

Discover the CE you've been missing



Spectrum
CE SYSTEM

Come on a journey of discovery to see what the Spectrum CE System can do for you. Built and supported by Promega, Spectrum is thoughtfully designed to provide user-friendly software, more information from challenging samples, and greater flexibility and efficiency in processing samples.

Sign up for the e-newsletter to discover all the delightful details that make Spectrum a CE worth waiting for.

www.promega.com/SpectrumJourney

**12. Jahrestagung
der DGAB
9. – 11. Juni 2016
in Bielefeld**

Veranstaltungsprogramm



Sehr geehrte Damen und Herren,
sehr geehrte Kolleginnen und Kollegen,

wir möchten Sie herzlich willkommen heißen zur 12. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung 2016 und begrüßen Sie herzlich in Bielefeld.

Die Fortbildungsveranstaltungen am Donnerstag sowie die Tagung am Freitag und Samstag finden im LENKWERK in Bielefeld statt, welches Old- und Youngtimer-Liebhaber gleichermaßen beeindruckt wird. Das historische Gebäude und der zeitlos-elegante Charme bieten ein einzigartiges Ambiente für zahlreiche Events. Wir hoffen, dass Ihnen diese Wahl gefällt.

Am Freitag finden die Mitgliederversammlungen statt und das wissenschaftliche Vortragsprogramm beginnt. Am Samstagmittag endet die Veranstaltung – ein vielfältiges und interessantes Angebot erwartet Sie.

Wie auch bei den vorherigen Jahrestagungen können Sie sich auch dieses Jahr auf das Rahmenprogramm freuen. Das gemütliche »get together« findet am Donnerstagabend im Restaurant »Glückundseligkeit«, der ehemaligen Martini-Kirche, statt. 2005 wurde die im 19. Jahrhundert errichtete Kirche vollständig saniert und zu einem Restaurant umgebaut. Der Gesellschaftsabend am Freitag wird in der KOCHEREI, am Tagungsort, ausgerichtet. Das denkmalgeschützte Industriegebäude aus dem Jahre 1938 befindet sich auf dem Gelände des LENKWERK-Komplexes.

Wir freuen uns auf Ihren Besuch, wünschen Ihnen einen angenehmen Aufenthalt in Bielefeld und viele gute Gespräche!

Dr. Carsten Tiemann
Geschäftsführer LABCON-OWL GmbH

11:00 Uhr – 17:30 Uhr* Fortbildungsveranstaltungen der DGAB

Workshop Biostatistik

»Statistische Methoden in der Abstammungsbegutachtung«
Seminarraum »Indianapolis«

Workshop Strategien 1

»Strategien in der Abstammungsbegutachtung:
Normen und Gesetze«
Seminarraum »Le Mans«

Workshop Strategien 2

»Strategien in der Abstammungsbegutachtung:
Neue Methoden«
Seminarraum »Nürburgring«

19:30 Uhr »get together«

Im Glückundseligkeit in Bielefeld

Weitere Informationen sowie ein Stadtplan zur Orientierung befinden sich auf Seite 28/29.

* Pausenverpflegung am Tagungsort

Das gesamte Programm findet im Seminarraum »Indianapolis« statt

ab 09:00 Uhr

Anmeldung

09:30 Uhr – 10:30 Uhr

Sitzung des Bundesverbandes

10:30 Uhr – 11:00 Uhr

Sitzung der Deutschsprachigen AG in der ISFG

11:00 Uhr – 17:00 Uhr

Wissenschaftliches Programm

11:00 Uhr – 11:20 Uhr

Grußworte

Prof. Dr. Peter M. Schneider¹ und Dr. Carsten Tiemann²

¹Institut für Rechtsmedizin, Köln

²LABCON-OWL GmbH, Bad Salzuflen

Wissenschaftliche Vorträge

Vorsitz: Prof. Dr. P. Schneider, Dr. C. Tiemann

11:20 Uhr – 11:50 Uhr

150 Jahre Mendelsche Genetik – eine Wissenschaft mit hohem gesellschaftlichen Konfliktpotenzial

Prof. em. Dr. Reinhard Szibor

Institut für Rechtsmedizin, Magdeburg

11:55 Uhr – 12:15 Uhr

Neue Sequenziertechnologien zur hochauflösenden STR-Analyse: Überlegungen der ISFG-DNA-Kommission zur Nomenklatur

Prof. Dr. Peter M. Schneider

Institut für Rechtsmedizin, Köln

☞ **PAUSE** 12:15 Uhr – 13:15 Uhr

In der KOCHEREI das Restaurant des LENKWERKS

Weitere Informationen befinden sich auf Seite 28/29.

Wissenschaftliche Vorträge

Vorsitz: Prof. J. Kalinowski, Prof. P. Wiegand

13:15 Uhr – 13:35 Uhr

Die Entwicklung der NGS-Verfahren: Miniaturisierung, Parallelisierung und Digitalisierung

Prof. Dr. Jörn Kalinowski

CeBiTec, Universität Bielefeld

13:40 Uhr – 14:10 Uhr

Next Generation Sequencing

Burkhard Loffeld

Promega GmbH, Mannheim

14:15 Uhr – 14:35 Uhr

Next Generation Sequencing für die forensische Genetik: Entwicklung und Evaluation eines High-Fidelity 10-plex STR-Assays

M. Sc. Sebastian Ganschow

LABCON-OWL GmbH, Bad Salzuflen

14:40 Uhr – 14:55 Uhr

Next Generation Sequencing – nützliches Werkzeug für die forensische DNA-Analyse

Thomas Simon, Mira Prausnitz
Thermo Fisher Scientific, Darmstadt

☉ **PAUSE** 14:55 Uhr – 15:25 Uhr, Auf der Galerie

Wissenschaftliche Vorträge

Vorsitz: Dr. V. Weirich, Dr. R. Martin

15:25 Uhr – 15:45 Uhr

Wenn die Mutter nicht zum Kind passt – Aufklärung ist nicht alles!

Nicole von Wurmb-Schwark¹, Thorsten Schwark^{1,2}, Micaela Poetsch³
¹ForGen, Hamburg, ²Ludwig-Bolzmann-Institut, Graz, ³Rechtsmedizin, Essen

15:50 Uhr – 16:10 Uhr

Wer war's? Die klassische Frage, ein bisschen anders

Nicole von Wurmb-Schwark^{1,2}, Thorsten Schwark^{1,3,4}, Barbara Mattig⁵
und Jan Hendrik Modrow^{1,2}
¹ForGen, Hamburg, ²PetGene GmbH, Hamburg, ³Ludwig-Bolzmann-Institut für Klinisch-Forensische Bildgebung, Graz, ⁴Institut für Gerichtliche Medizin, Graz
⁵Brandenburgisches Landesinstitut für Rechtsmedizin

16:15 Uhr – 16:35 Uhr

Ergebnisse der DGAB-Ringversuche 2015/II und 2016/I

Dr. Rolf Fimmers
Institut für Medizinische Biometrie, Informatik und Epidemiologie, Bonn

16:40 Uhr – 17:00 Uhr

Zur biostatistischen Bewertung von Mutationen

Dr. Volker Weirich
Landeskriminalamt Mecklenburg-Vorpommern

17:00 Uhr – 18:00 Uhr

DGAB-Mitgliederversammlung

Im Seminarraum »Indianapolis«

19:00 Uhr

Führung durch das Lenkwerk

20:00 Uhr

Abendveranstaltung

In der »KOCHEREI«, das Restaurant des LENKWERKS

Weitere Informationen befinden sich auf Seite 28/29.

Das gesamte Programm findet im Seminarraum »Indianapolis« statt

09:00 Uhr – 13:00 Uhr Wissenschaftliches Programm

Wissenschaftliche Vorträge

Vorsitz: PD Dr. B. Rolf, Dr. A. E. Klann

09:00 Uhr – 09:15 Uhr

Verwandtschaftsanalyse eines mittelalterlichen Gräberfeldes

Dr. Frank Götz, Qualitype GmbH, Dresden

09:20 Uhr – 09:35 Uhr

Neue ChrX- und SNP-Assays für die Abstammungsbegutachtung

Dr. Anke Prochnow, QIAGEN GmbH, Hilden

09:40 Uhr – 10:00 Uhr

Anwendung von sehr kurzen InDel-Markern bei hochdegradierter DNA aus einem Paraffinblock zur Vaterschaftsfeststellung

Jasmin Heilingbrunner, Marc Tschuschner, PD Dr. Burkhard Rolf

Eurofins Medigenomix Forensik GmbH, Ebersberg

10:05 Uhr – 10:25 Uhr

Untersuchungen zum Nachweis von DNA-Übertragung im Laborbereich

Juliane Sanft¹, Marielle Vennemann², Juliane Strien, Gita Mall

¹Institut für Rechtsmedizin, Jena, ²Institut für Rechtsmedizin, Münster

10:30 Uhr – 10:55 Uhr

Ausschluss oder Mutation?

A. E. Klann¹, B. Bockholdt¹, und N. von Wurmb-Schwark²

¹Institut für Rechtsmedizin, Greifswald

²Forensische Genetik und Rechtsmedizin am Institut für Hämatopathologie GmbH, Hamburg

➔ **PAUSE** 10:55 Uhr – 11:25 Uhr, Auf der Galerie

Wissenschaftliche Vorträge

Vorsitz: A. Hartmann, Dr. U.-D. Immel

11:25 Uhr – 11:45 Uhr

Verkürzung der Analysezeiten durch Direkte PCR

K. Schulze Johann¹, S. Tobe², K. Schwender¹, H. Holtkötter¹, B. Tosun¹, M. Schürenkamp¹, U. Sibbing¹, H. Pfeiffer¹, M. Vennemann¹

¹Institut für Rechtsmedizin, Münster, ²Arcadia University, Glenside, USA

11:50 Uhr – 12:10 Uhr

Gonosomale Allelalteration in verschiedenen Tumorgeweben und die Bedeutung für die forensische Abstammungsbegutachtung

L. Döhr¹; B. Bockholdt¹, J. Sonke² und A. E. Klann¹

¹Institut für Rechtsmedizin, Greifswald, ²Institut für Pathologie, Greifswald

12:15 Uhr – 12:35 Uhr

Vergleich verschiedener Methoden zur Unterscheidung von venösem Blut und Menstruationsblut

H. Holtkötter, K. Schwender, L. Dennany, K. Schulze Johann, B. Tosun, U. Sibbing, M. Schürenkamp, H. Pfeiffer, M. Vennemann; Institut für Rechtsmedizin, Münster

12:40 Uhr – 13:00 Uhr

Molekulare Altersbestimmung durch Analyse des DNA-Methylierungsmusters in Speichel

B. Tosun, K. Schulze Johann, H. Holtkötter, K. Schwender, A. Glaub, S. Banken,

M. Schürenkamp, U. Sibbing, H. Pfeiffer, M. Vennemann; Institut für Rechtsmedizin, Münster

13:00 Uhr – 13:15 Uhr Schlussworte

➔ Zur Abreise steht Ihnen eine Lunch-Box zur Verfügung

1866 – 2016: 150 Jahre Mendelsche Genetik – eine Wissenschaft mit hohem Konfliktpotenzial

Prof. em. Dr. Reinhard Szibor

Kollegium emeritio, Magdeburg (ehemals Institut für Rechtsmedizin der OvGU Magdeburg)

Im Jahre 1866 publizierte Gregor Mendel seine »Versuche über Pflanzenhybriden« erstmals in schriftlicher Form. Obwohl das Wort »Genetik« erst 1906 durch William Bateson geprägt wurde, kann man den Zeitpunkt der Publikation Mendels als das Geburtsjahr eben dieser Wissenschaft bezeichnen. Mendels bahnbrechende Erkenntnisse blieben aber zu seinen Lebzeiten unbeachtet. Im Jahre 1900 entdeckten Hugo de Vries, Carl Correns und Erich Tschermak Mendels Arbeiten unabhängig voneinander.

Mendel war nicht nur der erste Genetiker sondern auch einer der ersten Biostatistiker. Allerdings bekam er postum aus nachvollziehbaren Gründen mit späteren Mathematikern Ärger, was als »Mendel-Fisher controversy« in die Literatur einging. Spätere Erkenntnisse, dass Vererbung ein umfassendes biologisches Prinzip ist, das nahezu alle Eigenschaften und sogar Verhaltensweisen von Lebewesen inklusive des Menschen maßgeblich mitbestimmt, führte und führt bis heute zum Aufstand von Ideologen verschiedener Couleur gegen die Genetik. Der Vortrag umreißt nicht nur die Lebensleistung Gregor Mendels, sondern setzt einen Fokus auf die gesellschaftlichen Auseinandersetzungen um die Genetik als »Scientia non grata«.

Neue Sequenziertechnologien zur hochauflösenden STR-Analyse: Überlegungen der ISFG-DNA-Kommission zur Nomenklatur

Prof. Dr. Peter M. Schneider

Institut für Rechtsmedizin, Köln

Die Hochdurchsatz-Chip-Sequenzierung, international auch als »next generation sequencing« oder »massively parallel sequencing« (NGS/MPS) bezeichnet, wird durch die Entwicklung kompakter Geräteplattformen auch für das forensische DNA-Labor verfügbar. Die meisten der gängigen STR-Systeme können auf diesem Wege mittels Sequenzierung analysiert und typisiert werden. So werden neben den Tandemrepeats auch Sequenzpolymorphismen erfasst, die zu einer Aufspaltung der bekannten Allele in zahlreiche Varianten führen. Hierzu hat die DNA-Kommission der ISFG Überlegungen angestellt, die eine einheitliche Erfassung und Dokumentation neuer Sequenzen als Grundlage einer universellen STR-Nomenklatur ermöglichen sollen (Parson et al., Forensic Sci. Int. Genet. 2016, 22: 54–63).

Die Entwicklung der NGS-Verfahren: Miniaturisierung, Parallelisierung und Digitalisierung

[Prof. Dr. Jörn Kalinowski](#)

CeBiTec, Universität Bielefeld

Die aktuellen Verfahren der DNA-Sequenzierung («Next Generation Sequencing», NGS) erlauben heutzutage die schnelle und kostengünstige Bestimmung von genetischer Information im Hochdurchsatz. Ein Maßstab der Entwicklungen ist dabei das menschliche 1000-US-\$-Genom, wobei die Anwendungsgebiete natürlich weit über die Genomsequenzierung beim Menschen hinausgehen. Der Vortrag beleuchtet die Entwicklungen der Technologie seit ihrer Entstehung vor 10 Jahren und stellt aktuelle sowie in der Entwicklung befindliche Konzepte der Sequenzierung vor. Dabei sind sowohl Miniaturisierung als auch Parallelisierung und Digitalisierung die wegweisenden technischen Konzepte. Miniaturisierung und Parallelisierung erlauben heutzutage die parallele Sequenzierung von Milliarden DNA-Abschnitten oder aber von einzelnen DNA-Molekülen. Die damit einhergehende Digitalisierung stellt dahingegen die moderne Computertechnologie vor besondere Herausforderungen («Big Data»). Auch diese Herausforderungen sollen anhand von Beispielen dargestellt werden.

PowerSeq™-Systeme: Vor- und Nachteile von Massive Parallel Sequencing

[Burkhard Loffeld](#)

Promega GmbH, Mannheim

Die verschiedenen PowerSeq™-Systeme, die die Primerpaare und den Amplifikationsmastermix für die Sequenzierung autosomaler Short Tandem Repeats (STRs), Y-chromosomaler STRs, der mitochondrialen DNA-Kontrollregion beinhalten, gibt es in unterschiedlichen Kombinationen für das Illumina MiSeq®-System.

Erste Daten mit den PowerSeq™-Systemen zeigen die Vorteile, aber auch Limitierung, des augenblicklichen Entwicklungsstands der Next-Generation-Sequencing (NGS)-Technologie.

Next Generation Sequencing für die forensische Genetik: Entwicklung und Evaluation eines High-Fidelity 10-plex STR-Assays

[M. Sc. Sebastian Ganschow](#)

LABCON-OWL GmbH, Bad Salzufen

Im Bereich der forensischen Genetik hat die Hochdurchsatz-Sequenzierung (Next Generation Sequencing, NGS) in mehreren Studien ihr Potenzial als ergänzende oder alternative Methode zur Kapillarelektrophorese unter Beweis gestellt. Mit NGS lassen sich eine Vielzahl von STR-Systemen (Short Tandem Repeat) parallel untersuchen und Sequenzvarianten in isometrischen Allelen aufdecken, wodurch erheblich mehr Unterscheidungsmerkmale in die Typisierung einbezogen werden können.

Angepasst für die Sequenzierung auf dem Illumina MiSeq wurde ein Multiplex-PCR-Assay mit 9 STR-Markern und Amelogenin entwickelt. Durch gezielte Optimierung der PCR-Bedingungen wurde eine spezifische, ausbalancierte Amplifikation aller Loci in einem einzelnen Reaktionsansatz erreicht. Eine High-Fidelity-Polymerase mit geringer Fehlerrate minimiert PCR-Artefakte wie Stutter-Allele. Durch die Verwendung von Barcode-Adaptoren in der Library Preparation ist es möglich, mehrere Proben in einem Sequenzierlauf zu poolen. Die Auswertung erfolgt über eine eigens entwickelte Bioinformatik-Pipeline, die neben der automatischen Allelbestimmung auch Informationen zur Qualität der Sequenzdaten, der Allelbalance und Intra-Allel-Varianten liefert und im Browser darstellt. In einer verblindeten Evaluierungsstudie mit GED-NAP-Spuren-Mischproben konnten die Allele aller Loci eindeutig identifiziert werden. Die Ergebnisse stimmten vollständig mit den Sollwerten überein. In Zukunft sollen weitere STR-Systeme eingebunden und die Datengrundlage erweitert werden.

Next Generation Sequencing – nützliches Werkzeug für die forensische DNA-Analyse

[Thomas Simon, Mira Prausnitz](#)

Thermo Fisher Scientific GmbH, Darmstadt

Mit zunehmender Entwicklung des Next Generation Sequencing beginnt die forensische Forschung, bisherige technologische Hürden hinter sich zu lassen. Mit der Möglichkeit, hunderte Marker parallel zu genotypisieren, werden zukünftig NGS-basierte Assays zunehmend wertvolle Zusatzinformationen liefern. Die gleichzeitige Analyse von SNP-Markern, die z. B. Identitäts-, Abstammungs- und/oder Phänotyp-spezifische Aussagen ermöglichen, und STR-Markern in einer einzigen Reaktion erhöht die Diskriminierungsstärke gegenüber herkömmlichen STR-Kits. Aus ein und derselben DNA-Probe können so weitere nützliche investigative Hinweise erhalten werden.

Thermo Fisher Scientific präsentiert die kommende Plattform für die forensische DNA-Analyse auf Basis der Ion-Torrent-Technologie: die Ion S5 and Ion S5 XL Next Generation Sequencing Systeme. Bereits verfügbare Lösungen für die gezielte Sequenzierung forensisch relevanter Marker auf Basis der AmpliSeq-Technologie werden vorgestellt, sowie erste Schritte zur Integration eines NGS-basierten Arbeitsablaufs in die forensische DNA-Untersuchung aufgezeigt.

Wenn die Mutter nicht zum Kind passt – Aufklärung ist nicht alles!

Nicole von Wurmb-Schwark¹, Thorsten Schwark^{1,2}, Micaela Poetsch³

¹ForGen, Hamburg, ²Ludwig-Bolzmann-Institut, Graz, ³Rechtsmedizin, Essen

Die Probenentnahmen bei Abstammungsuntersuchungen sind in den letzten Jahren stetig aufwendiger geworden. Musste für ein gerichtsfestes Gutachten schon immer die Identität der untersuchten Personen sicher festgestellt werden, müssen mit neuen Möglichkeiten in der Medizin weitere Aspekte abgefragt werden, wie z. B. eine Bluttransfusion, Erkrankungen des blutbildenden Systems oder eine Stammzelltransplantation. Das Gendiagnostikgesetz hat dazu geführt, dass seit 2012 zusätzlich über Methodik, Aussagekraft und Risiken aufgeklärt werden muss.

Wir berichten über zwei Fälle, in denen bei der Probenentnahme bzw. bei der gerichtlichen Aufnahme die Abfrage/Aufklärung weiterer Umstände den Abstammungsgutachtern viel Arbeit, Zeit und Mühe erspart hätte.

Wer war's? Die klassische Frage, ein bisschen anders

**Nicole von Wurmb-Schwark^{1,2}, Thorsten Schwark^{1,3,4},
Barbara Mattig⁵ und Jan Hendrik Modrow^{1,2}**

¹ForGen, Hamburg, ²PetGene GmbH, Hamburg, ³Ludwig-Bolzmann-Institut für Klinisch-Forensische Bildgebung, Graz, ⁴Institut für Gerichtliche Medizin, Graz

⁵Brandenburgisches Landesinstitut für Rechtsmedizin

Die vorliegende Kasuistik beschreibt die klassische Streitfrage nach dem wahren Erzeuger, in diesem Fall allerdings von Vierlingen. Die Kindesmutter konnte oder wollte sich nicht äußern, wobei ein entsprechender Kontakt zu beiden Putativvätern als durchaus möglich und nicht unwahrscheinlich schien. Auch Letztgenannte schweigen sich aus. Den Phänotypen und das Verhalten betrachtend, ergibt sich ein vager Verdacht, der mit einer genetischen Analyse überprüft werden soll, geht es doch auch um finanzielle Aspekte.

Die nötigen Untersuchungen sowie die Ergebnisse und das Spezielle gerade an diesem Fall werden ausführlich vorgestellt.

Zur biostatistischen Bewertung von Mutationen

Dr. Volker Weirich

Landeskriminalamt Mecklenburg-Vorpommern

Bei nichtkompatiblen Befundkonstellationen in einzelnen Merkmalssystemen ist in der Abstammungsbegutachtung als möglicher Erklärungsansatz das Vorliegen einer Mutation zu prüfen. Sofern eine Mutation in Betracht gezogen wird, muss die biostatistische Bewertung der Typisierungsergebnisse durch den Gutachter unter Beachtung des besonderen Erbganges erfolgen. Hierzu werden in der Praxis unterschiedliche Konzepte angewendet, aus denen zum Teil deutlich differierende Zahlenwerte resultieren.

Es werden die üblichen Grundannahmen, die Datenbasis der zu berücksichtigenden Parameter sowie verschiedene mathematische Modelle vorgestellt und diskutiert. Anhand von simulierten Daten werden Fragen aufgeworfen und Punkte benannt, bei denen ein Konsens in der Community zu einer Verringerung der Ergebnisabweichungen führen würde.

Verwandtschaftsanalyse eines mittelalterlichen Gräberfeldes

Dr. Frank Götz

Qualitytype GmbH, Dresden

Im Rahmen von Straßenbauarbeiten stieß man in einem Dresdner Stadtteil auf die Überreste eines mittelalterlichen Friedhofs. Die gefundenen Skelette stammen aus einem Zeitraum zwischen ca. 990 – 1260 n. Chr. und befanden sich in einem schlechten Zustand. Die Analyse der Überreste wurde von verschiedenen sächsischen Hochschulen vorgenommen und hierbei auch DNA aus Zähnen und Langkochen isoliert.

Auf Grundlage dieser Daten sollte eine Verwandtschaftsanalyse an einem ausgewählten Skelettkollektiv durchgeführt werden. Hierbei schien z. B. die Frage, ob die gefundenen Kinderskelette möglicherweise erwachsenen Individuen aus der näheren Umgebung zuzuordnen werden können. Die durchgeführten Analysen werden im Rahmen des Vortrags vorgestellt und diskutiert.

Neue ChrX- und SNP-Assays für die Abstammungsbegutachtung

[Dr. Anke Prochnow](#)

QIAGEN GmbH, Hilden

Für die Anwendung in der Abstammungsbegutachtung haben X-STR-Marker bei manchen (Defizienz-) Konstellationen einen entscheidenden statistischen Vorteil gegenüber autosomalen oder Y-STRs. Wir stellen das neue »Investigator Argus X-12 QS Kit« vor und gehen auf Änderungen und Vorteile im Vergleich zu den Vorgängerprodukten ein. Spezieller Fokus wird dabei auf die neue Reaktionschemie FRM 2.0 gelegt, die ein kürzeres PCR-Protokoll, die Möglichkeit zur Direktamplifizierung und eine verbesserte Inhibitortoleranz aufweist. Zudem enthält das Assay die interne PCR-Kontrolle »Quality Sensor« sowie den autosomalen Marker D21S11, um eine mögliche Probenverwechslung auszuschließen.

Ein wesentlicher Vorteil von NGS für die humane Identifizierung ist die Fähigkeit, eine viel größere Anzahl von Markern in einem einzigen Test zu analysieren, was sich positiv auf die statistische Signifikanz der Ergebnisse auswirkt. In Kooperation mit der Universität Linköping haben wir ein Enrichment Panel entwickelt, das kombinatorisch mit CE-generierten STR-Daten verwendet werden kann. Zusammen mit den Library-Prep-Kits und Softwarelösungen aus QIAGEN's universellen NGS-Workflow, ermöglicht das »Investigator DNA seq SNP ID Panel V2« den Benutzern von MiSeq- und Ion-Torrent-Plattformen die Einführung eines effizienten NGS-Workflows. Gezeigt werden Validierungsdaten sowie die Vorteile beider Technologien für die Abstammungsbegutachtung.

Anwendung von sehr kurzen InDel-Markern bei hochdegradierter DNA aus einem Paraffinblock zur Vaterschaftsfeststellung

[Jasmin Heilingbrunner](#), [Marc Tschuschner](#), [PD Dr. Burkhard Rolf](#)

Eurofins Medigenomix Forensik GmbH, Ebersberg

Degradierte DNA kommt bei Abstammungsuntersuchungen nur selten vor. Typische Fälle sind z. B. die Untersuchungen von Knochen oder Gewebeproben aus Paraffin bei verstorbenem Putativvater. Aufgrund der Amplikonlänge der konventionellen STR-Kits kann es dann vorkommen, dass nur Teilprofile darstellbar sind.

Wir berichten einen Fall, bei dem aus einem Paraffinblock nur hochdegradierte DNA gewonnen werden konnte. In der Folge konnte nur für wenige STR-Marker ein Profil erhalten werden. Durch die zusätzliche Untersuchung eines Kits mit InDel-Markern (InnoTyper™ 21 Kit der Firma INNOGENOMICS TECHNOLOGIES, New Orleans, USA) konnten 21 weitere InDel-Marker dargestellt werden. Die Amplikonlänge betrug zwischen 60–125 bp. Somit konnte der Fall trotzdem gelöst werden.

Untersuchungen zum Nachweis von DNA-Übertragung im Laborbereich

Juliane Sanft¹, Marielle Vennemann², Juliane Strien, Gita Mall

¹Institut für Rechtsmedizin, Jena, ²Institut für Rechtsmedizin, Münster

Mit Weiterentwicklung der Methoden zum Nachweis von DNA an Spuren und der damit verbundenen steigenden Sensitivität ist es immer wichtiger, Kontamination im Laborbereich zu verhindern. Mitunter reichen schon einzelne Epithelzellen, um ein DNA-Profil festzustellen. Durch Akkreditierung und der damit verbundenen sauberen und reproduzierbaren Laborarbeit sollten Kontaminationen weitestgehend vermieden werden.

Wir haben Versuche durchgeführt, welche aufzeigen sollen, inwieweit sich DNA, welche sich an Verpackungsmaterial von Spuren und Vergleichsmaterial findet, übertragen lässt. Die Ergebnisse dieser Untersuchung sollen kritisch diskutiert werden und als Grundlage für Verbesserungen im Laborablauf dienen.

Ausschluss oder Mutation?

Klann, A. E.¹, Bockholdt B.¹ und von Wurmb-Schwark, N.²

¹Institut für Rechtsmedizin, Greifswald, ²ForGen, Hamburg

Bei der Analyse von klassischen Terzettfällen, in denen eine Vaterschaft eines Mannes zu einem Kind unter Einbeziehung der Kindesmutter, des Kindes und des möglichen Vaters untersucht wird, ist das Auftreten von potenziellen Mutationen hinlänglich bekannt. Meist handelt es sich um Einschrittmutationen seltener um Zweischrittmutationen, bei denen der Unterschied zwischen dem elterlichen und kindlichen Allel eine bzw. zwei Repeats einträgt. Aufgrund umfangreicher Studien sind für solche Mutationen Mutationsraten bestimmt worden, die es ermöglichen, auch solche Fälle einer biostatistischen Würdigung zu unterziehen, um ein hinreichend sichereres Ergebnis zu erzielen. In der hier vorgestellten Kasuistik erfolgte die Genotypisierung der Kindesmutter, des Kindes und des Putativvaters zunächst routinemäßig mit 17 autosomalen STR-Systemen. Hierbei ergaben sich zwei isolierte Ausschlüsse in den STR-Systemen D18S51 und CSF1PO. In dem STR-System CSF1PO könnte diese Konstellation als eine paternale Einschrittmutation interpretiert werden. In dem STR-System D18S51 könnte als Interpretation entweder eine paternale Dreischrittmutation oder aber eine maternale Zweischrittmutation in Kombination mit einer paternalen Einschrittmutation angenommen werden. Da das ursprüngliche Untersuchungsspektrum zur Klärung nicht ausreichte, wurde dies auf insgesamt 23 autosomale STRs, 22 Y-chromosomale STRs und 31 SNPs erweitert, zusätzlich noch unter Einbeziehung der Brüder des Putativvaters. Die Ergebnisse und Interpretation dieses Falles sollen zur Anregung weiterer Diskussion vorgestellt werden.

Verkürzung der Analysezeiten durch Direkte PCR

**K. Schulze Johann¹, S. Tobe², K. Schwender¹, H. Holtkötter¹,
B. Tosun¹, M. Schürenkamp¹, U. Sibbing¹, H. Pfeiffer¹, M. Vennemann¹**

¹ Institut für Rechtsmedizin, Münster, ² Arcadia University, Glenside, USA

In vielen Spuren- und Abstammungsanalysen wird eine möglichst kurze Untersuchungsdauer gefordert. Eine Verkürzung der Untersuchungen kann in den unterschiedlichen Analyseschritten vorgenommen werden. Eine Möglichkeit stellt eine Verkürzung der PCR dar. Dazu sind bereits einige »fast PCR«-Kits erhältlich. Weiterhin limitiert jedoch die DNA-Extraktion eine schnelle Probenanalyse.

Aus diesem Grund wurden in dieser Versuchsreihe Proben direkt, ohne vorherige Extraktion, in die PCR eingesetzt. Es wurden Blut, Speichel und Sperma erfolgreich als Spurenmaterial für die direkte PCR untersucht. Ebenfalls konnten aus Speichel-Sperma-Mischungen nach vorheriger differentieller Lyse und anschließender direkter PCR nahezu saubere Reinprofile des männlichen Spurenlegers amplifiziert werden.

Gonosomale Allelalteration in verschiedenen Tumorgeweben und die Bedeutung für die forensische Abstammungsbegutachtung

Döhr, L.¹, Bockholdt, B.¹, Sonke, J.² und Klann, A. E.¹

¹ Institut für Rechtsmedizin, Greifswald, ² Institut für Pathologie, Greifswald

Mit 12% sind Malignome die dritthäufigste Todesursache in Deutschland. Bei den Frauen zählen Brust-, Darm-, Lungen- und Hautkrebs, bei den Männern Darm-, Lungen-, Haut- und Prostatakrebs zu den bösartigen Tumorarten, die die meisten Todesfälle verursachen. Grund für das Entstehen eines bösartigen Tumors ist die genetische Veränderung einer intakten Zelle durch chromosomale Aberrationen oder DNA-Mutationen, was zu Zellwachstum, Zelltod und Wachstumsanpassungen führen kann. Nicht nur in codierenden Bereichen innerhalb von Genen, sondern auch in den nicht codierenden Bereichen wie zum Beispiel den Mikrosatelliten (engl. short tandem repeats) können Veränderungen wie z. B. der partielle Allelausfall (pLOH), der vollständige Allelausfall (LOH) oder aber auch die Mikrosatelliteninstabilität auftreten. In einer vorangegangenen Studie wurden bereits die Datenbanksysteme des Bundeskriminalamtes, die das europäische Standard Set der autosomalen STR-Systeme zuzüglich SE33 umfassen, in Bezug auf mögliche tumorspezifische Allelalterationen in Mamma-, Prostata- und Endometriumkarzinomen untersucht. Der nun darauf aufbauende Diskussionspunkt ist die Frage der gonosomalen Allelalterationen auf den X- und Y-Chromosomen, deren Art der Veränderungen, ob es zwischen den Tumoren Unterschiede gibt und welche Bedeutung dies für die forensische Identifizierung und Abstammungsbegutachtung hat. In der aktuellen Folgestudie werden 12 X-chromosomale, 23 bzw. 27 Y-chromosomale STR-Systeme untersucht und deren erste Ergebnisse vorgestellt.

Vergleich verschiedener Methoden zur Unterscheidung von venösem Blut und Menstruationsblut

H. Holtkötter, K. Schwender, L. Dennany, K. Schulze Johann, B. Tonsun, U. Sibbing, M. Schürenkamp, H. Pfeiffer, M. Vennemann

Institut für Rechtsmedizin, Münster

Blut ist eine der Körperflüssigkeiten, die am häufigsten am Tatort sicher gestellt werden und auf ein Verbrechen hinweisen können. Bei potenziellen Sexualstraftaten kann die Unterscheidung von venösem Blut zu Menstruationsblut darüber hinaus einen Hinweis darauf liefern, inwieweit es sich um Einvernehmen handelt: Während eine Spur aus venösem Blut auf ein Trauma hinweisen kann, deutet das Vorliegen von Menstruationsblut auf eine natürliche Blutungsquelle hin. Eine sichere Methode zur Unterscheidung von venösem Blut und Menstruationsblut würde daher einen wichtigen Fortschritt für die Analyse und Interpretation von solchem Spurenmaterial bedeuten. Aufgrund der Wichtigkeit, über eine Methode zur Unterscheidung dieser Körperflüssigkeiten zu verfügen, wurden in den letzten Jahren mehrere Methoden entwickelt. Darunter fallen mRNA- oder microRNA-Profilings, die Analyse von DNA-Methylierungsmustern und immunochromatographische Tests, die in dieser Studie getestet und miteinander verglichen wurden. In diesem Vortrag sollen Ergebnisse von ersten Analysen sowie mögliche Vor- und Nachteile der einzelnen Methoden vorgestellt werden.

Molekulare Altersbestimmung durch Analyse des DNA-Methylierungsmusters in Speichel

B. Tosun, K. Schulze Johann, H. Holtkötter, K. Schwender, A. Glaub, S. Banken, M. Schürenkamp, U. Sibbing, H. Pfeiffer, M. Vennemann

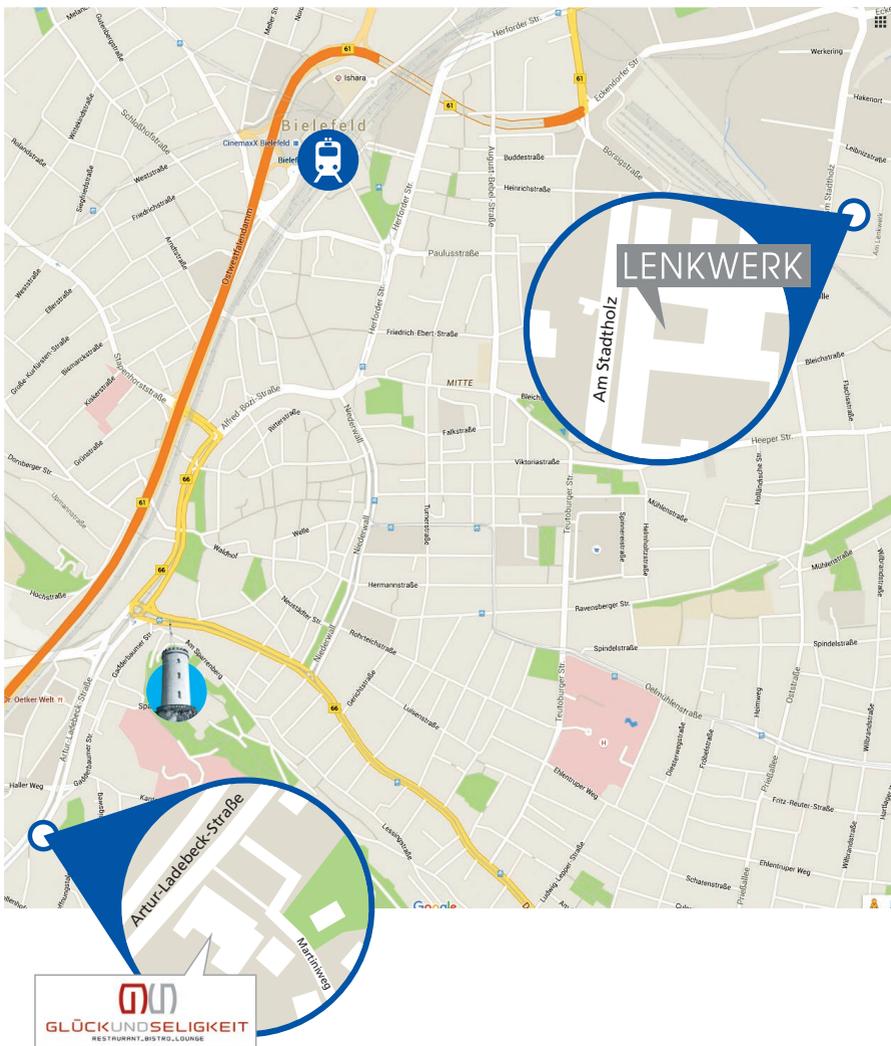
Institut für Rechtsmedizin, Münster

Einleitung: Im Zuge der in letzter Zeit vielseitig untersuchten DNA-Methylierung konnte festgestellt werden, dass sich die Methylierung spezifischer CpG-Positionen in Abhängigkeit des chronologischen Alters ändert. Durch die Analyse der Methylierungsstatus dieser CpG-Stellen soll eine möglichst genaue Bestimmung des individuellen Alters ermöglicht werden. Bisherige Studien beschränkten die Analyse der Methylierungsstatus auf Blut- und Gewebeproben, wohingegen das Ziel der hier vorgestellten Studie die Entwicklung einer Methode zur Altersbestimmung an Speichelproben war.

Methoden: DNA wurde mittels Maxwell® 16 Forensic Instrument (Promega) aus Speichelproben extrahiert und anschließend mit Hilfe des EZ DNA Methylation™ Kit (Zymo Research) bisulfitkonvertiert. Durch die Bisulfitkonvertierung werden alle nicht-methylierten Cytosine zu Uracilen und somit in der anschließenden PCR zu Thyminen umgewandelt. Alle methylierten Cytosine bleiben bei Bisulfitkonvertierung unbeeinflusst. Durch anschließende Sequenzierung der Amplifikate kann der Methylierungsstatus der CpG-Stellen analysiert werden.

Ergebnisse: Es wurden erfolgreiche Analyseassays für altersabhängig methylierte CpG-Stellen in Speichel entwickelt. Die Analyseergebnisse sowie die Korrelationen der einzelnen Marker mit dem chronologischen Alter werden vorgestellt und kritisch diskutiert.

Schlussfolgerung: Die Analyse von DNA-Methylierungsmustern stellt eine vielversprechende Ergänzung bisheriger Verfahren zur Altersbestimmung dar. Eine Weiterentwicklung der hier vorgestellten Assays und ihrer biostatistischen Bewertung sollte Gegenstand zukünftiger Studien sein, um die Präzision der molekularen Altersvorhersage weiter zu verbessern.



DGAB Jahrestagung 2016 und Abendveranstaltung



LENKWERK

Oldtimer • Youngtimer • Driver's Club • Werkstätten • Restauration • Events

Am Stadtholz 24–26
33609 Bielefeld
www.lenkwerk-bielefeld.de

»get together«



GLÜCKUNSELIGKEIT

RESTAURANT_BISTRO_LOUNGE

Artur-Ladebeck-Straße 57
33617 Bielefeld
www.glueckundseligkeit.de

