organisationskomitees möchten wir Sie herzlichst zu der 11. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung (DGAB) gemeinsam mit der deutschsprachigen Arbeitsgruppe der International Society for Forensic Genetics (ISFG) in Frankfurt begrüßen.

Der wissenschaftliche Schwerpunkt der diesjährigen Tagung umfasst aktuelle Entwicklungen auf dem Gebiet der Abstammungsbegutachtung mit Übersichtsvorträgen zu den Themen der Y-chromosomalen Analyse, dem Chimärismus-Monitoring sowie den Möglichkeiten zur Erstellung von Phantombildern.

Weiterhin haben wir eine Vielzahl von wissenschaftlichen Beiträgen erhalten.

Der Tagungsort 'Literaturhaus' findet sich in dem Gebäude der historischen Stadtbibliothek im Herzen der Frankfurter Innenstadt mit der 'Alten Oper', Theatern, Museen, wie dem 'Städel' und einer Vielzahl von Restaurants und Bars.

Wir würden uns daher sehr freuen, Sie in Frankfurt zu einer wissenschaftlich anregenden Tagung begrüßen zu können.

Christian Seidl
Erhard Seifried

Richard Zehner
Marcel Verhoff

Allgemeine Informationen

Tagungsort

Workshops:

Klinikum der Johann Wolfgang Goethe Universität
in den Räumlichkeiten
des Instituts für Transfusionsmedizin und Immunhämatologie
DRK Blutspendedienst Baden-Württemberg-Hessen
Sandhofstraße 1, 60528 Frankfurt am Main

Wissenschaftliche Tagung:

Literaturhaus,
Schöne Aussicht 2, 60311 Frankfurt am Main

Veranstalter:

Deutsche Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung (DGAB) e.V.

Kongresspräsidenten

Christian Seidl, Frankfurt
Richard Zehner, Frankfurt

Tagungsorganisation und Veranstalter der Industrieausstellung

Institut für Transfusionsmedizin und Immunhämatologie
Institut für Rechtsmedizin

Tagungssekretariat:

Frau Tanja Knoth
Tel.: 069-6782-444
Fax.: 069-6782-254
e-mail: t.knoth@blutspende.de
mobil: 0172-6974100

Allgemeine Informationen

DGAB - Vorstand

Peter Schneider, Präsident (Köln)
Robert Martin, Schatzmeister (Hamburg)
Matthias Muche, Schriftführer (Hamburg)

Lokales Organisationskomitee

Susanne Badura (Frankfurt)
Birgit Brüggemann (Frankfurt)
Vicky Ferrara (Frankfurt)
Tanja Knoth (Frankfurt)
Svenja Schütt (Frankfurt)
Ute Rabold (Frankfurt)
Christian Seidl (Frankfurt)
Erhard Seifried (Frankfurt)
Marcel Verhoff (Frankfurt)
Romy Weber (Frankfurt)
Barbara Zajac (Frankfurt)
Richard Zehner (Frankfurt)

Registrierung

Wissenschaftliches Programm:

bei Anmeldung bis zum 30.04.2015:

voller Beitrag	EUR 120,00
reduzierter Beitrag für MTAs, Studierende:	EUR 100,00

bei Anmeldung ab dem 01.05.2015:

voller Beitrag	EUR 150,00
reduzierter Beitrag für MTAs, Studierende:	EUR 135,00

Donnerstag, 11. Juni (Workshops)*

Workshop Strategien I oder Strategien II

für Mitglieder der DGAB:	EUR 155,00
für Nichtmitglieder:	EUR 185,00

*Vorregistrierung erforderlich

„Get together“ – Donnerstag, 11. Juni 2015

Apfelweingaststätte „Lorsbacher Thal“, Große Rittergasse 49, 60594 Frankfurt	Selbstzahler
---	--------------

Gesellschaftsabend - Freitag, 12. Juni 2015

- Frankfurter Gesellschaft ‚Villa Bonn‘,
Siesmayerstraße 12, 60323 Frankfurt

Teilnahme am Abendprogramm am Freitag
(einschl. Abendessen und Getränke)

für TagungsteilnehmerInnen:	EUR 25,00
für jede Begleitperson:	EUR 70,00

Registrierung und Industrieausstellung

Registrierung

Deutsche Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung (DGAB)

www.dgab.de

p. Adr. Institut für Blutgruppenserologie und Genetik
Holsteinischer Kamp 67
22081 Hamburg
Tel. +49 (40) 2999310, Fax +49 (40) 290755

Haftung

Der Veranstalter tritt in jedem Fall nur als Vermittler auf und haftet nicht für Verluste, Unfälle oder Schäden an Personen und Sachen, gleich welchen Ursprungs.

Industrieausstellung:

Die Industrieausstellung findet im Literaturhaus statt.

Für Informationen über Sponsoring oder Standgebühren wenden Sie sich bitte an Herrn PD Dr. Richard Zehner (zehner@em.uni-frankfurt.de), Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Frankfurt am Main.

Programm, Donnerstag 11. Juni 2015

Ort: Institut für Transfusionsmedizin und Immunhämatologie
Sandhofstraße 1, Frankfurt am Main – Campus Niederrad

ab 10:00

Registrierung

Ort: Eingangsfoyer, EG

11:00 – 17:30

Workshop – Strategien I

Ort: Kursraum 2, EG

Workshop – Strategien II

Ort: Konferenzraum, EG

ab 19:00

Get Together

Ort: *Apfelweingaststätte 'Lorsbacher Thal'*
Große Rittergasse 49, 60594 Frankfurt am Main

Programm, Freitag 12. Juni 2015

Ort: Literaturhaus, Schöne Aussicht 2, Frankfurt am Main

ab 9:00 Registrierung, Eingangsfoyer, EG

9:45-10:30 **Mitgliederversammlung des Bundesverbandes**

10:30-11:00 **Eröffnung der Industrieausstellung**
Kaffeepause und Besuch der Industrieausstellung

11:00-12:20 **Eröffnungssitzung – Session 1**
Vorsitz: Christian Seidl (Frankfurt), Richard Zehner (Frankfurt)

11:00-11:20 **Begrüßung**
Peter Schneider (Köln), Präsident der DGAB

Christian Seidl (Frankfurt), Kongresspräsident
Richard Zehner (Frankfurt), Kongresspräsident

11:20-11:50 **Y-chromosomale Analyse und Abstammung**
Lutz Roewer (Berlin)

11:50-12:00 **Entwicklung und Validierung einer STR-Multiplex-PCR zur Abstammungsanalyse bei Tauben**
Kristina Schulze Johann, Stephan Köhnemann, Marianne Schürenkamp, Ulla Sibbing, Heidi Pfeiffer (Münster)

12:00-12:10 **Mehrverkehr und Vaterschaftsberechnung**
Christian Seidl, Erhard Seifried, Rolf Fimmers (Frankfurt)

12:10-12:20 **Empfehlungen für die Beurteilung von W-Werten in (Halb-)Geschwisterfällen auf der Grundlage von empirischen und simulierten Daten**
Micaela Poetsch, Rolf Fimmers, Elena Podrucks, Thorsten Schwark, Wolfgang Göpel, Nicole von Wurmb-Schwark (Essen/Bonn/Graz)

Programm, Freitag 12. Juni 2015

12:20-13:20 Mittagspause

13:20-14:30 **Wissenschaftliches Programm - Session 2**
Vorsitz: Marcel Verhoff (Frankfurt), Klaus Bender (Mainz)

13:20-13:50 **Zum Chimärismus-Monitoring in der Transplantationsdiagnostik**
Marion Nagy (Berlin)

13:50-14:00 **Analyse mit zwei Kits – unterschiedliche Ergebnisse in der Vaterschaftsdiagnostik**
Frank Heidorn (Gießen)

14:00-14:10 **DNA-Typisierung und Abstammungsuntersuchung an 70 Jahre alten Knochenfunden aus dem 2. Weltkrieg**
Uta-Dorothee Immel und Rüdiger Lessig (Halle)

14:10-14:20 **Geschwisterschaftsbeurteilung anhand X-chromosomaler Marker: Mutation oder Rekombination bzw. wieviele X-Marker brauchen wir?**
Sandra Hering, Jeanett Edelmann, Susanne Haas (Dresden/Leipzig/Wien)

14:20-14:30 **Der Knochen aus der Tiefe – Verwandtschaftsanalyse nach 66 Jahren auf dem Grund eines Sees**
Cornelius Courts (Bonn)

14:30-15:00 Kaffeepause Besuch der Industrieausstellung

Programm, Freitag 12. Juni 2015

- 15:00-15:55 **Wissenschaftliches Programm – Session 3**
Vorsitz: Carsten Proff (Wiesbaden), Matthias Muche (Hamburg)
- 15:00-15:20 **Akkreditierungsanforderungen**
Uwe Zimmerman (Frankfurt)
- 15:20-15:35 **„DAkKS-Aktuell“ – Aspekte der Fachbegutachtung**
Peter Wiegand (Ulm)
- 15:35-15:45 **Lass die Finger von der Schwester!**
Yvonne Kendel, Magdalena Bogus, Theresa Groß (Köln)
- 15:45-15:55 **War's der Bruder?**
Yvonne Kendel, Magdalena Bogus, Theresa Groß (Köln)
- 16:00-16:30 **Mitgliederversammlung der deutschsprachigen Arbeitsgruppe der ISFG**
- 19:00 – 23:00 **Gesellschaftsabend**
Ort: Villa Bonn' der Frankfurter Gesellschaft
für Industrie, Handel und Wissenschaft
Siesmayerstrasse 12, 60323 Frankfurt am Main
- 19:00 Empfang
19:30 Begrüßung
20:00 Essen

Wissenschaftliches Programm, Samstag 13. Juni 2015

Ort: Literaturhaus, Schöne Aussicht 2, Frankfurt am Main

- 9:00-10:00 **Mitgliederversammlung der DGAB**
- 10:00-10:30 Kaffeepause und Besuch der Industrierausstellung
- 10:30-11:50 **Wissenschaftliches Programm - Session 4**
Vorsitz: Robert Martin (Hamburg), Peter Bugert (Mannheim)
- 10:30-11:00 **Das genetische Phantombild: Fakt oder Fiktion?**
Peter Schneider (Köln)
- 11:00-11:10 **Open Source Software „Familias“ für die Abstammungsbegutachtung – Erste Erfahrungen aus Anwendersicht**
Hannah Holtkötter, Marianne Schürenkamp, Heidi Pfeiffer, Marielle Vennemann (Münster)
- 11:10-11:20 **Abstammungsbegutachtung bei Cannabis: Prinzipien und Anwendungsmöglichkeiten in der Fallarbeit**
Christian Lischka, Laura Valverde, Stephan Köhnemann, Heidi Pfeiffer (Münster)
- 11:20-11:35 **Komplex - Mal ganz einfach**
Frank Götz (Dresden)
- 11:35-11:50 **Qualitätssicherung bei der Herstellung von Reagenzien für die STR-Analyse: ISO 18385 Anforderungen**
Burkhard Löffel (Mannheim)

Wissenschaftliches Programm, Samstag 13. Juni 2015

11:50-12:15 Kaffeepause und Besuch der Industrieausstellung

12:15-13:00 **Abschlussveranstaltung**
Vorsitz: Peter Schneider (Köln)

12:15-12:35 DGAB Ringversuch
Peter Schneider (Köln)

12:35-13:00 **Verabschiedung**
Ankündigung der 12. DGAB Tagung

13:00 **Ende der Tagung**

Gesellschaftliches Programm

Donnerstag, 11. Juni 2015

ab 19:00 **Get Together**

Apfelweingaststätte ‚Lorsbacher Thal‘
Große Rittergasse 49, 60594 Frankfurt am Main

Bis 1803 reicht die Tradition der einzigartigen Schankwirtschaft zurück. Begründete hier einst alter Sachsenhäuser Apfelwein-Adel den guten Ruf der Gaststätte Lorsbacher Thal.

Freitag, 12. Juni 2015

19:00 **Gesellschaftsabend**
Villa Bonn, Siesmayerstrasse 12, 60323 Frankfurt am Main

Der Gesellschaftsabend mit Sektempfang, Essen und Getränken sowie Entertainment ist in der **‘Villa Bonn’ der Frankfurter Gesellschaft für Industrie, Handel und Wissenschaft** vorgesehen.

Das Clubhaus ist eines der wenigen vollständig erhaltenen, großbürgerlichen Palais in Frankfurt und dient Mitgliedern aus Wirtschaft und Wissenschaft, aus Kultur und Politik um über Grenzen von Parteien und Weltanschauungen hinweg, in gastlicher Atmosphäre einen intensiven Gedankenaustausch zu pflegen.

Teilnahme am Abenprogramm am Freitag
(einschl. Abendessen und Getränke)

für TagungsteilnehmerInnen:	EUR 25,00
für jede Begleitperson:	EUR 70,00

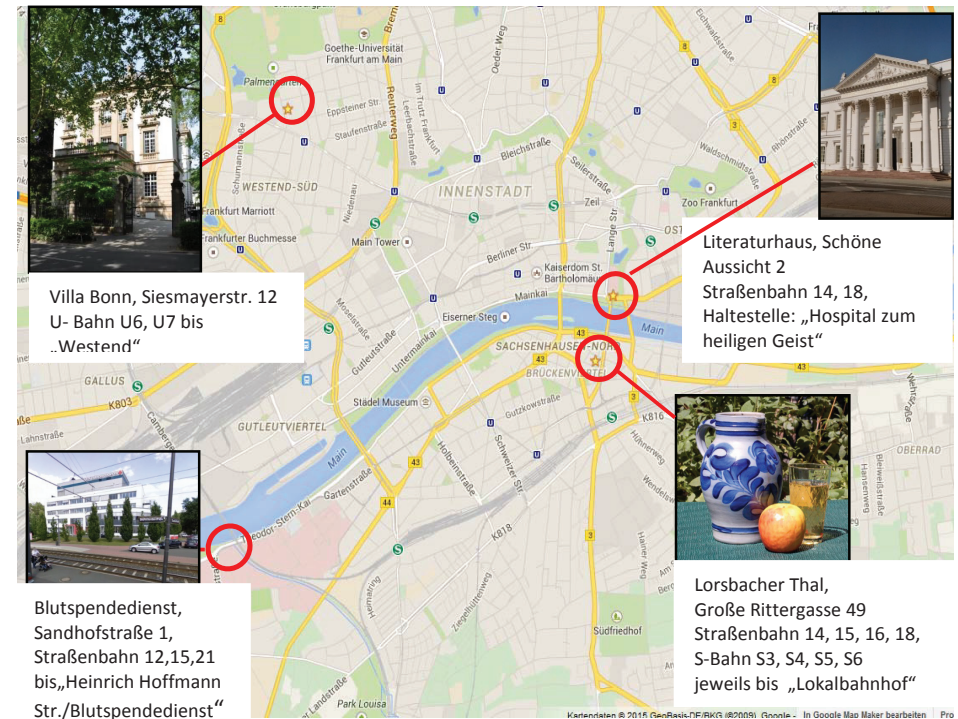
Lageplan - Campus Niederrad (Donnerstag 11. Juni 2015)

Tagungsort (Workshops)

Institut für Transfusionsmedizin und Immunhämatologie
Universitätsklinikum Frankfurt am Main
Sandhofstraße 1, 60528 Frankfurt/Main



DGAB 2015 Veranstaltungsorte



Abstracts

Y Chromosomale Analyse und Abstammung

Lutz Roewer

Institut für Rechtsmedizin und Forensische Wissenschaften, Abteilung Forensische Genetik, Charité – Universitätsmedizin Berlin, Berlin

Die Y-chromosomale Analyse trägt in ausgewählten Fällen zur Klärung von Verwandtschaftsverhältnissen bei. So kann die Feststellung der Übereinstimmung/Nichtübereinstimmung Y-chromosomaler Haplotypen die Zugehörigkeit der untersuchten männlichen Personen zu ein und derselben Patrilinee eher wahrscheinlich oder eher unwahrscheinlich machen. Da sich Y-Chromosomen zwischen eng oder weitläufig Verwandten nur durch die Zahl zufällig auftretender Mutationen unterscheiden, kommt den locus-spezifischen Mutationsraten und damit der Auswahl geeigneter Marker eine besondere Bedeutung zu. Aussagen zur Wahrscheinlichkeit einer Verwandtschaft müssen die Chance einer Mutation/Nichtmutation an jedem Locus berücksichtigen, weiterhin die Zahl der meiotischen Transfers und die Häufigkeit der detektierten Haplotypen in der Population. Die YHRD als forensische Referenzdatenbank für Y-chromosomale Haplotypen stellt entsprechende Daten und Parameter zur Verfügung und ermöglicht auch LR-Berechnungen für eine Reihe einfacher Konstellationen. Lineare Marker wie die Y-chromosomale DNA werden überdies häufig für Untersuchungen eingesetzt, die den Begriff „Abstammung“ weiter fassen. Jedes Y-Chromosom kann aufgrund seines besonderen Erbgangs als ein jahrtausendealtes genealogisches Archiv betrachtet werden. Diese Eigenschaft wird vielfach für sogenannte „Herkunftsuntersuchungen“ ausgenutzt. Der Vortrag geht kurz auf einige Aspekte dieser populären Dienstleistung ein.

Abstracts

Entwicklung und Validierung einer STR-Multiplex-PCR zur Abstammungsanalyse bei Tauben

Kristina Schulze Johann, Stephan Köhnemann, Marianne Schürenkamp, Ulla Sibbing, Heidi Pfeiffer, Institut für Rechtsmedizin, Münster

Um eine Abstammungsanalyse für Zuchttauben bereitstellen zu können, wurde eine neue Multiplex-PCR zur Detektion von STR-Systemen entwickelt. Dafür wurden aus dem Taubengenom vier neue polymorphe STR-Marker und acht literaturbekannte Systeme kombiniert, so dass die Multiplex 11 STR-Systeme sowie einen geschlechtsspezifischen Marker enthält. Somit wird die Klärung konkreter Fragestellungen zur Verwandtschaft von Tauben ermöglicht. Alle Systeme wurden hinsichtlich Sensitivität, (Spezies-)Spezifität und Reproduzierbarkeit validiert. Zudem wurden alle bisher beobachteten Allele durch Sequenzierung bestätigt, so dass eine repeatbezogene Allelnomenklatur angewendet werden kann. Schließlich wurde eine Reihenuntersuchung an 167 Tieren durchgeführt. Des Weiteren wurden alle in der Analyse gewonnenen Populationsdaten biostatistischen Berechnungen unterzogen, so dass mathematische Werte zur Beurteilung der Aussagekraft zur Verfügung stehen. Im Vortrag werden die Validierungsdaten diskutiert und Anwendungsfelder aufgezeigt.

Abstracts

Empfehlungen für die Beurteilung von W-Werten in (Halb-)Geschwisterfällen auf der Grundlage von empirischen und simulierten Daten

Micaela Poetsch¹, Rolf Fimmers², Elena Podrups³, Thorsten Schwark^{4,5}, Wolfgang Göpel⁶, Nicole von Wurmb-Schwark³

¹Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Essen

²Institut für Medizinische Statistik, Informatik und Epidemiologie, Universität Bonn

³Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Schleswig-Holstein

⁴Institut für Gerichtliche Medizin, Medizinische Universität Graz

⁵Ludwig Boltzmann Institut für Klinisch-Forensische Bildgebung, Graz

⁶Klinik für Kinderheilkunde, Universitätsklinikum Schleswig-Holstein

Die Frage nach Geschwisterschaft oder Halbgeschwisterschaft ist ein häufiges Problem in der Abstammungsbegutachtung. Neben der Analyse autosomaler STRs kann in manchen Fällen die Untersuchung gonosomaler Marker aufschlussreich sein und zur Bestimmung der Verwandtschaftsbeziehung beitragen. In vielen Fällen bringt deren Untersuchung jedoch keinerlei Mehrwert, so dass ausschließlich autosomale STRs analysiert werden. Dabei stellt sich allerdings die Frage, wie aussagekräftig der so erhaltene W-Wert tatsächlich ist, also ob einerseits ein Wert von 99,9 % tatsächlich eine Verwandtschaft bestätigt und ob andererseits weniger als 50 % sicher auf eine Nichtverwandtschaft hindeuten. Um diese Frage zu beantworten, wurden 346 zweieiige Zwillinge, 30 bestätigte Halbgeschwister und 100 unverwandte Personen mit dem Powerplex® 16 Kit bzw. dem Powerplex® 21 Kit typisiert und die W-Werte für Vollgeschwisterschaft bzw. Halbgeschwisterschaft bestimmt. Darüber hinaus wurden aus den Allelfrequenzen für eine deutsche Population jeweils 1 Million Vollgeschwister, Halbgeschwister und unverwandte Personen simuliert und ebenfalls W-Werte für die möglichen Verwandtschaftsverhältnisse berechnet. Aus dem Vergleich der Ergebnisse des empirischen und des simulierten Ansatzes werden Empfehlungen zur Beurteilung der in konkreten Fällen erhaltenen Werte formuliert.

Abstracts

Zum Chimärismus-Monitoring in der Transplantationsdiagnostik

Marion Nagy, Institut für Rechtsmedizin und Forensische Wissenschaften, Abteilung Forensische Genetik, Charité – Universitätsmedizin Berlin, Berlin

In der Forensischen Genetik des Institutes für Rechtsmedizin der Charité Berlin werden seit 25 Jahren, seit der ersten Knochenmark-Transplantation in der Charité, Chimärismus-Analysen nach Stammzelltransplantation durchgeführt.

Basierend auf diesen langjährigen Erfahrungen des Monitorings von Engraftment, des Nachweises von Immuntherapien, der Detektion von Mikro-Chimärismen nach adulter und pädiatrischer Stammzelltransplantation sowie der Leber-Transplantation wird die Methodik diskutiert und zur Einführung von Standards in der Chimärismus-Diagnostik Stellung genommen.

Das genetische Phantombild – Fakt oder Fiktion?

Peter M. Schneider

Institut für Rechtsmedizin, Medizinische Fakultät der Universität Köln

Die Identifizierung eines unbekannten Spurenlegers anhand seines DNA-Profiles ist mit Hilfe der nationalen DNA-Analyse-Datei beim BKA seit mittlerweile 18 Jahren ein fest etabliertes Verfahren zur Ermittlung von Straftätern. Diese Methode versagt jedoch, wenn der unbekannte Spurenleger nicht in der DAD erfasst ist. Daher zielt die forensisch-genetische Forschung der letzten 10 Jahre vor allem darauf ab, mit Hilfe neu etablierter genetischer Marker zusätzliche Informationen über den Unbekannten zu entschlüsseln. Dabei stehen vor allem vier verschiedene Arten genetischer Information im Vordergrund: die Identifizierung der Spurenart mit molekularbiologischen Verfahren wie z.B. der mRNA-Analyse, Information über die biogeographische Herkunft, die Vorhersage äußerlich sichtbarer Körpermerkmale bis hin zu Gesichtszügen, und die Vorhersage des biologischen Alterns einer unbekannten Person zum Zeitpunkt der Entstehung einer Spur.

Abstracts

Analyse mit zwei Kits – unterschiedliche Ergebnisse in der Vaterschaftsdiagnostik

Frank Heidorn, Heike Felske-Zech, Christin Gruber – Institut für Rechtsmedizin der Universität Gießen, Gießen

Die Analyse von zwei unabhängig aufgearbeiteten DNA-Proben einer Person in zwei verschiedenen PCR-Multiplex-Kits (Power Plex® 16 und Power Plex® 21, beide Fa. Promega) führt nicht immer zur gewünschten Verifizierung der Analysebefunde. Fielen sog. stumme Allele bei der Analyse mit nur einem Kit meist nur durch eine entgegengesetzte Reinerbigkeit auf, so sind diese bei der Anwendung von zwei unterschiedlichen Analysekits auch dann zu entdecken, wenn sich kein Ausschluss ergibt. Ursache für das Auftreten von stummen Allelen ist i. d. R. eine Basenpaar-substitution in der Primerbindungsregion. So wurde von Lotte Henke bereits 2004 eine Variante des Allels 10 im Locus D5S818 beschrieben, die sich mit dem Power Plex® 16 Kit nicht nachweisen ließ; die Häufigkeit dieser Variante wird immerhin mit ca. 0,5 % in der kaukasischen Bevölkerung angegeben.

Bei stummen Allelen ist es noch einfach zu entscheiden, welches der „richtige“ Genotyp ist. Was aber ist zu tun mit diskordanten Ergebnissen wie Allel 11 im Power Plex® 16 und Allel 10.4 im Power Plex® 21 für das Penta E?

DNA-Typisierung und Abstammungsuntersuchung an 70 Jahre alten Knochenfunden aus dem 2. Weltkrieg

Uta-Dorothee Immel¹ und Rüdiger Lessig¹

Institut für Rechtsmedizin, Martin-Luther-Universität Halle, Halle

Im Jahr 2013 wurden im Raum Landkreis Wittenberg zwei Skelette in einem Waldstück geborgen, bei denen man nach Hinweisen eines Einwohners aus dem nahegelegenen Ortschaft gestoßen ist. Zusätzlich gab es Hinweise zur Identität der beiden Skelette.

Die Identifizierung der beiden verstorbenen Soldaten sollte durch molekulargenetische Untersuchungen durchgeführt werden, sodass eine Umbettung auf einen Soldatenfriedhof durchgeführt und möglich wäre.

Die Untersuchungen und Ergebnisse der Identifizierung werden vorgestellt.

Abstracts

Geschwisterschaftsbeurteilung anhand X-chromosomaler Marker: Mutation oder Rekombination bzw. wieviele X-Marker brauchen wir?

Sandra Hering¹, Jeanett Edelmann², Susanne Haas³, Nikolaus Gräsern³

¹ *Institut für Rechtsmedizin Dresden*

² *Institut für Rechtsmedizin Leipzig*

³ *Labor Confidence DNA-Analysen GmbH, Wien*

Für die Beurteilung einer Abstammung von der gleichen Mutter bietet sich das Argus-X-12-Kit an. Es werden drei Fälle vorgestellt, bei denen das Set von 4 Gruppen eng gekoppelter Marker nicht ausreichend war, um die vermutete Geschwisterschaft nachzuweisen. Im ersten Fall fanden sich nur wenige Übereinstimmungen in den mütterlichen Merkmalen, die auch zufällig sein könnten. In den beiden anderen Fällen gab es Unstimmigkeiten innerhalb der Haplotypen, so dass seltene Mutations- bzw. Rekombinationsereignisse vermutet wurden. Zur Klärung wurden zusätzliche X-STRs typisiert.

Die Fallvorstellungen demonstrieren, dass zur Beurteilung von Defizienzfällen anhand X-chromosomaler STR-Marker neben den Häufigkeiten von Haplotypen auch ausreichende Daten zu Mutationsraten und Rekombinationsereignissen zwischen eng gekoppelten Markern erforderlich sind und dass die im Argus-X-12-Kit verfügbaren Marker unter Umständen nicht ausreichen.

DAkS-Aktuell – Aspekte der Fachbegutachtung

Peter Wiegand

Abt. Forensische Genetik Rechtsmedizin, Ulm

Neue Gremienbeschlüsse

Besonderheiten zur Prüfmittelüberwachung

Anforderungen im Rahmen der flexiblen Akkreditierung

Überarbeitung der Speziellen Regel zur Umsetzung der DIN EN ISO/IEC 17025 für forensische DNA-Laboratorien

Der Knochen aus der Tiefe – Verwandtschaftsanalyse nach 66 Jahren auf dem Grund eines Sees

C. Courts, B. Madea

Institut für Rechtsmedizin, Universität Bonn, Bonn

Im Juni 2008 wurde vom Kampfmittelräumdienst Rheinland-Pfalz im Rahmen eines Gefahrerforschungseinsatzes bezüglich eines im August 1942 in den See gestürzten britischen Halifax-Bombers unter anderem auch ein Fragment eines menschlichen Schienbeinknochens vom Grund des Maria-Laacher-Sees geborgen. Um für die forensische Identifikation ein DNA-Profil des Knochens zu erstellen, wurde zunächst eine eigene Methode entwickelt.

Historische Nachforschungen ergaben dann, dass der Knochen nur von einem britischen oder einem kanadischen Besatzungsmitglied stammen konnte. Es gelang, Kontakt zu hinterbliebenen Familienangehörigen des britischen Besatzungsmitglieds aufzunehmen und eine DNA-Probe des möglichen, noch lebenden leiblichen Bruders zu erhalten. Aufgrund des Vergleichs der Profile ergab sich jedoch nur eine sehr geringe Verwandtschaftswahrscheinlichkeit. Erst einige Jahre später ließ sich über behördliche Mittelspersonen die hinterbliebene Familie des kanadischen Besatzungsmitglieds ausfindig machen. Auch hier stellte ein noch lebender leiblicher Bruder eine DNA-Probe zur Verfügung. Ein Vergleich ergab hier eine hohe Wahrscheinlichkeit für eine biologische Brüderschaft. Der Knochen wurde im Juli 2014 auf dem Rheinberg War Cemetery mit militärischen Ehren bestattet.

Defizienzfälle, in denen die Familienkonstellation eine wichtige Rolle spielt (1)

Dr. Yvonne Kendel¹, Dr. Magdalena Bogus², Theresa Groß²

¹LGC Forensics GmbH, Köln; ²Institut für Rechtsmedizin Köln

Lass die Finger von der Schwester!

Im ersten Fall wurde uns der Auftrag erteilt ein komplexes Verwandtschaftsverhältnis aufzuklären, bei dem die Familienverhältnisse sich als schwierig erwiesen und der Verdacht der Inzucht im Raum stand. Herr H.-P. erstattete Anzeige, da seine leibliche Tochter C. mit seinem angeblichen Sohn S. ein Kind gezeugt haben soll. Es galt zunächst zu klären, ob das behauptete Verwandtschaftsverhältnis stimmt und die beiden Beteiligten C. und S. Halbgeschwister väterlicherseits sind. Des Weiteren galt festzustellen, ob es sich bei dem untersuchten Kind um das leibliche Kind der Beteiligten C. und S. handelt. Hierzu wurden die Proben der Personen mit den Kits PowerPlex 18 D (Promega Corp), HD-Plex (Qiagen) und NGM SElect (Applied Biosystems) typisiert und die 32 Markersysteme ausgewertet.

Defizienzfälle, in denen die Familienkonstellation eine wichtige Rolle spielt (2)

Dr. Yvonne Kendel¹, Dr. Magdalena Bogus², Theresa Groß²

¹LGC Forensics GmbH, Köln; ²Institut für Rechtsmedizin Köln

War's der Bruder?

Beim zweiten Fall handelte es sich um einen klassischen Terzett-Fall, bei dem sich mit dem Kit PowerPlex 18 D (Promega Corp) in zwei Markersystemen Ausschlüsse ergaben. Die daraufhin erweiterte Analyse mit Hilfe der Untersuchungs-Kits HD-Plex, Argus X12 (Qiagen) und NGMselect (Applied Biosystems) zeigte weitere Ausschlusskonstellationen. Da die Möglichkeit der Beteiligung des Bruders nicht auszuschließen war, wurde zur Absicherung der Abstammung noch eine SNP-Analyse (SNPforID) in Kooperation mit der Rechtsmedizin Köln durchgeführt.

Abstracts

Open Source Software „Familias“ für die Abstammungsbegutachtung – erste Erfahrungen aus Anwendersicht

*Hannah Holtkötter, Marianne Schürenkamp, Heidi Pfeiffer, Marielle Vennemann
Institut für Rechtsmedizin, Münster*

Die Open Source Software „Familias“ ist ein Programm zur Wahrscheinlichkeitsberechnung in Abstammungs- und Identifikationsfällen. Die Anwendung steht kostenlos auf der Internetseite „familias.name“ zum Download zur Verfügung. Das Programm erlaubt die vergleichende Berechnung von Wahrscheinlichkeiten für mehrere alternative Stammbaumhypothesen und ist auch bei Defizienz- und Mutationsfällen anwendbar. In diesem Vortrag sollen erste Anwendungserfahrungen vorgestellt und diskutiert werden. Dafür werden unterschiedlich komplexe Fallbeispiele zur Berechnung herangezogen. Zudem wird ein kurzer Vergleich zu der in unserem Labor etablierten Software „Vat“ gezogen, in dem die spezifischen Vorteile beider Programme herausgearbeitet werden.

Qualitätssicherung bei der Herstellung von Reagenzien für die STR-Analyse: ISO 18385 Anforderungen

Burkhard Löffeld, Promega GmbH, Mannheim

Seitdem sogenanntem Phantom von Heilbronn wurde ein gemeinsamer Dialog zwischen Behörden und Herstellern von Reagenzien für die forensische DNA-Analyse gestartet. Ziel ist es, eine Verunreinigung von Verbrauchsmaterialien und Arbeitsmitteln mit DNA beim Herstellungsprozess weitgehend zu verhindern, so dass ein möglichst geringes Kontaminationsrisiko besteht. Hierzu ist vorgesehen, einen Produktionsstandard als ISO-Norm zu verabschieden, der die Qualitätsanforderungen präzisiert und festlegt. Ein konkreter Entwurf wurde gemeinsam von ENFSI, SWGDAM und BSAG mit der ISO 18385, „Minimizing the risk of DNA contamination in products used to collect and analyze biological material for forensic purposes“, entwickelt. Promega hat verschiedene Studien durchgeführt, bei der unterschiedliche Methoden genutzt wurden, um das Detektionslimit möglicher DNA-Kontaminationen während des Herstellungsprozesses zu identifizieren. Insbesondere geht es um die Fragen: „Welches Level von DNA-Kontaminationen ist detektierbar?“ und „Was ist die angemessene Detektionsmethode?“. Es ist zu erwarten, dass die neue ISO-Norm in Kürze in Kraft

Abstracts

Abstammungsbegutachtung bei Cannabis: Prinzipien und Anwendungsmöglichkeiten in der Fallarbeit

*Christian Lischka, Laura Valverde, Stephan Köhnemann, Heidi Pfeiffer
Institut für Rechtsmedizin, Münster*

Analog zur Identifikation von Menschen wurde eine STR-Analysemethodik zur Untersuchung von *Cannabis sativa* (L.) – Proben entwickelt. Mit einer 18 Systeme umfassenden Multiplex-PCR lassen sich durch Einsatz üblicher Labormethoden STR-Profile von *Cannabis*-Pflanzen erstellen. Im Gegensatz zum Menschen müssen diese Ergebnisse jedoch anders interpretiert werden: Durch sog. „Stecklingsvermehrung“ sind Cannabis-Züchter in der Lage große Mengen genetisch identischer Pflanzen (Klone) zu erzeugen. Dies ist besonders dann zu beobachten, wenn Züchter über eine chemisch optimale Mutterpflanze (bspw. hoher THC-Gehalt) verfügen. Sollen hingegen Pflanzen mit neuen chemischen Eigenschaften erzeugt werden, lässt sich *C. sativa* auch generativ über künstliche Pollination und Anzucht aus Samen vermehren. Erste Analysen haben gezeigt, dass das Vererbungsmuster der STRs den Mendelschen Regeln entspricht. Daher ist es möglich, von generativ erzeugten Tochterpflanzen auf das Profil der Pflanzen der Elterngeneration zu schließen. Beide Vermehrungsmodi lassen sich in der Fallarbeit einsetzen, da Aussagen über die biologische Herkunft einer Pflanze den Ermittlungsbehörden dabei helfen können, die Verbreitungswege von *Cannabis*-Produkten zu rekonstruieren.

Sponsoren

Promega GmbH, Mannheim



Qiagen GmbH, Hilden



Qualitype GmbH, Dresden



ThermoFisher, Darmstadt

