dgab
deutsche gesellschaft für abstammungsbegutachtung
www.dgab.org

UKM
Universitätsklinikum Münster

13. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung

Münster
08. – 10. Juni 2017
Fürstbischöfliches Schloss

WWU MÜNSTER

wissen.leben
WWU Münster

Sponsoren

eppendorf

Promega

QIAGEN

qualitype

ThermoFisher SCIENTIFIC

Organisation

RIEGGER KONGRESSMANAGEMENT

Im Grün 4
79252 Stegen bei Freiburg
Telefon: +49 (0)7661 – 99037
Mobil: +49 (0)160 – 552 552 0
Riegger@r-km.de; www.r-km.de

medizinische fakultät
Westfälische Wilhelms-Universität Münster

INSTITUT FÜR RECHTSMEDIZIN

Röntgenstr. 23
48149 Münster
Telefon: +49 (0)251 – 8355160
rechtsmed@ukmuenster.de
http://klinikum.uni-muenster.de

Herzlich Willkommen in Münster!

Sehr geehrte Damen und Herren,
liebe Kolleginnen und Kollegen,

wir heißen Sie zur 13. Jahrestagung der DGAB sehr herzlich in Münster willkommen.

Wir freuen uns, Ihnen ein spannendes und abwechslungsreiches Programm für diese Tagung präsentieren zu dürfen, das sicherlich viel Anlass zu weiterführenden Gesprächen bietet. Wir bedanken uns schon jetzt bei allen Vortragenden, die dieses Programm mitgestalten.

Als weltoffene und dynamische Universitätsstadt verbindet Münster ein historisches Ambiente mit der Lebensfreude einer studentisch geprägten Gesellschaft. Dies zeigt sich besonders in unserem einmaligen Tagungsort, der Aula des fürstbischöflichen Schlosses. Das Schloss wurde zwischen 1767 und 1787 im Stil des Barock als Residenzschloss für Münsters vorletzten Fürstbischof Maximilian Friedrich von Königsegg-Rothenfels erbaut. Das von dem Architekten Conrad Schlaun geplante Gebäude zeigt die für das Münsterland typische Kombination aus rotem Backstein mit Fensterfassungen und Verzierungen aus hellem Baumberger Sandstein.

Seit 1954 ist das Schloss Sitz der Westfälischen Wilhelms-Universität. Daher können wir während unserer Tagung diese historischen Gemäuer nutzen und die Pausen im wunderschönen Schlossgarten genießen.

Münster ist vielen durch die Krimiserien „Tatort“ und „Wilsberg“ schon bestens bekannt. Sie werden im Laufe der Tagung einige Orte sehen, die bereits als Kulisse dienten: Neben dem Schloss werden wir den Aasee besuchen, um am Donnerstag unser „Get together“ zu feiern. Der Kanalhafen ist dann am Freitag unser Ziel für die Abendveranstaltung mit Dinner und Party in historischen Hafengemäuern.

Wir freuen uns über Ihren Besuch und wünschen Ihnen und uns eine spannende Tagung mit vielen guten Gesprächen.

Ihre
Heidi Pfeiffer, Marielle Vennemann und das münstersche Team

Der Aasee im „Tatort“ (welt.de)

Antiquariat Solder in „Wilsberg“
(www.stadt-muenster.de)

Programmübersicht

Donnerstag, 08.Juni 2017	
ab 10.30	Anmeldung und Kaffee
11.00 bis 17.00	Workshops
13.00 bis 14.00	Mittagessen im Café Schlossgarten
ca. 15.30	Kaffeepause
ab 19.00	Get together, „Uferlos", Bismarckallee 11

Freitag, 09.Juni 2017	
ab 9.30	Anmeldung und Kaffee
10.00	Mitgliederversammlung des BVAG
11.00	Tagungseröffnung *Prof. Dr. P. M. Schneider (Köln)* *PD Dr. M. Vennemann (Münster)*
wissenschaftliches Programm	
11.15 – 11.45	**Aktuelles aus dem Abstammungsrecht** *Prof. B. Heiderhoff, Münster*
11.45 – 12.15	**Möglichkeiten und Grenzen einer erweiterten DNA-Analyse bei Spuren – wird die Strafprozessordnung geändert?** *Prof. Dr. P.M. Schneider (Köln)*
12.15 – 12.30	Zeit für Diskussion
12.30 – 12.45	**V1: Biogeographische Herkunftsbestimmung mittels DNA-Analyse der mitochondiralen Kontrollregion** *S. Lutz-Bonengel, T. Sänger, U.Schmidt (Freiburg)*
12.45 bis 14.00	Mittagessen im Café Schlossgarten

wissenschaftliches Programm	
14.00 bis 14.20	**V2: Erste Ergebnisse des DNASeqEx-Projekts aus Berlin – Informationsgewinn durch MPS?** *S. Köcher, S. Willuweit, M. Nagy, L. Roewer (Berlin)*
14.20 – 15.20	**V3**: **Manipulationsversuche bei der Abstammungsbegutachtung** *C. Augustin (Hamburg)* **V4**: **Münchhausen by proxy und die DNA-Spur** *N. von Wurmb-Schwark, O. Krebs, J.-H. Modrow, T. Schwark (Hamburg und Graz)* **V5**: **Aus Vollschwester oder nicht-Vollschwester wird Briefmarke=Vater und Rasierer=Bruder, aber welche Rolle spielt der Onkel? Ein Geschwistergutachten der besonderen Art** *M.Poetsch, M. Pfeifer, T.Bajanowski (Essen)* **V6: Pyrosequenzierung oder RealTime-PCR Assay – welchen Einfluss hat die Methode auf die Ergebnisse von Methylierungsanalysen?** *M. Pfeifer, T. Bajanowski, M. Poetsch,(Essen)* **V7**: **Spectrum Compact CE System für Sanger-Sequenzierung und STR-Analysen** *B. Loffeld (Promega Mannheim)*
15.20 bis 15.50	Kaffeepause und Industrieausstellung
wissenschaftliches Programm	
15.50 bis 16.25	**V8: Vermisst aber nicht vergessen** *A. Klann, B. Bockholdt (Greifswald)* **V9: Persistenz von DNA-Spuren auf Kleidungsstücken im Rahmen von Einbruchsdelikten** *C. Pfeifer, P. Wiegand, (Ulm)* **V10: Der zeitliche Einfluss auf die DNA in Fingerabdrücken nach Cyanacrylatbehandlung** *J. Sanft, J. Strien, G. Mall (Jena)*
16.25 – 16.45	**Ergebnisse des aktuellen DGAB-Ringversuchs** *R. Fimmers (Bonn)*
16.45 bis 17.45	Mitgliederversammlung der DGAB
ab 19.30 Uhr	Dinner und Party im „EsCape“ am Kanalhafen

Programmübersicht

Samstag, 10.Juni 2017	
ab 9.30	Kaffee und Industrieausstellung
wissenschaftliches Programm	
10.00 – 10.30	**V11: Erstens kommt es anders und zweitens als man denkt - Das Risiko von Fehlverurteilungen durch irreführende DNA-Beweise** *H. Schneider (Wiesbaden)*
10.30 bis 11.30	**V12: Auswirkungen der Dekontamination mit Natriumhypochlorit auf die Konzentration dentaler DNA und die Anwendung in der Identitätsfeststellung** *K. Köhn, A. Büttner, I. Lindner (Rostock)* **V13: Ausschluss oder Mutation? Sei wachsam!** *M. Baqué, J. Recker (Köln)* **V14: Haplotyp Spezifische Extraktion: Eine Option zur Aufklärung von DNA-Mischungen in einer Abstammungsbegutachtung** *J. Zander, M. Nagy (Berlin)* **V15: Abstammungsuntersuchungen im Zusammenhang mit dem Familiennachzug** *M. Kohl, J. Edelmann, J. Dreßler (Leipzig)* **V16: Analyse der mitochondrialen Kontrollregion von Waldklapperschlangen (Crotalus horridus) zur phylogeographischen Zuordnung** *L. Dierig, L. Bushar, S. Tobe (Ulm und Glenside, PA)*
11.30 bis 12.00	Kaffeepause und Industrieausstellung
wissenschaftliches Programm	
12.00 bis 12.50	**V17: Komplexe Verwandtschaftsfälle mit 3 Geschwistern: es ist nicht immer alles so einfach wie bei Peter, Paul und Maria** *M. Bosch, B. Rolf (Eberswalde)* **V18: Relevanz genetischer Analysen bei plötzlichen Todesfällen** *S. Scheiper, B.M. Beckmann, C. Geisen, M.A. Verhoff, S. Kauferstein (Frankfurt)*

	V19: Entwicklung digitaler PCR Methoden für den Nachweis fetaler DNA-Merkmale in maternalem Plasma *P. Bugert, D. Müller, G. Rink, K. Kemp, H. Klüter (Heidelberg)* **V20: Die vermisste Tochter und der Fuß aus dem Meer. Ein Fallbericht** *C. Courts, C. Meißner, J. Preuß-Wössner (Kiel)*
12.50 bis 13.00	Abschluss und Ausblick
gegen 13.00	Ende der Tagung *Im Foyer ist ein Lunchpaket für Sie vorbereitet.*

V1: Biogeographische Herkunftsbestimmung mittels DNA-Analyse der mitochondrialen Kontrollregion

S. Lutz-Bonengel[1], T. Sänger[1], U. Schmidt[1]

[1] Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Freiburg, Medizinische Fakultät, Albert-Ludwigs-Universität Freiburg

Nach dem Gesetzesantrag der Länder Baden-Württemberg und Bayern „zur Erweiterung des Umfangs der Untersuchungen von DNA-fähigem Material“ wird deutschlandweit über den Einsatz erweiterter DNA-Analysen in der Forensik, insbesondere DNA-Phenotyping und die Bestimmung der sogenannten „biogeografischen Herkunft“, diskutiert. Um die Möglichkeiten und Grenzen der Herkunftsbestimmung mittels Sequenzierung der mitochondrialen Kontrollregion auszuloten, wurden mehrere Personen getestet und die Häufigkeit des jeweiligen mitochondrialen Haplotyps bestimmt. Dieses Ergebnis wurde dann mit den jeweils vorhandenen Herkunftsdaten der mütterlichen Linie verglichen.

V2: Erste Ergebnisse des DNASeqEx-Projekts aus Berlin – Informationsgewinn durch MPS?

S. Köcher, S. Willluweit, M. Nagy, L. Roewer, The DNASEQEX Consortium

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

Das von der EU finanzierte Projekt DNASeqEx analysiert die Nutzbarkeit von *Massively Parallel Sequencing* (MPS) für die Forensische Genetik. Zu diesem Zweck werden verschiedene Kits auf den Sequenzierplattformen MiSeq FGx (Illumina) und Ion S5 (Thermo Fisher Scientific) von den Kooperationspartnern National Institute of Toxicology and Forensic Science (Madrid, Spain), Abteilung Forensische Genetik des Instituts für Rechtsmedizin der Charité (Berlin, Deutschland), Institut für Gerichtliche Medizin der Medizinischen Universität Innsbruck (Österreich) und dem Institute of Applied Genetics at the University of North Texas Health Science Center (Fort Worth, USA) getestet. Hier werden erste Ergebnisse des Berliner Instituts vorgestellt, welche mit dem MiSeq FGx und der dazugehörigen Forenseq Universal Analysis Software (UAS) gewonnen wurden. In Berlin fand zunächst das ForenSeq DNA Signature Prep Kit (Illumina) Anwendung, um Familien-, Mischungs-, Konkordanz- und Verdünnungsstudien durchzuführen. Zusätzlich wurden die Flanking Regions mit einer inhouse Software untersucht. Diese Ergebnisse ermöglichen uns erste Einschätzungen hinsichtlich des Informationsgewinnes der neuen Technologie für die Forensik.

V3: **Manipulationsversuche bei Abstammungsgutachten**

Christa Augustin, Institut für Rechtsmedizin Hamburg
Jeanett Edelmann, Institut für Rechtsmedizin Leipzig
Marielle Vennemann, Institut für Rechtsmedizin Münster

Bei Abstammungsanalysen ist der Problematik der Identitätssicherung der Proben eine enorme Bedeutung zuzusprechen. Immer wieder werden wir dabei mit Betrugsversuchen konfrontiert. Hier werden Fälle vorgestellt, bei denen Probanden versucht haben, das Ergebnis ihres Abstammungsgutachtens in verschiedener Weise zu manipulieren.
In einem Fall ist dem Entnahmearzt ein falsches Kind vorgestellt worden, in einem anderen Fall wurden anscheinend falsche Proben für ein Privatgutachten eingereicht.
In weiteren Fällen waren falsche Personen zur Probenentnahme erschienen oder es waren DNA-Mischungen an Wangenschleimhautabrieben nachweisbar, deren Entstehung nicht genau geklärt werden konnte, die zunächst jedoch eine korrekte Auswertung verhinderten.
Mit den vorgestellten Fällen möchten wir auf eine umsichtige Aufmerksamkeit bei Probenentnahmen und Identitätsprüfungen hinweisen.

V4: **Münchhausen by proxy und die DNA-Spur**

Nicole von Wurmb-Schwark[1], Oliver Krebs[2], Jan-Hendrik Modrow[1], Thorsten Schwark[1,3]

[1]ForGen Hamburg, [2]Institut für Rechtsmedizin Hamburg, [3]Ludwig-Bolzmann Institut für klinisch-forensische Bildgebung Graz

Wir stellen einen Fall des Münchhausen-Stellvertreter Syndroms vor, im Zuge dessen eine Mutter immer wieder mit ihrem Kleinkind bei niedergelassenen Ärzten und auch im Krankenhaus vorstellig wurde. Während eines stationären Aufenthaltes des Kindes erhärtete sich der Verdacht auf MbP durch die Mutter, allerdings konnte dies zunächst nicht nachgewiesen werden.
Nach einem besonders kritischen Rückfall des Kindes wurde das zum Zeitpunkt des Vorfalls aktuell benutzte Infusionsbesteck spurentechnisch untersucht. Hier zeigte sich eine äußerst flüchtige DNA-Spur, die auf die Täterin hinwies.
Die genauen Umstände sowie die zusätzlich in Auftrag gegebene Nachuntersuchung zur möglichen, „zufälligen“ Entstehung der krankheitsverursachenden Verunreinigung werden im Detail vorgestellt.

V5: **Aus Vollschwester oder nicht-Vollschwester wird Briefmarke=Vater und Rasierer=Bruder, aber welche Rolle spielt der Onkel? Ein Geschwistergutachten der besonderen Art**

Micaela Poetsch, Manuel Pfeifer, Thomas Bajanowski

Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Essen

Aus der eigentlich leicht zu analysierenden, wenn auch nicht unbedingt leicht zu beantwortenden Frage der Vollgeschwisterschaft zwischen einer 90jährigen Frau und einem 80jährigen Mann wird durch immer neue Angaben der Beteiligten ein großes Durcheinander. Letztlich zeigt der Fall aber, dass manchmal mehr statistische Berechnungen verschiedenster Hypothesenkonstellationen mehr Sicherheit in der Aussage bringen können.

V6: **Pyrosequenzierung oder RealTime-PCR Assay – welchen Einfluss hat die Methode auf die Ergebnisse von Methylierungsanalysen?**

Manuel Pfeifer, Thomas Bajanowski, Micaela Poetsch

Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Essen

Die Untersuchung von DNA-Methylierungsmarkern für rechtsmedizinische Fragestellungen aller Art rückt immer mehr in den Vordergrund. Dabei kann die Methylierung von CG-Motiven durch eine Vielzahl von Methoden mit unterschiedlichen Vor- und Nachteilen analysiert und quantifiziert werden. Im Hinblick auf Eigenschaften, Anwendung und Limitierungen sollen zwei häufig genutzte Methoden, Pyrosequenzierung und Real-Time PCR basierte (MethyLight) Analyse, gegenübergestellt werden.

V7: **Spectrum Compact CE System für Sanger-Sequenzierung und STR-Analysen**

B. Loffeld

Promega GmbH Mannheim

Im Herbst diesen Jahres wird Promega ein neues Kapillarelektrophorese (CE) - Instrument in Kooperation mit der Hitachi High-Technologies Corporation anbieten.
Das neue Spectrum Compact CE System ergänzt die Spectrum CE System-Produktlinie. Während das Spectrum CE System sich in erster Linie an forensische DNA-Analyse-Labore mit entsprechendem Probendurchsatz richtet, ist das Compact CE sowohl für die Sequenzierung als auch für Fragmentlängenanalysen bei einem mittleren Probenaufkommen einsetzbar.

Mit dem Spectrum Compact CE System können Labore Single-Nukleotid Polymorphismen (SNPs), STR- und Mikrosatelliten-Analysen, *de novo*-Sequenzierungen, NGS-Validierungen und Mutationsbestimmungen durchführen. Das kompakte CE-Gerät zeichnet sich durch 4-Kapillare, einer 6-Farben-Detektion und der Analyse von 32 Proben in einem Lauf aus. Ein integrierter Touchscreen, eine anwenderfreundliche Analyse-Software und vorgefüllte, sofort einsatzbereite Reagenzien erlauben es Anwendern zuverlässige und einfache Kapillarelektrophorese-Analysen durchzuführen.

Durch die Kooperation von Promega als Hersteller von STR-Reagenzien mit Hitachi High-Technologies als weltweit führendes Unternehmen von Kapillarelektrophore-Geräten werden die Stärken beider Unternehmen vereint und ein hochwertiges, ausgereiftes und kompaktes Kapillarelektrophorese-Gerät auf den Markt gebracht.

V8: „Vermisst aber nicht vergessen“

Anja E. Klann & Britta Bockholdt

Universitätsmedizin Greifswald, Institut für Rechtsmedizin, Kuhstraße 30, 17489 Greifswald

Im Juni und Juli des Jahres 2004 wurden in Mecklenburg-Vorpommern im Fluss Peene im Bereich der Gützkower Fähre ein menschlicher Torso und weiter stromabwärts ca. 200 m des Ortes Stolpe entfernt ein Turnschuh mit menschlichen Überresten eines Fußes aufgefunden.
Innerhalb des Ermittlungsverfahrens wurde im August 2004 der Beschluss zur DNA-Analyse durch das Amtsgericht Greifswald erlassen. Die DNA-Analyse erbrachte damals keine verwertbaren Ergebnisse. Zur Eingrenzung der Liegezeit wurde zusätzlich ein zoologisches Gutachten über die an den menschlichen Überresten aufgefundenen Muscheln der Art *Dreissena polymorpha* (Pallas, 1771) erstellt sowie das damals methodisch neue Verfahren der Isotopenanalyse zur Bestimmung der Herkunft durch das Geoforschungsinstitut Potsdam angewendet. Die gewonnenen Informationen führten nicht zur Klärung des Falles.
12 Jahre lang wurden die menschlichen Überreste im Institut für Rechtsmedizin der Universitätsmedizin Greifswald asserviert. Im Januar 2016 wurde seitens der Kriminalinspektion Anklam erneut der Auftrag einer DNA-Analyse erteilt. Die Befunde der durchgeführten Genotypisierung der Knochen erbrachten nun zusammen mit den Informationen aus dem jahrelangen Ermittlungsverfahren Klärung des Vermisstenfalls, der mehr als 2 Jahrzehnte vorher begann.

V9: Persistenz von DNA-Spuren auf Kleidungsstücken im Rahmen von Einbruchsdelikten

C. Pfeifer, P. Wiegand

Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Ulm

Im Rahmen von Einbruchsdelikten werden häufig Kleidungsstücke oder Taschen gefunden, die mittels DNA-Spur zur Zuordnung eines Spurenverursachers führen können. Weiterhin ist es möglich, dass der Zugeordnete den Gegenstand erkennt im Anschluss jedoch angibt, dass er bei der Tat nicht beteiligt gewesen ist und der Gegenstand auf anderem Wege an den Tatort gelangt sein muss.
Um einen Einblick in das Spektrum möglicher DNA-Spuren nach dem Tragen bzw. Benutzen durch mehrere Personen zu erhalten, haben wir verschieden Szenarien untersucht:
Zum einen wurden Kleidungsstücke und Taschen von Probanden für mindestens 30 Minuten getragen und paarweise getauscht und durch die zweite Person ebenfalls mindestens 30 Minuten genutzt.
In einem zweiten Experiment wurde die Tragedauer verlängert und der zeitliche Effekt verzeichnet.
Die festgestellten Spuren nach dem Tragen durch zwei Personen weisen eine hohe Komplexität bezüglich Haltbarkeit und Überlagerung auf und werden mit Ergebnissen zur Haltbarkeit von DNA-Spuren auf durch zwei Personen genutzte Einbruchswerkzeuge verglichen.

V10: Der zeitliche Einfluss auf die DNA in Fingerabdrücken nach Cyanacrylatbehandlung

J. Sanft, J. Strien, G. Mall

Institut für Rechtsmedizin Jena

Die Sicherung von Fingerabdrücken ist eine der ältesten Formen der Spurensicherung. In besonderen Fällen werden Fingerabdrücke, welche nicht verwertbar sind oder für welche die Recherche negativ verlief, noch mittels DNA-Analyse untersucht. Hierfür werden die sichtbar gemachten Fingerabdrücke durch Abriebe gesichert. Neben der Sichtbarmachung mittels Spurensicherungspulvern werden Fingerabdrücke auf nicht-saugenden Oberflächen auch oft durch Bedampfung mittels Cyanacrylat sichtbar gemacht. Hier wird vermutet, dass durch diese Behandlung die DNA zerstört wird bzw. nicht mehr zu sichern ist, da diese durch den Klebestoff an die Oberfläche gebunden ist. Mehrere Veröffentlichungen konnten zeigen, dass Cyanacrylat keinen degradierenden Einfluss auf die DNA hat bzw. keinen inhibierenden Einfluss während der PCR. Wir haben daher in einer Fall-Kontrollstudie untersucht, inwieweit die Zeit nach der Sichtbarmachung einen Einfluss auf die Integrität der DNA hat. Hierfür wurden Handabdrücke auf Folien gesetzt. Diese Handabdrücke wurden mit Cyanacrylat sichtbar gemacht. Während die Kontrollen sofort für die DNA-Untersuchung abgerieben wurden, wurde eine Gruppe 7 Tage gealtert und eine weitere Gruppe 14 Tage. Die Ergebnisse der DNA-Analyse wurden in Bezug auf DNA-Ausbeute sowie DNA-Profil miteinander verglichen. Es konnte kein negativer Einfluss durch eine längere Lagerung festgestellt werden.

V11: Erstens kommt es anders und zweitens als man denkt – Das Risiko von Fehlverurteilungen durch irreführende DNA-Beweise

Harald Schneider

Landeskriminalamt Wiesbaden

Die Anwendung der DNA-Technologie in der polizeilichen Ermittlungsarbeit ist weder einfach noch trivial. Gerade die Befundinterpretation im Hinblick auf die Tatrelevanz einer Spur ist häufig problematisch und nicht immer eindeutig und bedarf der umfassenden Expertise und Erfahrung forensischer Sachverständiger.
Im konkreten Fallbeispiel wurde ein 47-jährige Familienvater im Juli 2014 im hessischen Bad Homburg Opfer eines grausamen Raubmordes. „Eindeutige“ DNA-Spuren am Tatort liefern bereits wenige Tage später klare Hinweise auf den möglichen Täter.
Das zugrunde liegende Fallszenario beschreibt das reale Risiko einer fehlgeleiteten "DNA-Gläubigkeit" und einer hieraus zwangsläufig resultierenden Möglichkeit der Verurteilung eines Unschuldigen auf der Grundlage eines scheinbar eindeutigen DNA-Sachbeweises. Das Beispiel wirft gleichzeitig die Frage auf, ob forensische Sachverständige – falls sie denn überhaupt noch zum Gerichtstermin geladen werden – auch bei scheinbar eindeutigen Fallkonstellationen nicht grundsätzlich alternative Hypothesen zur Spurenentstehung bzw. zur Tatrelevanz einer Spur mit in ihre Bewertung einfließen lassen müssen. Unsere Erfahrungen in einer großen Zahl mehr oder weniger spektakulärer Strafprozesse in Hessen stützen diese Argumentation.

V12: Auswirkungen der Dekontamination mit Natriumhypochlorit auf die Konzentration dentaler DNA und die Anwendung in der Identitätsfeststellung

Katharina Köhn, Andreas Büttner, Iris Lindner

Institut für Rechtsmedizin, Universitätsmedizin Rostock

Zähne sind vor allem bei skelettalen Überresten und stark fäulnisveränderten Leichen ein geeignetes Untersuchungsmaterial zur Identitätsfeststellung mit Hilfe der STR-Analyse. Die dentale DNA im Inneren des Zahns wird zum einen durch die äußere mineralische Hydroxylapatitschicht und zum anderen durch die Lage der Zähne in den Zahntaschen der Kieferknochen vor diversen Umwelteinflüssen und so vor Degradation geschützt. Zum Zwecke der DNA-Extraktion aus Zähnen wird üblicherweise zunächst eine Dekontamination der Zahnoberfläche mit Natriumhypochlorit empfohlen. Auf der Basis einer Literaturrecherche bezüglich der DNA-Extraktion aus Zähnen scheint es allerdings keine einheitliche Übereinkunft bezüglich der Konzentration der Natriumhypochlorit-Lösung bzw. der Länge der Inkubation zu geben. Darüber hinaus wird in einigen Publikationen ein negativer Effekt des Natriumhypochlorits auf die DNA-Ausbeute aus Zähnen vermutet. Um die Auswirkungen von Natriumhypochlorit auf die Quantität und Qualität der isolierten dentalen DNA zu untersuchen, erfolgte die Dekontamination von 71 Zähnen mit unterschiedlichen Natriumhypochlorit-Konzentrationen bzw. Inkubationen. Die Ergebnisse der Quantifizierung bzw. der STR-Analyse werden dargestellt und die Anwendbarkeit der evaluierten Methodik in der Identitätsfeststellung soll an ausgewählten Beispielen gezeigt werden.

V13: Ausschluss oder Mutation? Sei wachsam!

Michèle Baqué und Julia Recker

IfB-LGC GmbH, Köln

Im Rahmen eines privaten Abstammungsgutachtens sollte die klassische Streitfrage nach dem biologischen Erzeuger der Antragstellerin geklärt werden. Die Mutter weigerte sich an der Untersuchung teilzunehmen und wollte sich zu den Umständen auch nicht weiter äußern.
Dieser Fall zeigt, wie sehr die Information über die genetische Abstammung des Kindes in mütterlicher Linie zur Klärung der Abstammung väterlicherseits beitragen kann. Des Weiteren wird verdeutlicht, dass nicht alles, was im ersten Moment nach Ein-Schritt-Mutation aussieht, wirklich eine Mutation sein muss und wie wichtig es ist, bei den geringsten Unstimmigkeiten im Rahmen eines Duo-Falls das Untersuchungsprogramm zu erweitern.

V14: Haplotyp Spezifische Extraktion: Eine Option zur Aufklärung von DNA-Mischungen in einer Abstammungsbegutachtung

J. Zander, M. Nagy

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

Eine DNA-Probe, die mehr als 2 Allele in einem DNA-System aufweist, wird in der Regel als Mischung bezeichnet und lässt im Allgemeinen eine Aussage über die Anzahl der Verursacher zu. Die Untersuchung von Mischproben, welche also von mehr als einer Person stammen, stellt eine besondere Herausforderung dar, da dies oft zu einem schwer interpretierbaren Mischprofil führt. In der Abstammungsbegutachtung spielen solche DNA-Mischungen allerdings seltener eine Rolle und führen eher zu großer Überraschung im Rahmen einer Vaterschaftsfeststellung. So auch in unserem Fall, bei dem es sich um einen Betrug seitens des Putativ-Vaters handelte. Obwohl in diesem Fall eine Lösung des Problems mittels autosomaler STR-Analyse möglich war, möchten wir hier zeigen, dass eine Trennung solcher Mischungen auch auf Ebene der mitochondrialen DNA machbar ist. Durch den Abgleich des jeweiligen eindeutigen mitochondrialen Haplotyps der Vergleichspersonen konnte dieser Betrugsversuch aufgeklärt werden.

V15: Abstammungsuntersuchungen im Zusammenhang mit dem Familiennachzug

Kohl, M., Edelmann, J., Dreßler, J.
Institut für Rechtsmedizin der Universität Leipzig

Im Rahmen des Anstiegs der Asylanträge in den Jahren 2015/16 ist ein Anstieg von Anfragen zu Abstammungsuntersuchungen im Zusammenhang eines Nachzugs von Familienmitgliedern zu in Deutschland aufenthaltsberechtigten Personen zu verzeichnen. Hierbei soll die Abstammung von aufenthaltsberechtigten Personen zu noch im entsprechenden Herkunftsland bzw. in einem Drittstaat befindlichen Personen nachgewiesen werden. Vorgestellt werden gesetzliche Regelungen des Asyl- und Aufenthaltsrechts, aktuelle Zahlen zu Asylverfahren sowie ein Ausblick auf die weitere Entwicklung der in diesem Zusammenhang stehenden Abstammungsuntersuchungen.

V16: Analyse der mitochondrialen Kontrollregion von Waldklapperschlangen (*Crotalus horridus*) zur phylogeographischen Zuordnung

Lisa Dierig[1,2], Lauretta M. Bushar[1], Shanan S. Tobe[1]
[1]Arcadia University, Glenside PA, USA
[2]Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Ulm

Crotalus horridus, auch Waldklapperschlange, ist eine, in den östlichen Staaten der USA beheimatete, gefährdete Spezies von Klapperschlangen. Da Artenschutz von jedem Staat selbst betrieben wird, ist die Tierart, abhängig von der Region, als gefährdet, bedroht oder schützenswert klassifiziert und hat einen dementsprechend gesetzlich geschützten Status. Verlust und Zerstörung des Lebensraumes, sowie systematische Ausrottungsversuche haben die Anzahl dieser sich nur langsam reproduzierenden Spezies während der letzten Jahrzehnte stark dezimiert. In dem Bestreben die Populationsentwicklung zu überwachen um beispielsweise Wilderei entgegen zu wirken, wurde unter anderem die geographische Populationsverteilung und –entwicklung von *C. horridus* in Teilen von Pennsylvania, New Jersey und Virgina näher erforscht. Studien von Bushar et *al*. (1998, 2001, 2014) und Villarreal et *al*. (1996) konnten drei genetisch voneinander abgrenzbare Unterarten klassifizieren: Die Populationsgruppe des Appalachian Plateau, des Ridge and Valley und des Coastal Plain. Im Kampf gegen Wilderei und illegales Aufgreifen, Jagen und Töten von *C. horridus*, kann die Entwicklung eines Tests zur schnellen Identifikation des geographischen Ursprungs eines Individuums einen wichtigen Beitrag zur Festsetzung des Straftatbestandes bzw. des Strafmaßes im Bezug auf geltende Staatsgesetzte leisten. Hierfür wurden die mitochondrialen Kontrollregionen von n=30 Individuen (11 Appalachian Plateau, 11 Ridge and Valley, 8 Coastal Plain) auf mögliche geographisch diskriminative Mutationen hin untersucht. Es konnten vier Single Nucleotide Polymorphisms identifiziert werden. Eine Zuordnung zur geographischen Herkunft ist hierbei jedoch nicht erkennbar. Diese Ergebnisse wurden auch in einer phylogenetischen Analyse bestätigt. In weiterführenden, umfassenderen Studien soll die Anzahl der Proben angehoben werden um eine bessere Einschätzung der Ergebnisse zu erhalten. Ferner soll das zu untersuchende geographische Einzugsgebiet ausgeweitet werden, um gegebenenfalls das Bestehen phylogeographisch abgrenzbarer Populationen im gesamten Habitat der Waldklapperschlangen Nordamerikas eruieren zu können.

V17: Komplexe Verwandtschaftsfälle mit 3 Geschwistern: es ist nicht immer alles so einfach wie bei Peter, Paul und Maria

Michaela Bosch, Burkhard Rolf

Eurofins Medigenomix Forensik GmbH, Ebersberg

Im Biostatistik Ringversuch 2010/I war als Aufgabe die Geschwisterschaft von Peter, Paul und Maria zu ermitteln. In dieser hypothetischen Aufgabe war die Mutterschaft sicher und nur die Vaterschaft fraglich. Wir berichten von 3 Fällen, bei denen die Fragestellung komplexer war und Null-Allel sowie Mutationen die Auswertung erschwerten. Es werden Lösungsstrategien für solche Fälle vorgestellt und diskutiert.

V18: Relevanz genetischer Analysen bei plötzlichen Todesfällen

S. Scheiper[1,2], B.M. Beckmann[3], C. Geisen[2], M. A. Verhoff[1], S. Kauferstein[1]

[1] Institut für Rechtsmedizin, Goethe-Universität Frankfurt, Frankfurt/Main
[2] Institut für Transfusionsmedizin und Immunhämatologie, DRK Blutspendedienst, Abteilung für Molekulare Diagnostik, Universitätsklinikum Frankfurt, Frankfurt/Main
[3] Medizinische Klinik und Poliklinik I, Spezialambulanz für familiäre Arrhythmiesyndrome, Ludwig-Maximilians-Universität, München

Plötzliche Todesfälle sind ein tragisches Erlebnis für betroffene Familien, gerade wenn es zuvor gesund erscheinende, junge Menschen betrifft. Ein signifikanter Anteil plötzlicher Todesfälle ist die Folge genetisch bedingter arrhythmogener Erkrankungen, zu denen die primär elektrischen Erkrankungen sowie Kardiomyopathien zählen. Hereditäre Herzrhythmuserkrankungen weisen meist einen autosomal-dominanten Erbgang auf. Deshalb sind Verwandte von plötzlich Verstorbenen potentielle Risikopersonen.
Im Rahmen der genetischen Analysen wurden die am häufigsten mit primär elektrischen Erkrankungen sowie Kardiomyopathien assoziierten Gene in plötzlichen Todesfällen (Alter < 45 Jahre) und außerdem bei Personen mit auffälliger Familienanamnese und Verdacht auf eine hereditäre arrhythmogene Erkrankung analysiert.
Die vorliegenden Ergebnisse zeigen, dass molekulargenetische Analysen in Fällen mit Verdacht auf erblich bedingte arrhythmogene Erkrankungen von essentieller Bedeutung sind. So lassen sich plötzliche Todesfälle aufklären und potentielle Träger von pathogenen Varianten identifizieren. Hierdurch kann präventiv ein wichtiger Beitrag zur Risikoanalyse in den betroffen Familien geleistet und eine familiäre genetische Beratung sowie eine frühzeitige medizinische Betreuung eingeleitet werden.

V19: Entwicklung digitaler PCR Methoden für den Nachweis fetaler DNA-Merkmale in maternalem Plasma

Peter Bugert, Dennis Müller, Gabi Rink, Katharina Kemp, Harald Klüter

Institut für Transfusionsmedizin und Immunologie, Universität Heidelberg, Medizinische Fakultät Mannheim, DRK-Blutspendedienst Baden-Württemberg – Hessen; Mannheim

Die digitale PCR (dPCR) ist eine Technologie, die sich durch hohe Sensitivität und Spezifität gleichermaßen auszeichnet. Der Einsatz in der nicht-invasiven Pränataldiagnostik ist daher vielversprechend. In unseren aktuellen Arbeiten zeigen wir die Entwicklung von dPCR-Methoden für den sensitiven Nachweis genetischer Merkmale für die Blutgruppenantigene RHD und Kell sowie für weitere Antigene der Blutzellen. Ziel der Arbeiten ist der zuverlässige Nachweis fetaler Merkmale in zellfreier DNA aus dem Plasma von Schwangeren, um inkompatible Antigenkonstellationen frühzeitig erkennen und gezielt behandeln zu können.

V20: Die vermisste Tochter und der Fuß aus dem Meer. Ein Fallbericht.

Cornelius Courts[1], Christoph Meissner[2], Johanna Preuß-Wössner[1,2]

[1]UKSH Institut für Rechtsmedizin, Campus Kiel
[2]UKSH Institut für Rechtsmedizin, Campus Lübeck

Im Mai 2001 wurde im Sylter Wattenmeer nahe der Ortschaft Wenningstedt am Flutsaum ein Teil eines menschlichen linken Vorfußes aufgefunden und zur Untersuchung an das rechtsmedizinische Institut Lübeck übersandt. Durch DNA-Analyse konnte das Asservat eindeutig einer männlichen Person zugeordnet werden. Ein DNA-Profil mit den den damaligen Standard repräsentierenden fünf STR-Systemen wurde in die Datei für Vermisste und unbekannte Tote eingestellt.
Im Dezember 2016 wurde im Auftrag der Kriminalpolizeibehörde Lippe ein DNA-Meldebogen der leiblichen Mutter einer seit 1996 in Detmold vermissten weiblichen Person erstellt. Beim Abgleich mit dem Fuß aus der Datei für Vermisste und unbekannte Tote ergab sich eine Übereinstimmung mindestens eines Alleles in allen fünf Systemen. Eine vorläufige Berechnung der Mutterschaftswahrscheinlichkeit ergab eine Wert von 99,07%, obwohl der Fuß von einer männlichen Person stammte.
Da der Fuß inzwischen entsorgt worden war, konnte eine Nachuntersuchung nur anhand noch archivierter histologischer Präparate vollzogen werden. Diese ermöglichte die Erstellung eines mehr Systeme umfassenden DNA-Profils, welches schließlich den Ausschluss eines Verwandtschaftsverhältnisses gestattete.

Notizen

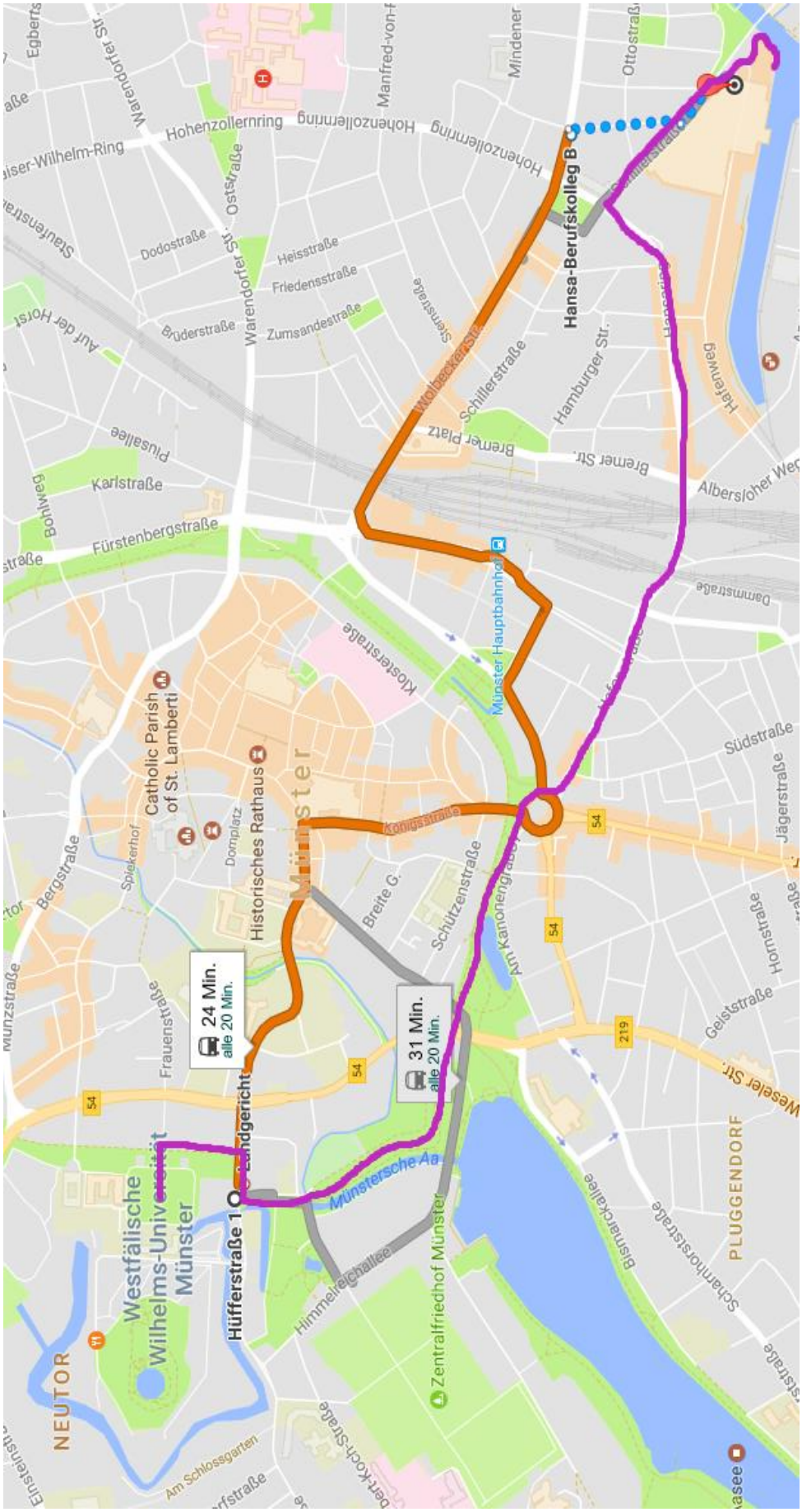
Notizen

Get together, Donnerstag ab 19.00 Uhr: „Uferlos“, Bismarckallee 11

UFERLOS
KNEIPE & CAFÉ

Dinner und Party, Freitag ab 19.30 Uhr: „Eventlocation EsCape“, Hafenweg 46

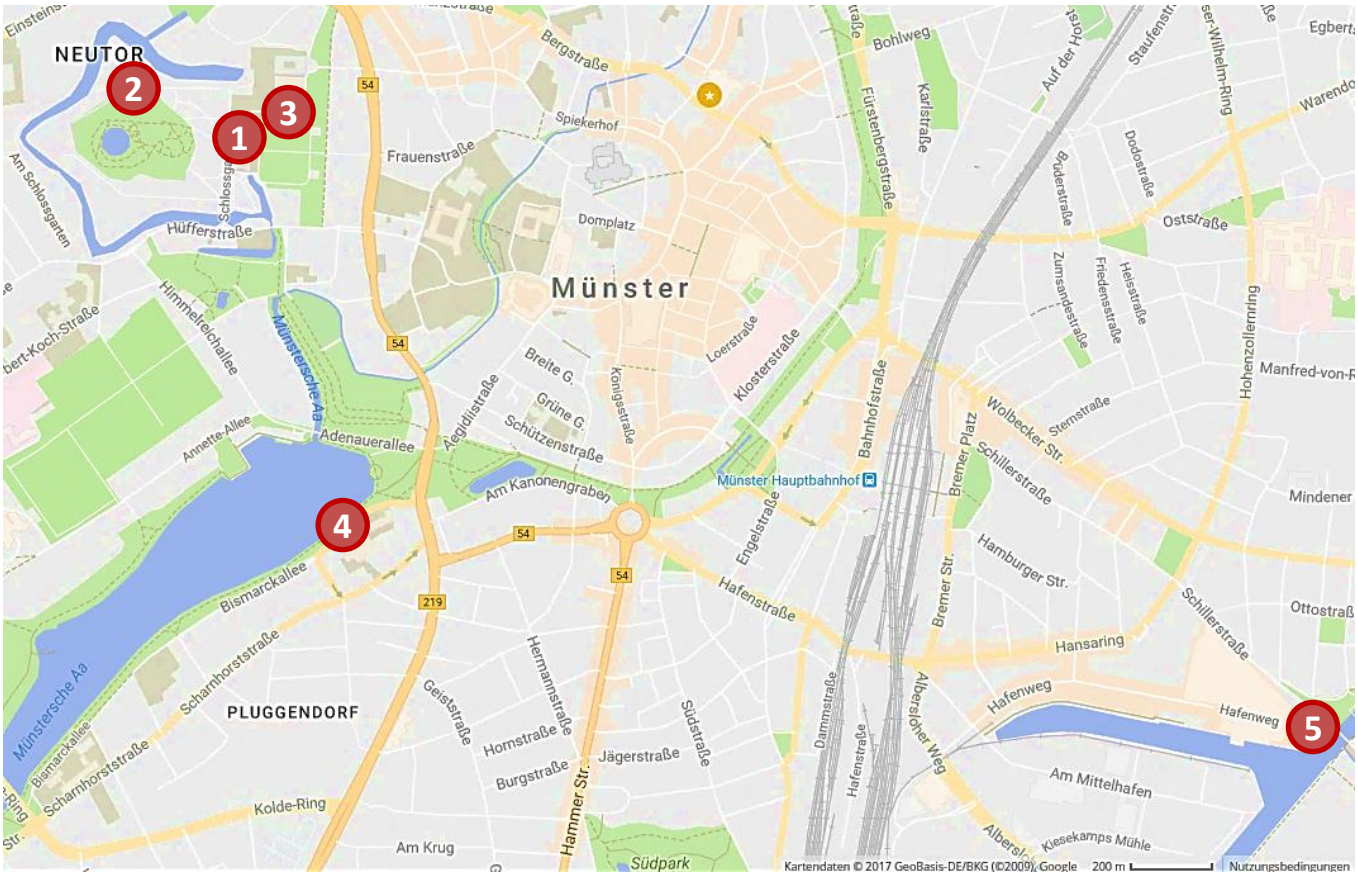
Dinner und Party, Freitag 19.30 Uhr:
Eventlocation EsCape, Hafenweg 46

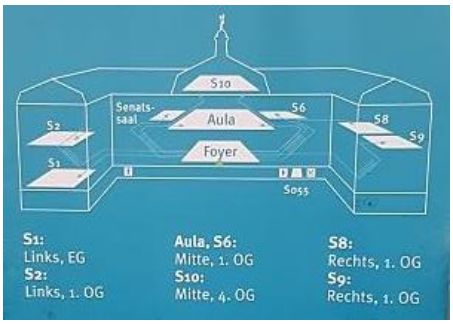


Bus: Haltestelle *Landgericht* Linie 11 Richtung *Tannenhof* bis Haltestelle *Hansa Berufskolleg*

Zu Fuß/ mit dem Fahrrad – ca. 3 km

Übersichtsplan





1 Schloss

Donnerstag, 08.06.17:
- Workshops: Seminarraum „S1“, Seminarraum „Senatssaal“

Freitag bis Samstag, 09.-10.06.17:
- Tagung und Satellitentreffen: Aula

an allen Tagen: Kaffeepausen im Foyer

2 Café Schlossgarten

Donnerstag, 08.06.17 und Freitag, 09.06.17
- Mittagessen

3 Schlossplatz 5

Donnerstag, 08.06.17:
- Workshop: Seminarraum „Festsaal“, 2.OG
- Pausenverpflegung: Foyer im Schloss

4 „Uferlos“, Bismarckallee 11

Donnerstag, 08.06.17:
- Get together, ab 19:00 Uhr

5 „EsCape“, Hafenweg 46

Freitag, 09.06.17:
- Dinner und Party, ab 19:30 Uhr