

15. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung



dgab

deutsche gesellschaft für
abstammungsbegutachtung

www.dgab.org



**UNIKLINIK
KÖLN**

 **BVAG**



Köln, 27. - 29. Juni 2019

www.dgab-online.de

Begleitende Ausstellung:



ThermoFisher
SCIENTIFIC

The world leader in serving science



Auslage/Beilage:



Inhaltsverzeichnis

	Seite
Grußwort	3
Programmübersicht	4 – 10
Kurzfassungen der Vorträge	11 – 31
Notizen	32
Aufnahmeantrag DGAB	33/34
Mitgliedsantrag BVAG	35/36
Allgemeine Informationen	37
Lageplan Deutsches Sport- & Olympia Museum	38
Anreise/Wegbeschreibung	39
“Behalten Sie den Überblick“	40 (Rückseite)

Öffnungszeiten Tagungsbüro

Maritim Hotel Köln

Donnerstag, 27.06.2019 - 9 bis 17 Uhr

Deutsches Sport & Olympia Museum

Freitag, 28.06.2019 - 9 bis 17 Uhr

Samstag, 29.06.2019 - 9 bis 14 Uhr

Herzlich Willkommen in Köln

Sehr geehrte Damen und Herren,
liebe Kolleginnen und Kollegen!

Wir laden Sie herzlich ein, zur 15. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung vom 27. bis zum 29. Juni 2019 nach Köln am Rhein zu kommen. Wir werden uns am Donnerstag wie gewohnt zu fachlichen Fortbildungsveranstaltungen treffen, um dann am Freitag und Samstag das wissenschaftliche Programm mit den Versammlungen des Bundesverbandes und der Fachgesellschaften zu verbinden.

Wir haben uns im Rahmen der DGAB in Köln zuletzt im Jahre 2008 zu unserer Jahrestagung im Kölner Zoo versammelt, und es war daher eine Herausforderung für uns, einen ähnlich attraktiven Tagungsort zu finden. So haben wir für 2019 das Deutsche Sport & Olympia Museum am Rhein ausgewählt, in dem sich unsere wissenschaftlichen Erkenntnisse mit sportlichen Höchstleistungen messen können. Wir hoffen sehr, dass dies Ihre Neugier wecken wird. Natürlich ist Köln als Veranstaltungsort immer eine Reise wert und es lohnt sich, das Wochenende mit dem Besuch der Sehenswürdigkeiten unserer schönen Stadt zu verbinden!

Wir freuen uns auf eine interessante und abwechslungsreiche Tagung mit vielen spannenden Beiträgen und Diskussionen!

Markus Rothschild
Institutsleiter

Peter Schneider
Präsident der DGAB

Institut für Rechtsmedizin der Uniklinik Köln

Melatengürtel 60/62 | 50823 Köln

Telefon 0221-478-88222 | E-Mail rechtsmedizin-dna@uk-koeln.de

Programm

	Donnerstag, 27. Juni 2019 - Fortbildungen - Maritim Hotel Köln Heumarkt 20
09:00	Eintreffen, Registrierung
10:00	Fortbildungsveranstaltungen - Block 1
Kaffee- pause	Strategien in der Abstammungsbegutachtung I Salon Fulda
	Strategien in der Abstammungsbegutachtung II Salon Würzburg
	Statistische Methoden in der Abstammungsbegutachtung Salon Mannheim
13:00	Mittagspause
14:00	Fortbildungsveranstaltungen - Block 2
Kaffee- pause	Strategien in der Abstammungsbegutachtung I Salon Fulda
	Strategien in der Abstammungsbegutachtung II Salon Würzburg
	Statistische Methoden in der Abstammungsbegutachtung Salon Mannheim
17:00	Ende
19:00	Get-together Café Ludwig im Museum Heinrich-Böll-Platz

Ludwig
im
Museum
CAFÉ & RESTAURANT

Programm

	Freitag, 28. Juni 2019 - Tagung - Deutsches Sport & Olympia Museum Im Zollhafen 1
09:00	Eintreffen, Registrierung
10:00	Mitgliederversammlung des Bundesverbandes der Sachverständigen für Abstammungsbegutachtung (BVAG)
11:00	Kaffeepause / Ausstellung
11:30	Begrüßung (Sibylle Banaschak, Peter Schneider)
11:45	Wissenschaftliche Sitzung I
	<i>Vorsitz: Anja Klann, Peter Bugert</i>
11:45	Genetische Besonderheiten bei der Abstammungsbegutachtung <i>Katharina Hannig, Michaela Bosch, Burkhard Rolf</i> <i>Eurofins Medigenomix Forensik GmbH</i>
12:00	Ein einfacher Geschwisterfall <i>Sandra Hering, Micaela Poetsch, Rolf Fimmers</i> <i>Institute für Rechtsmedizin Dresden und Essen, Institut für Medizinische Biometrie, Informatik und Epidemiologie, Bonn</i>
12:15	Wieviel STRs sind genug? Nachanalyse von komplexen Abstammungsgutachten aus dem Ausland <i>Micaela Poetsch, Manuel Pfeifer, Sandra Hering, Thomas Bajanowski</i> <i>Institute für Rechtsmedizin Dresden und Essen</i>
12:30	Komplexe Abstammungsfälle - lösbar oder nicht? Rolf Fimmers <i>Institut für Medizinische Biometrie, Informatik und Epidemiologie, Bonn</i>
12:45	Mittagspause

Programm

	Freitag, 28. Juni 2019 - Tagung - Deutsches Sport & Olympia Museum Im Zollhafen 1
14:00	Wissenschaftliche Sitzung II
	<i>Vorsitz: Marielle Vennemann, Peter Wiegand</i>
14:00	Zum Stand der Gesetzgebung bei der Einführung der erweiterten DNA-Analyse <i>Peter M. Schneider</i> <i>Institut für Rechtsmedizin, Klinikum der Universität zu Köln</i>
14:15	A literature review on the prevalence of pigmentation traits <i>Maria-Alexandra Katsara, Michael Nothnagel</i> <i>Cologne Center for Genomics, Universität zu Köln</i>
14:30	Die forensische DNA-Phänotypisierung zur Identifizierung unbekannter Toter - eine Kasuistik <i>Theresa E. Groß, Magdalena Bogus, Jan Fleckhaus, Ana Freire Aradas, Gabriele Förster, Kerstin Schöbel, Cornelia Schmitt, Thomas Kamphausen, Peter M. Schneider</i> <i>Institut für Rechtsmedizin, Klinikum der Universität zu Köln</i>
14:45	Ethische Herausforderungen der DNA-Phänotypisierung in der Strafverfolgung <i>Dieter Sturma</i> <i>Deutsches Referenzzentrum für Ethik in den Biowissenschaften (DRZE) und Institut für Wissenschaft und Ethik (IWE), Universität Bonn</i>
15:15	Kaffeepause / Ausstellung

Programm

	Freitag, 28. Juni 2019 - Tagung - Deutsches Sport & Olympia Museum Im Zollhafen 1
15:45	Wissenschaftliche Sitzung III
	<i>Vorsitz: Uta Immel, Carsten Tiemann</i>
15:45	Automatische Befundbewertung: Kann das funktionieren? <i>Volker Weirich</i> <i>LKA Mecklenburg-Vorpommern, Rамpe</i>
16:15	Die Rolle von DNA-Sachverständigen in zwei verschiedenen Rechtssystemen <i>Marielle Vennemann</i> <i>Institut für Rechtsmedizin Münster</i>
16:30	SWGDM Validationsstudie des MonSTR® Panels - Ein Multiplex Kit für die hochauflösende STR-Typisierung mittels MPS <i>Janine Silvery, Peter Wiegand, Carsten Tiemann</i> <i>LABCON-OWL, Rechtsmedizin Ulm, Fachhochschule Bielefeld</i>
16:45	Ergebnisse der DGAB-Ringversuche 2018/2 und 2019/1 <i>Rolf Fimmers</i> <i>Institut für Medizinische Biometrie, Informatik und Epidemiologie, Bonn</i>
17:00	Mitgliederversammlung der Deutschen Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung (DGAB)
19:00	Gesellschaftsabend FRÜH am Dom Am Hof 12-18

früh
AM DOM

Programm

	Samstag, 29. Juni 2019 - Tagung - Deutsches Sport & Olympia Museum Im Zollhafen 1
09:30	Wissenschaftliche Sitzung IV
	<i>Vorsitz: Micaela Poetsch, Cornelius Courts</i>
09:30	Der Golden State Killer - genetische Genealogie zur Aufklärung von Straftaten <i>Peter M. Schneider</i> <i>Institut für Rechtsmedizin, Klinikum der Universität zu Köln</i>
10:00	Wie gewonnen so zerronnen – Ein Fallbeispiel aus der genetischen Genealogie <i>Carsten Hohoff, Bernd Brinkmann</i> <i>Institut für Forensische Genetik, Münster</i>
10:15	Epigenetische Lebensaltersschätzung an Blutspuren aus polizeilichen Ermittlungen <i>Manual Pfeifer, Thomas Bajanowski und Micaela Poetsch</i> <i>Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Essen</i>
10:30	Auf der Suche nach dem fehlenden Y-Chromosom beim Putativvater - ein Fallbericht <i>Sonja Uerlings, Burkhard Madea, Melanie Grabmüller</i> <i>Institut für Rechtsmedizin Bonn</i>
10:45	Das Mädchen, das (genotypisch) kein Mädchen war <i>Julia Becker, Sabine Lutz-Bonengel, Melanie Grabmüller, Petra Böhme</i> <i>Institute für Rechtsmedizin Düsseldorf, Freiburg und Bonn</i>
11:00	Kaffeepause / Ausstellung

Programm

	Samstag, 29. Juni 2019 - Tagung - Deutsches Sport & Olympia Museum Im Zollhafen 1
	Wissenschaftliche Sitzung V
	Vorsitz: Sandra Hering, Burkhard Rolf
11:45	*Nicht-invasive pränatale Abstammungsuntersuchung unter der Verwendung von SNPforID-Markern in der digitalen PCR <i>Marion Eryilmaz, Gabi Rink, Harald Klüter, Peter Bugert Institut für Transfusionsmedizin und Immunologie, Universität Heidelberg, Medizinische Fakultät Mannheim, DRK Blutspendedienst Baden-Württemberg – Hessen, Mannheim</i>
12:00	*Vergleichende Bewertung potentieller Störsubstanzen zur Manipulation der Mundschleimhaut bei Abstammungsgutachten <i>Nicole Razowski, Burkhard Madea, Melanie Grabmüller Institut für Rechtsmedizin Bonn</i>
12:15	Alles durcheinander? – Gemischter Chimärismus nach Stammzelltransplantation beeinträchtigt Individualisierung einer 21 Jahre alten Spermaprobe <i>Cornelius Courts, Johanna Preuß-Wössner Institut für Rechtsmedizin Kiel</i>

*Gewinner des DGAB-Forschungswettbewerbs 2018

Programm

	<p>Samstag, 29. Juni 2019 - Tagung -</p> <p style="text-align: right;">Deutsches Sport & Olympia Museum Im Zollhafen 1</p>
12:30	<p>Wer bin ich? – Abstammungsuntersuchungen mit Gegenständen als Spurenräger und unter Nutzung unterschiedlicher genetischer Marker</p> <p><i>Nicole von Wurmb-Schwark, Jan-Hendrik Modrow, Manuel Pfeifer, Micaela Poetsch</i></p> <p><i>Forensische Genetik und Rechtsmedizin am Institut für Hämatopathologie Hamburg, Institut für Rechtsmedizin Essen</i></p>
12:45	<p>Etablierung einer neuen Extraktionsmethode zur Isolierung von DNA aus Zähnen und Knochen</p> <p><i>Roberta Schiller, Katja Anslinger, Birgit Bayer</i></p> <p><i>Institut für Rechtsmedizin München</i></p>
13:00	<p>Verabschiedung / Imbiss</p>

Kurzfassungen der Vorträge

Genetische Besonderheiten bei der Abstammungsbegutachtung

*Katharina Hannig, Michaela Bosch und Burkhard Rolf
Eurofins Medigenomix Forensik GmbH*

Während der Routineuntersuchung in der Abstammungsbegutachtung treten von Zeit zu Zeit Spezialfälle auf, die auf genetische Anomalien zurückzuführen sind. Als einprägsames Beispiel soll unter anderem der Fall „46,XX / 46,XY“, Chimerismus bzw. Mosaizismus, näher beleuchtet werden. „46,XX / 46,XY“ bezeichnet eine Konstellation, bei der zwei distinkte Zellpopulationen mit unterschiedlichen Geschlechtschromosomen im Körper auftreten. Anhand zweier Praxisfälle aus der Abstammungsbegutachtung und der Datenbankarbeit soll die Befundung und der Umgang mit den erhaltenen Ergebnissen dargestellt werden.

Ein einfacher Geschwisterfall

Sandra Hering¹, Micaela Poetsch² und Rolf Fimmers³

¹ Institut für Rechtsmedizin, Medizinische Fakultät der TU Dresden

² Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Essen

*³ Institut für Medizinische Biometrie, Informatik und Epidemiologie,
Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn*

Zwei Schwestern wollten klären, ob sie den gleichen Vater haben oder nicht – also eine Unterscheidung zwischen Voll- und Halbgeschwisterschaft. Das sollte ein einfacher Fall für die X-chromosomalen Marker sein.

Die Analyse der Marker des Argus X-12 Kits ergab in jedem System Übereinstimmungen, in den Kopplungsgruppen 2 und 3 sogar übereinstimmende Genotypen. Folglich konnte die Abstammung vom gleichen Vater nicht ausgeschlossen werden, die biostatistische Bewertung mit der Software Fam-LinkX ergab LR-Werte von 4.200 bis 47.000 für die Vollgeschwisterschaft.

Aus rein wissenschaftlichem Interesse wurden auch autosomale Marker typisiert. Jedoch stimmten nur 12 von 32 Allelen überein, die Biostatistik ergab mit 4,3% den Hinweis, dass es sich eher um Halbgeschwister handelt.

Aufgrund dieser widersprüchlichen Ergebnisse wurde der Untersuchungsumfang mit autosomalen und auch X-chromosomalen Markern erweitert und es werden alternative Hypothesen zur Diskussion gestellt.

Wieviel STRs sind genug? Nachanalyse von komplexen Abstammungsgutachten aus dem Ausland

*Micaela Poetsch¹, Manuel Pfeifer¹, Sandra Hering²,
Thomas Bajanowski¹*

¹ *Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Essen*

² *Institut für Rechtsmedizin, Medizinische Fakultät der TU Dresden*

In den letzten Jahren ist das Institut für Rechtsmedizin Essen verstärkt von deutschen Gerichten und Ausländerbehörden, aber auch von Privatpersonen um die Nachanalyse von komplexen Abstammungsgutachten gebeten worden, die überwiegend im außereuropäischen Ausland durchgeführt worden sind. Die meisten der Ergebnisse konnten bestätigt werden, allerdings gab es auch diverse Fälle, in denen der Untersuchungsumfang und/oder die Schlussfolgerungen weit entfernt von den Anforderungen des deutschen Gendiagnostikgesetzes waren. Eine Reihe dieser Fälle mit unterschiedlichen Ergebnissen werden vorgestellt.

Kurzfassungen der Vorträge

Komplexe Abstammungsfälle - lösbar oder nicht?

Rolf Fimmers

*Institut für Medizinische Biometrie,
Informatik und Epidemiologie, Bonn*

Für viele Abstammungsfälle kann mit den heute verfügbaren Markern mit großer Wahrscheinlichkeit eine klare Entscheidung erwartet werden. Die Frage einer möglichen Vaterschaft kann fast immer eindeutig beantwortet werden. Es ergibt sich entweder einen Ausschluss oder ein sehr hohe Likelihood-Quotienten bzw. W -Wert für die Vaterschaft. Eine etwas allgemeinere Faustregel besagt, dass in Konstellationen, bei denen ein Ausschluss möglich ist, im Falle eines Nichtausschlusses auch ein überzeugender W -Wert zu erwarten ist. Anders ist die Situation, wenn eine entferntere Verwandtschaft in Frage steht, oder in komplexeren Defizienzfällen. Möglich Fragen sind dabei: ist für den jeweiligen Fall überhaupt eine eindeutige Antwort in Form überzeugender W -Werte zu erwarten, wie viele Marker (überhaupt oder zusätzlich) sind notwendig für eine zufriedenstellende Antwort, oder was bringt das Typisieren bestimmter zusätzlicher Personen? Im Rahmen dieses Vortrages wird eine Strategie zur Lösung solcher Fragen vorgestellt und an Hand von Beispielen erläutert.

Kurzfassungen der Vorträge

Zum Stand der Gesetzgebung bei der Einführung der erweiterten DNA-Analyse

Peter M. Schneider

Institut für Rechtsmedizin, Klinikum der Universität zu Köln

Seit über zwei Jahren liegen Gesetzesentwürfe zur Änderung des §81 StPO vor, die von den Ländern Baden-Württemberg und Bayern 2017 im Bundesrat eingebracht wurden, um die Vorhersage äußerer Körpermerkmale, der biogeografischen Herkunft und des Alters aus DNA-Spurenmaterial – auch unter dem Begriff „DNA-Phänotypisierung“ zusammengefasst – im Rahmen der Verbrechensaufklärung zu ermöglichen. Im Koalitionsvertrag vom März 2018 blieben in Bezug auf die Einführung der erweiterten DNA-Analyse nur die Vorhersage von Pigmentierungsmarkern sowie des Alters übrig. Unabhängig davon wurde im Mai 2018 mit der Novelle des bayerischen Polizeiaufgabengesetzes der Einsatz der DNA-Phänotypisierung zur Gefahrenabwehr legalisiert. Im Vortrag werden diese und weitere aktuelle Entwicklungen erläutert und diskutiert.

Kurzfassungen der Vorträge

A literature review on the prevalence of pigmentation traits

Maria-Alexandra Katsara, Michael Nothnagel

Department of Statistical Genetics and Bioinformatics, Cologne Center for Genomics, University of Cologne, Cologne, Germany

The distribution and prediction of externally visible characteristics has been of interest for decades, with a strong focus on eye and hair color pigmentation. Numerous recent studies have revealed genetic and environmental factors that contribute to these two traits and that have been used to predict them. However, use of prior knowledge on the geographic distribution of those traits, which may improve prediction accuracy, has so far been barely used. To this end, we conducted a literature review on the geographic prevalence distribution for eye and hair color categories, thereby assessing reasonable prior probabilities for their prediction. Somewhat surprisingly, we found the amount of reliable scientific data available to be quite limited, despite an ongoing interest in this topic for over a century. We will report on the set of those countries for which we were able to compile trustworthy outcomes concerning eye and hair color distribution. We will also present results from the statistical analysis of these data, including the application of interpolation techniques. Our results will hopefully facilitate the improvement of already existing and of novel prediction methods for pigmentation traits.

Kurzfassungen der Vorträge

Die forensische DNA-Phänotypisierung zur Identifizierung unbekannter Toter - eine Kasuistik

Theresa E. Groß, Magdalena Bogus, Jan Fleckhaus, Ana Freire Aradas, Gabriele Förster, Kerstin Schöbel, Cornelia Schmitt,

Thomas Kamphausen, Peter M. Schneider

Institut für Rechtsmedizin, Klinikum der Universität zu Köln

Die wahrscheinlichkeitsgestützte Vorhersage von Aussehensmerkmalen, der biogeografischen Herkunft und des Alters aus DNA-Spurenmaterial wird auch unter dem Begriff „Forensische DNA-Phänotypisierung“ oder erweiterte DNA-Analyse zusammengefasst und kann investigative Hinweise zur Ermittlung unbekannter Straftäter liefern. In Deutschland ist die Forensische DNA-Phänotypisierung im Rahmen der Verbrechensaufklärung auf Grund der Vorgaben des §81e StPO nicht zulässig. Bei der Identifizierung Verstorbener, die in §88 StPO geregelt ist, gestaltet sich die Rechtslage hingegen anders, da hier die Beschränkungen des §81e nicht greifen. Die Möglichkeiten und Grenzen des Einsatzes der DNA-Phänotypisierung bei der Identifizierung eines Verstorbenen werden im Rahmen einer sehr ungewöhnlichen Kasuistik dargelegt und diskutiert.

Kurzfassungen der Vorträge

Ethische Herausforderungen der DNA-Phänotypisierung in der Strafverfolgung

Dieter Sturm

Direktor des Deutschen Referenzzentrums für Ethik in den Biowissenschaften (DRZE) und des Instituts für Wissenschaft und Ethik (IWE), Universität Bonn

Vor dem Hintergrund neuer Methoden zur Auswertung von DNA-Spuren erhält die ethische angeleitete Abwägung von Möglichkeiten und Gefahren molekulargenetischer Verfahren in der Strafverfolgung besondere Dringlichkeit, um einen Ausgleich von z.T. gegensätzlichen Interessen Geschädigter, möglicher Beschuldigter, kriminalistischer Ermittler und anderer Beteiligter zu ermöglichen.

Kurzfassungen der Vorträge

Die DNA-Befunde im Routine-Labor sind üblicherweise Ergebnis einer technisch unterstützten Bewertung durch den Sachverständigen

Volker Weirich

Landeskriminalamt Mecklenburg-Vorpommern, 19067 Rampe

Die DNA-Befunde im Routine-Labor sind üblicherweise Ergebnis einer technisch unterstützten Bewertung durch den Sachverständigen. Damit hat der Prozess eine subjektive Komponente, die zu relevanten Abweichungen bei einer erneuten Bewertung durch die gleiche Person bis hin zu unterschiedlichen Ergebnissen bei Beurteilung durch einen anderen Gutachter führen kann. Die daraus im Einzelfall resultierende Konfusion vor Gericht führt dann zu generellen Zweifeln am Beweiswert der DNA-Analytik. Der Vortrag zeigt einen möglichen Ausweg - ohne subjektive Beeinflussung und ohne simple Entscheidungsgrenzen, die der Vielfalt der auftretenden Ergebnisausprägungen nur schlecht gerecht werden. Die Ergebnisse der automatischen Analyse werden mit denen der bisherigen Bewertung durch einen Sachverständigen gegenüber gestellt.

Kurzfassungen der Vorträge

Die Rolle von DNA-Sachverständigen in zwei verschiedenen Rechtssystemen

Marielle Vennemann

Institut für Rechtsmedizin Münster

Das adversatorische Strafverfahren (z.B. Großbritannien) unterscheidet sich grundlegend von dem in Deutschland angewandten inquisitorischen Strafverfahren: Das adversatorische Verfahrensmodell kann als ein Streit zwischen zwei Parteien (Anklage und Verteidigung) verstanden werden, in dem die Aufgabe des Gerichts vornehmlich die ist, über die Zulässigkeit und Rechtmäßigkeit der von den Parteien vorgebrachten Beweismittel zu entscheiden, wobei Geschworene über Schuld bzw. Unschuld von Angeklagten richten. Demgegenüber steht das inquisitorische Rechtssystem, in dem das Gericht von Amts wegen die Pflicht hat, alle wesentlichen Beweise zur Aufklärung und Entscheidung selbst einzubringen, ohne dabei auf Beweisinitiativen der Beteiligten angewiesen, oder durch diese begrenzt zu sein („Pflicht zur Wahrheitsfindung“).

Aufgrund dieser unterschiedlichen Verfahrensmodelle ergeben sich Unterschiede in der Rolle, den Aufgaben und dem (Selbst-)Verständnis von Sachverständigen bzw. „expert witnesses“. Ein Blick über den Ärmelkanal kann helfen, die eigene Rolle innerhalb unseres inquisitorischen Rechtssystems besser zu verstehen.

Im Vortrag werden die formalen Kriterien der Sachverständigentätigkeit in Deutschland erläutert und die Unterschiede zu einer Tätigkeit im adversatorischen Rechtssystem dargelegt und diskutiert.

SWGDM Validationsstudie des monSTR[®] Panels – ein Multiplex Kit für die hochauflösende STR-Typisierung mittels MPS

Janine Silvery¹, Peter Wiegand², Carsten Tiemann^{1,3}

¹LABCON-OWL Analytik, Forschung und Consulting GmbH, Siemensstraße 40, 32105 Bad Salzuflen (info@labcon-owl.de)

²Institut für Rechtsmedizin, Universität Ulm, Albert-Einstein-Allee 23, 89081 Ulm

³Fachbereich Ingenieurwissenschaften und Mathematik, Fachhochschule Bielefeld, 33619 Bielefeld

Mit zunehmendem Einsatz von *Massively Parallel Sequencing* (MPS) in der forensischen Molekulargenetik steigt der Bedarf an STR-Verfahren, die einen effizienten Workflow im Routinelabor ermöglichen. Bislang wurden einige Multiplex-Kits entwickelt und validiert, deren Ergebnisse das Anwendungspotential im Bereich der forensischen Genotypisierung verdeutlichen.

Im Rahmen des Forschungsprojekts wurde die Etablierung und systematische Optimierung des monSTR[®] Panels beschrieben. Es besteht aus 20 forensischen STR-Markern sowie Amelogenin und ist mit der Illumina MiSeq Plattform kompatibel. Inhalt der vorliegenden Studie war es, das Panel gemäß der empfohlenen SWGDAM-Richtlinien zu validieren. Insgesamt wurden sechs Studien durchgeführt (*concordance, repeatability, sensitivity, mixture analysis, species specificity, and case-type samples*) und die Assay-Performance wurde anschließend durch statistische Parameter validiert (*on-target ratio, inter-and intralocus balance, heterozygosity balance, and signal-to-noise ratio*). Zur Auswertung der Sequenzdaten wurde die Software toaSTR[®] verwendet. Innerhalb der *repeatability* Studie konnte eine hohe Genauigkeit und Präzision erzielt werden. Die genetischen Profile der NIST- und GEDNAP-Proben belegen sowohl eine vollständige Konkordanz gegenüber der CE als auch eine gute Heterozygotie-Balance der STR-Marker, vor allem hinsichtlich SE33. Vollständige Profile wurden bis 62,5 pg DNA-Input generiert und 75% der analysierten Allele bis 7,8 pg detektiert. Innerhalb der Mischungsstudie konnten 95% der *minor* Allele in der 1:50 Mischung aufgelöst werden. Die Ergebnisse der Validationsstudie zeigen, dass das monSTR[®] Panel ein valides Tool für die STR-Typisierung forensischer Proben mittels MPS ist.

Nach derzeitigen Erfahrungen zeigt sich, dass sowohl die Probenbearbeitung mittels monSTR[®] als auch unsere bioinformatischen Lösungswege zu einer Vereinfachung des forensischen Workflows führen, wodurch wir uns den Erfordernissen eines routinetauglichen MPS-Verfahrens weitestgehend annähern.

Kurzfassungen der Vorträge

Der Golden State Killer - genetische Genealogie zur Aufklärung von Straftaten

Peter M. Schneider

Institut für Rechtsmedizin, Klinikum der Universität zu Köln

Im April 2018 wurde Joseph DeAngelo verhaftet, der als „Golden State Killer“ in den Jahren 1974-1986 in Kalifornien über 13 Morde sowie zahlreiche Vergewaltigungen und Einbruchsdiebstähle begangen hatte. Er war nie in Polizeidatenbanken aufgetaucht und wurde indirekt über die öffentliche genealogische Datenbank GEDmatch identifiziert. Dies ist eine öffentlich zugängliche Datenbank, in die private Nutzer genomweite SNP-Daten hochladen können, um auf diesem Wege entfernte Verwandte bis zu Cousins/Cousinen 4. und 5. Grades finden zu können. Die Nutzung für polizeiliche Ermittlungen erfolgte im Falle des Golden State Killer verdeckt und der Ermittlungserfolg hat eine Welle von weiteren erfolgreichen genealogischen Aufklärungen lang zurück liegender Straftaten nach sich gezogen. Gleichzeitig begann eine Diskussion um die Rechtmäßigkeit der Nutzung privater Daten für Ermittlungszwecke sowie Fragen des Datenschutzes und der Grenzen dieses Verfahrens. Im Vortrag wird erläutert, auf welchen genetischen Grundlagen die genealogische Verwandtensuche beruht, welche Möglichkeiten sie eröffnet und wie der aktuelle Stand der Diskussion über Einführung eventueller gesetzlicher oder freiwilliger Regelungen zur Nutzung dieser Daten in den USA ist.

Erlich Y, Shor T, Pe'er I, Carmi S. Identity inference of genomic data using long-range familial searches. *Science*. 2018 Nov 9; 362(6415): 690-694. doi:10.1126/science.aau4832.

Greytak EM, Moore C, Armentrout SL. Genetic genealogy for cold case and active investigations. *Forensic Sci Int*. 2019 Mar 27; 299: 103-113. doi:10.1016/j.forsciint.2019.03.039.

Murphy E. Law and policy oversight of familial searches in recreational genealogy databases. *Forensic Sci Int*. 2018 Nov; 292: e5-e9. doi:10.1016/j.forsciint.2018.08.027

Kurzfassungen der Vorträge

Wie gewonnen so zerronnen – Ein Fallbeispiel aus der genetischen Genealogie

*Carsten Hohoff und Bernd Brinkmann
Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster*

Mit der Identifizierung des Golden State Killers in den USA mittels forensisch-genealogischer Verfahren im Jahr 2018 spielt dieses kontrovers diskutierte Vorgehen eine immer größer werdende Rolle bei der Aufklärung von ungeklärten Altfällen. Im Rahmen dieses Beitrags wird eine Kasuistik vorgestellt, die aus einem DNA-Zwillings-Test in eine genetisch-genealogische Untersuchung zur Auffindung des biologischen Vaters der Zwillinge (geboren 1946) mündete. Dabei wurden kommerzielle Datenbanken sowie die kostenlose Analyseplattform GEDmatch genutzt, um in aller Welt lebende Verwandte aufzufinden.

Praktische Erfahrungen mit der Vorgehensweise werden vorgestellt und ethische Implikationen, die sich mit der Klärung der Identität des biologischen Vaters der Zwillinge ergaben, werden diskutiert.

Kurzfassungen der Vorträge

Epigenetische Lebensaltersschätzung an Blutspuren aus polizeilichen Ermittlungen

M. Pfeifer, T. Bajanowski, M. Poetsch

Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Essen

Die Anzahl an unterschiedlichen Modellen zur Schätzung des biologischen Alters anhand der DNA-Methylierung ist in den letzten Jahren enorm angestiegen. Neben der Identifizierung von weiteren altersabhängigen CG-Motiven wurden und werden unterschiedliche Berechnungsmodelle für verschiedene Gewebe- und/oder Zelltypen etabliert. Bevor ein solches Modell routinemäßig angewandt werden kann, muss es in unterschiedlichen Laboren überprüft und möglicherweise adaptiert werden.

Neben der molekulargenetischen Altersbestimmung zur Frage der Volljährigkeit, z.B. bei Flüchtlingen oder jugendlichen Straftätern, kann auch eine Bestimmung des Lebensalters von Spurenlegern an Tatorten von großem Interesse sein. Daher überprüften wir ein bereits veröffentlichtes Altersmodell (basierend auf Blutproben) in unserem Labor und passten dieses an unsere generierten Daten an. Das abgewandelte Modell wurde anschließend auf Blutspuren von verschiedenen Fällen angewandt um seinen Einsatz für die Spurenanalytik zu testen. Die Ergebnisse werden vorgestellt und diskutiert.

Kurzfassungen der Vorträge

Auf der Suche nach dem fehlenden Y-Chromosom beim Putativvater – ein Fallbericht

*Sonja Uerlings, Burkhard Madea, Melanie Grabmüller
Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Bonn, Stiftsplatz 12,
53111 Bonn*

Im Rahmen eines gerichtlich beauftragten Trio-Abstammungsgutachtens sollte festgestellt werden, dass der rechtliche Vater des Kindes nicht der biologische Erzeuger sei, da die Kindsmutter mit einem neuen Partner das Kind gezeugt habe und dieser die Vaterschaft anerkennen wolle. Die Eheleute leben seit 2010 getrennt, haben keine gemeinsamen Kinder und seien noch nicht geschieden. Im Zuge der routinierten Labormethodik bei Abstammungsuntersuchungen fiel auf, dass der Putativvater lediglich Träger des X-Chromosoms war und dass das Y-Chromosom gänzlich fehlte. Nach Ausschluss laborinterner Fehler, die womöglich für einen Ausfall des Y-Chromosoms gesorgt haben könnten, stand der Verdacht des sogenannten „XX-Mann-Syndroms“ im Raum. Weitergehende Analysen, unter anderem die Erstellung eines Y-STR-Profiles und die Detektion des „Sex determining region of Y“ (SRY)-Gens, brachten Aufklärung in der Suche nach dem fehlenden Y-Chromosom beim Putativvater.

Das Mädchen, das (genotypisch) kein Mädchen war

Julia Becker¹, Sabine Lutz-Bonengel², Melanie Grabmüller³, Petra Böhme¹

¹ Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Düsseldorf, Moorenstr. 5, 40225 Düsseldorf

² Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Freiburg, Albertstr. 9, 79104 Freiburg im Breisgau

³ Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Bonn, Stiftsplatz 12, 53111 Bonn

Im Rahmen einer gerichtlich beauftragten Familiensache sollte ein Abstammungsgutachten zur Feststellung einer Vaterschaft zweieiiger Zwillinge durchgeführt werden. Bei den Geschwistern handelte es sich um einen Jungen und ein Mädchen, die zum Zeitpunkt der Untersuchung etwa fünf Monate alt waren.

Zur Typisierung der STR-Systeme wurden die Kits *MPX-5ESS* der Firma Serac und *Powerplex 21 System* der Firma Promega verwendet.

Die Ergebnisse zeigten, dass der Vater bei beiden Kindern alle unerlässlichen Erbmerkmale trug, weshalb er somit nicht von der Vaterschaft ausgeschlossen werden konnte. Der Junge wies keine genetischen Besonderheiten auf, wohingegen das System Amelogenin bei dem Mädchen die Allele XY aufwies. Durch Nutzung des *PowerPlex Y23* Kits (Promega) ergab sich ein männliches Vollprofil, welches mit dem des zuvor festgestellten Vaters übereinstimmte. Weiterhin trugen beide Kinder jeweils ein X-Allel der Mutter, sodass der Junge ein anderes X-Allel vererbt bekommen hat als das Mädchen.

Zudem wird die Frage geklärt, ob bei dem Mädchen das „Sex determining region of Y“ (SRY)-Gen auf dem Y-Chromosom fehlt, wodurch ein weiblicher Phänotyp in Erscheinung tritt.

Kurzfassungen der Vorträge

Non-invasive prenatal lineage analysis using SNPforID markers in digital PCR

Marion Eryilmaz, Gabi Rink, Harald Klüter, Peter Bugert

Institute of Transfusion Medicine and Immunology, Heidelberg University, Medical Faculty Mannheim, German Red Cross Blood Service Baden-Württemberg – Hessen, Mannheim

Background: The examination of the fetus using the cell-free DNA (cfDNA) obtained from the mother's blood has already been successfully used for bloodgroup antigen analysis, e.g. Rhesus identification. Fetal cfDNA can be detected in the mother's blood at a very early stage of pregnancy. We would like to present our project for the proof of principle, for a non-invasive prenatal paternity test from a blood sample of pregnant women based on digital PCR (dPCR). For identification of the fetal genotype, we use single-nucleotide polymorphism (SNP) markers from the SNPforID panel.

Methods: EDTA blood samples were taken from healthy volunteers with known genotypes of the selected SNPforID markers. 1% cell-free plasma of known heterozygous was mixed with 99% homozygous genotypes and cfDNA was isolated from the plasma mixture using a commercial kit (QIAamp Circulating Nucleic Acid Kit; Qiagen). Nested PCR prior to dPCR was introduced for amplification of the targets from cfDNA in order to increase the number of fluorescence signals. All dPCR analyses were performed using a QuantStudio™ 3D system (Applied Biosystems). The PCR assays for SNP markers are based on sequence-specific TaqMan probes with FAM or VIC as a fluorescent dye and a minor groove binding quencher.

Results: In mixed plasma samples we were able to identify rare allele for all 4 investigated assays. Specificity of the assays was tested on cfDNA from known homozygous genotypes with false positive signals in a range of 0 to 0.05 %.

Conclusion: We were able to show that the non-invasive paternity test is possible by using SNPforID markers. The results of this proof of principle tests using mixed plasma samples allows conclusions about the use of the assays in plasma samples from pregnant women.

Vergleichende Bewertung potenzieller Störsubstanzen zur Manipulation der Mundschleimhaut bei Abstammungsuntersuchungen

Nicole Razowski, Burkhard Madea, Melanie Grabmüller

Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Bonn, Stiftsplatz 12, 53111 Bonn

Trotz bewährter und routinierter Methodik bei Abstammungsuntersuchungen kann in seltenen Fällen lediglich ein DNA-Teilprofil oder kein DNA-Profil generiert werden. So auch in einem durch das Gericht angeordneten Abstammungsfall aus dem Institut für Rechtsmedizin Bonn. Nachdem laborinterne Fehler jedoch ausgeschlossen werden konnten und eine Wiederholung des Analyseprozesses durch erneute Entnahme der Mundschleimhaut zu keinem Erfolg führte, waren sowohl eine vorsätzliche Manipulation der Mundschleimhaut zur Vertuschung der biologischen Vaterschaft als auch eine unabsichtliche Manipulation durch zeitnahes Konsumieren potenzieller Störsubstanzen vor der Probenentnahme als Grund für den Nichterhalt eines vollständigen DNA-Profiles denkbar.

Daraufhin wurden 15 Probanden gebeten, je 25 ml acht verschiedener Flüssigkeiten und zwei Zuckerwaren über zwei Zeitintervalle im Mund einzubehalten. Von dem entnommenen Mundschleimhautprobenmaterial der linken und rechten Wangenseite wurde untersucht, ob bestimmte Flüssigkeiten/Zuckerwaren die Mundschleimhaut so „degradieren“, dass kein oder nur ein DNA-Teilprofil generiert werden kann.

Die Ergebnisse zeigten, dass es Unterschiede zwischen den Probanden und den Substanzen sowohl im Grad der Degradierung als auch den Allelausfällen des DNA-Profiles gab.

Alles durcheinander? – Gemischter Chimärismus nach Stammzelltransplantation beeinträchtigt Individualisierung einer 21 Jahre alten Spermprobe

*Cornelius Courts und Johanna Preuß-Wössner
Institut für Rechtsmedizin, Universität Schleswig-Holstein Kiel,
24105 Kiel, Deutschland*

Wir waren mit der Individualisierung einer Spermprobe beauftragt, die unser Patient vor mehr als 20 Jahren abgegeben und kryoasservieren lassen hatte und von der er nun fürchtete, daß sie verwechselt worden sein könnte. In einer ersten Untersuchung stellten wir fest, daß die DNA-Profile der Blutprobe des Patienten und der asservierten Spermprobe in der Tat nicht übereinstimmten. In der Folge gelang dann der Nachweis, dass die Ursache dafür eine vom Patienten im Rahmen einer Krebstherapie im Jahr 1997 erhaltene Transplantation von Stammzellen seines leiblichen Bruders war, die einen gemischten Chimärismus hervorgerufen hatte, was uns zum Zeitpunkt der Untersuchung jedoch nicht bekannt war.

Hinzukam, daß die Proben des Blutes (Spender) und des Spermas (Empfänger) eine sehr geringe Verwandtschaftswahrscheinlichkeit aufwiesen, was zunächst den Verdacht des Patienten hinsichtlich einer Verwechslung bestärkte. Indem wir in einer Folgeuntersuchung auch Proben des Haars und der Mundschleimhaut des Patienten sowie zusätzlich Y-chromosomale STR-Systeme in die Untersuchung mit einbezogen, ließ sich letztlich sicherstellen, dass das Transplantat tatsächlich von seinem leiblichen Bruder und mithin dass das Sperma vom Patienten stammte.

Wer bin ich? – Abstammungsuntersuchungen mit Gegenständen als Spurenläger und unter Nutzung unterschiedlicher genetischer Marker

Nicole von Wurmb-Schwark¹, Jan-Hendrik Modrow¹, Manuel Pfeifer², Micaela Poetsch²

¹*ForGen, Forensische Genetik und Rechtsmedizin am Institut für Hämatopathologie Hamburg*

²*Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Essen*

Die forensische Genetik wurde in den letzten Jahren immer weiter verbessert, so dass heutzutage DNA-Proben von unterschiedlichsten, auch Jahrzehnte alten Spurenlägern erfolgreich analysiert werden können. Diese Erkenntnis hat sich herumgesprochen und daher häufen sich die Fälle, in denen Betroffene sich melden, um teilweise Jahre nach dem Tod der Mutter oder des Vaters herauszufinden, ob die bisherige, offizielle Verwandtschaftsbeziehung tatsächlich korrekt ist.

Abgesehen von dem Risiko, dass sich auch die DNA einer (oder mehrerer) anderer Personen als dem angenommenen Verwandten am Spurenläger befinden kann, können weitere analysebedingte Probleme auftreten. Wir stellen mehrere Fälle vor, in denen unterschiedlichste Gegenstände als Träger der DNA des vermeintlichen Verwandten zur Analyse gebracht wurden und die durch den Einsatz unterschiedlicher STR-Kits gelöst werden konnten (oder auch nicht).

Kurzfassungen der Vorträge

Etablierung einer neuen Extraktionsmethode zur Isolierung von DNA aus Zähnen und Knochen

*Roberta Schiller, Katja Anslinger und Birgit Bayer
Institut für Rechtsmedizin, LMU, München*

Knochen und Zähne gehören zur den schwierigeren Materialien im Alltag der forensischen Molekulargenetik. Häufig ist die DNA-Ausbeute gering und die DNA aufgrund von Lagerungsdauer und -bedingungen degradiert. Standardmäßig wird bei solchen Proben in unserem Institut nach Dekalzifizierung mit EDTA und anschließendem Proteinase K Verdau die DNA mit magnetischen Beads isoliert (KieSSLich et al, 2002). Mitte 2018 wurde uns von der Firma Promega ein neuer Knochen-Lysis-Puffer (N/S), der sich zu dieser Zeit in der Testphase befand, zur Verfügung gestellt. Im direkten Vergleich zu unserer aktuellen Standardmethode wurde dieser Puffer in Zusammenhang mit dem Maxwell® FSC DNA IQ™ Casework Kit (Promega) validiert. Dazu wurden definierte Mengen Knochenmehl in beide Untersuchungsmethoden eingesetzt, die DNA isoliert und anschließend per RT-PCR quantifiziert. Die Isolierung mit N/S-Puffer erbrachte für fast alle Proben eine signifikant höhere Ausbeute an DNA.

Vorgestellt werden zwei Abstammungsfälle aus dieser Validierungsstudie. Bei beiden handelt es sich um Defizienzfälle, für deren Untersuchung lediglich Knochen- (Liegezeit 52 Jahre) bzw. Zahnmaterial (Liegezeit 74 Jahre) zur Verfügung standen. Die Unterschiede beider Methoden sowie die damit erzielten Ergebnisse werden diskutiert.

Aufnahmeantrag

in die Deutsche Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung

dgab

*deutsche gesellschaft für
abstammungsbegutachtung*

www.dgab.org

Dr. Anja E. Klann
Universitätsmedizin Greifswald
Institut für Rechtsmedizin
Kuhstraße 30
17489 Greifswald

Hiermit beantrage ich meine Aufnahme in die Deutsche Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung mit folgenden Angaben:

Titel, Name: _____
Vorname: _____
Institut: _____
Straße: _____
PLZ, Ort: _____
Tel./Fax: _____ / _____
email: _____
Homepage: _____
Ort, Datum: _____
Unterschrift: _____

Ich ermächtige die Gesellschaft, den fälligen Mitgliedsbeitrag (30 Euro) jährlich von folgendem Konto einzuziehen:

IBAN/BIC: _____ / _____
Bank, Ort: _____
Ort, Datum: _____
Unterschrift: _____

bitte wenden

Aufnahmeantrag (Seite 2)

Die Aufnahme in die Gesellschaft erfolgt nach der gültigen Satzung durch Vorstandsbeschluss.

Ihr Antrag muss durch zwei ordentliche Mitglieder befürwortet werden, die dies entweder nachstehend erklären oder durch gesondertes Schreiben direkt dem Schriftführer oder dem Präsidenten mitteilen können.

1. Ich befürworte die Aufnahme der Antragstellerin/des Antragstellers in die Deutsche Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung:

Titel, Name: _____

Vorname: _____

Ort, Datum: _____

Unterschrift: _____

2. Ich befürworte die Aufnahme der Antragstellerin/des Antragstellers in die Deutsche Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung:

Titel, Name: _____

Vorname: _____

Ort, Datum: _____

Unterschrift: _____

Herzlichen Dank für Ihren Antrag. Über Ihre Aufnahme wird schnellstmöglich entschieden. Sie erhalten dann eine schriftliche Nachricht.

Deutsche Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung

Der Präsident

Prof. Dr. Peter M. Schneider
Institut für Rechtsmedizin
Universitätsklinikum Köln
Melatengürtel 60-62
50823 Köln

Schriftführerin (Kontakt für Angelegenheiten Ihrer Mitgliedschaft)

Dr. Anja E. Klann
Universitätsmedizin Greifswald
Institut für Rechtsmedizin
Kuhstraße 30
17489 Greifswald
anja.klann@uni-greifswald.de

Das Antragsformular kann auch unter www.dgab-online.de heruntergeladen werden.

Liebe Kolleginnen und Kollegen in der Abstammungsbegutachtung!

Der Bundesverband der Sachverständigen für Abstammungsgutachten ist der Zusammenschluss von über 50 Experten auf dem Gebiet der Abstammungsbegutachtung, die an Universitätsinstituten oder privaten Speziallaboren tätig sind. Unser Anspruch ist Kompetenz und Qualität – dafür stehen die Mitglieder unseres Verbandes. Wir setzen uns dafür ein, dass die Rahmenbedingungen den Erfordernissen hierfür entsprechen.

Als Mitglied im BVAG unterstützen und stärken Sie die Aktivitäten des Verbandes und können an der Weiterentwicklung unseres Arbeitsumfeldes aktiv teilnehmen. Als Mitglied stehen Sie zu den geltenden Qualitätsstandards und setzen die Regelwerke im Bereich der Abstammungsbegutachtung um. Der Bundesverband der Sachverständigen für Abstammungsbegutachtung in der Bundesrepublik Deutschland (BVAG) unterstützt seine Mitglieder bei aktuellen berufspolitischen Fragen und vertritt deren Interessen nach außen.

Wir würden uns freuen, Sie in unserem Verband als neues Mitglied begrüßen zu können. Füllen Sie hierzu den umseitigen Mitgliedsantrag aus oder stellen Sie einen formlosen Antrag mit allen relevanten Daten an ein Mitglied des Vorstandes (www.vaterschaftstest.de) oder übergeben es persönlich im Rahmen einer Fachveranstaltung. Im Antragsjahr ist die Mitgliedschaft beitragsfrei.

Mit freundlichen Grüßen
Vorstand des BVAG

Die Umlage beträgt zurzeit 60 Euro.

Mitgliedsantrag

Name _____ Vorname _____

Titel _____ Fachgutachter DGAB ja nein

Straße _____

PLZ _____ Ort _____

Telefon _____

E-Mail _____

Kreditinstitut _____ BIC _____

IBAN DE_ _

Hiermit ermächtige ich den Bundesverband der Sachverständigen für Abstammungsbegutachtung in der Bundesrepublik Deutschland, bis auf Widerruf den fälligen Jahresbeitrag satzungsgemäß von meinem oben genannten Konto einzuziehen. Bitte sprechen Sie gerne Mitglieder zur Befürwortung an oder wenden Sie sich an den Vorstand.

Ort, Datum Unterschrift

Antragsunterstützer 1 _____

Antragsunterstützer 2 _____

Senden Sie Ihren Antrag an

PD Dr. Nicole von Wurmb-Schwark

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

75 a, D-22547 Hamburg

nww@forensik-hh.de

Allgemeine Informationen

Hinweise für Teilnehmer:

WLAN Das WLAN ist im Deutschen Sport & Olympia Museum kostenlos. Die Zugangsdaten werden am Tagungstag aushängen.

Anmeldung/Registration Bitte melden Sie sich direkt Vorort im Tagungsbüro an.

Namensschilder gelten als Eintrittsausweis. Sie sollten sichtbar getragen werden.

Get-together (Café Ludwig im Museum) Eine Teilnahme ist ohne Eintrittskarte den ganzen Donnerstagabend möglich (Selbstzahler).

Gesellschaftsabend Für diese Abendveranstaltung am Freitag benötigen Sie ein separates Ticket, das Sie zusammen mit Ihren persönlichen Unterlagen im Tagungsbüro erhalten, einzelne Tickets können am Freitagnachmittag erworben werden.

Hinweise für Referenten:

Rechner Für die Tagung werden Windows PCs verwendet. Die Rechner laufen mit dem Windows 10 Betriebssystem und Office Powerpoint 2010.

Beamer Standard ist das Format 16 : 9, 4 : 3 ist möglich.

Schriften Verwenden Sie bitte ausschließlich Standard Schriftarten (beispielsweise Arial), Ihre eigenen speziellen Schriften sind auf Computern oft nicht installiert und können deshalb nicht richtig dargestellt werden.

Vortragsannahme/Vortragsdauer Die Medienannahme befindet sich in der Nähe des Tagungsbüros. Bitte bringen Sie Ihren Vortrag auf einem gängigen Datenträger mit (USB-Stick) und geben Sie diesen **rechtzeitig !!!** ab, idealerweise vor Beginn des jeweiligen Vortrags, mindestens aber eine Session vor Ihrem Vortrag.

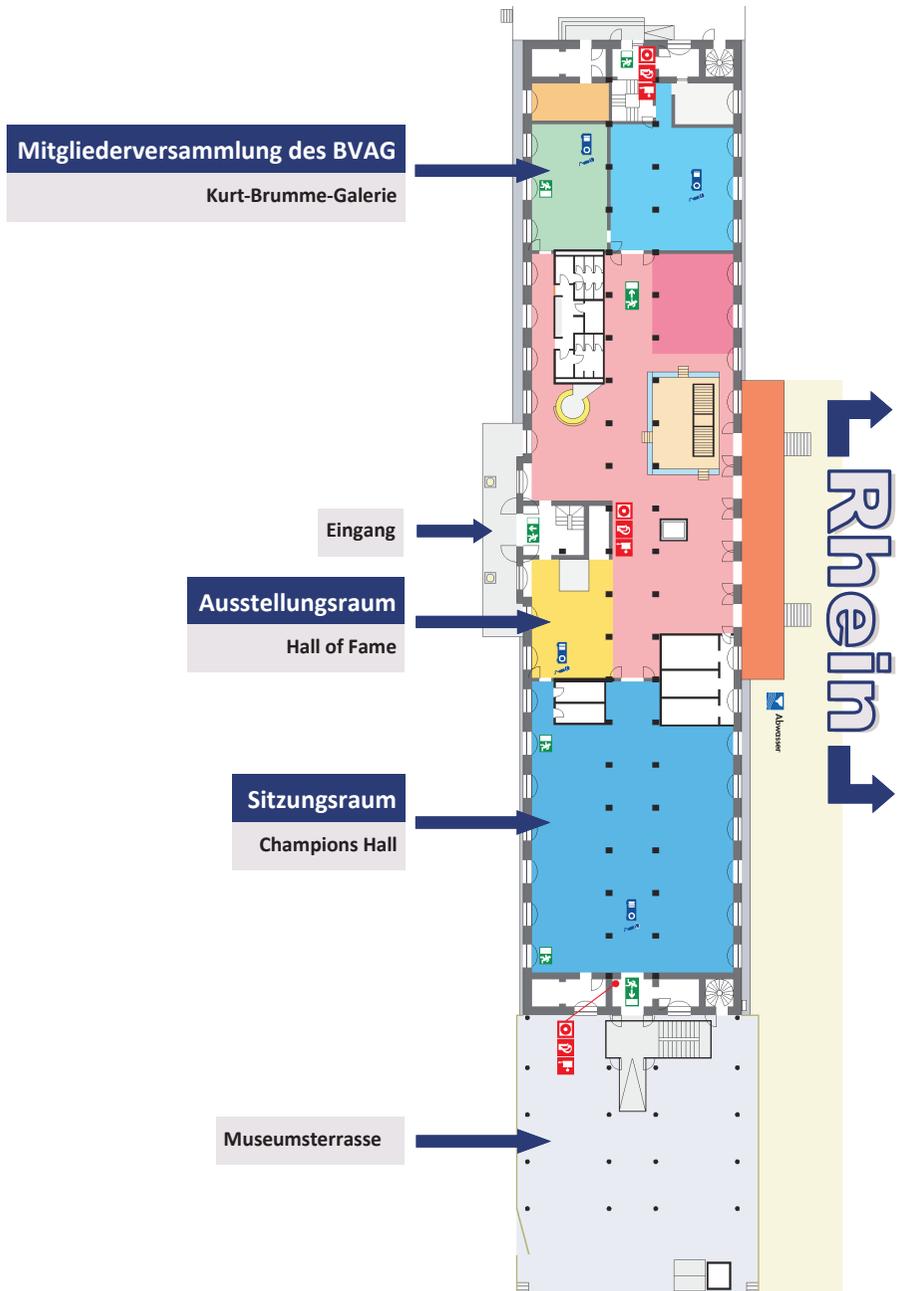
RIEGGER - KONGRESSMANAGEMENT

Im Grün 4, D-79252 Stegen b. Freiburg

Telefon: +49 (0)7661/99 0 37, Mobil: +49 (0)160/552 552 0

riegger@r-km.de, www.r-km.de

Lageplan des Deutschen Sport & Olympia Museums



Anreise / Wegbeschreibung



Öffentliche Verkehrsmittel:

Haltestellen in der Nähe des Deutschen Sport & Olympia Museum:

- Haltestelle "Schokoladenmuseum" - Entfernung ca. 50 m
- Haltestelle "Heumarkt" - Entfernung ca. 600 m

auskunft.kvb-koeln.de/kvb/cgi

oder bahn.de/p/view/service/

ACHTUNG! In den Straßenbahnen können Sie nur mit Münzgeld bezahlen.

zu Fuß

Das Deutsche Sport & Olympia Museum ist auch gut vom Kölner Hauptbahnhof aus zu erreichen. Der Fußweg (Dauer ca. 20 Minuten) am Rhein entlang führt Sie an der Altstadt vorbei zum Rheinauhafen. Über eine historische Drehbrücke erreichen Sie zu Fuß das Deutsche Sport & Olympia Museum.

Anreise mit dem PKW

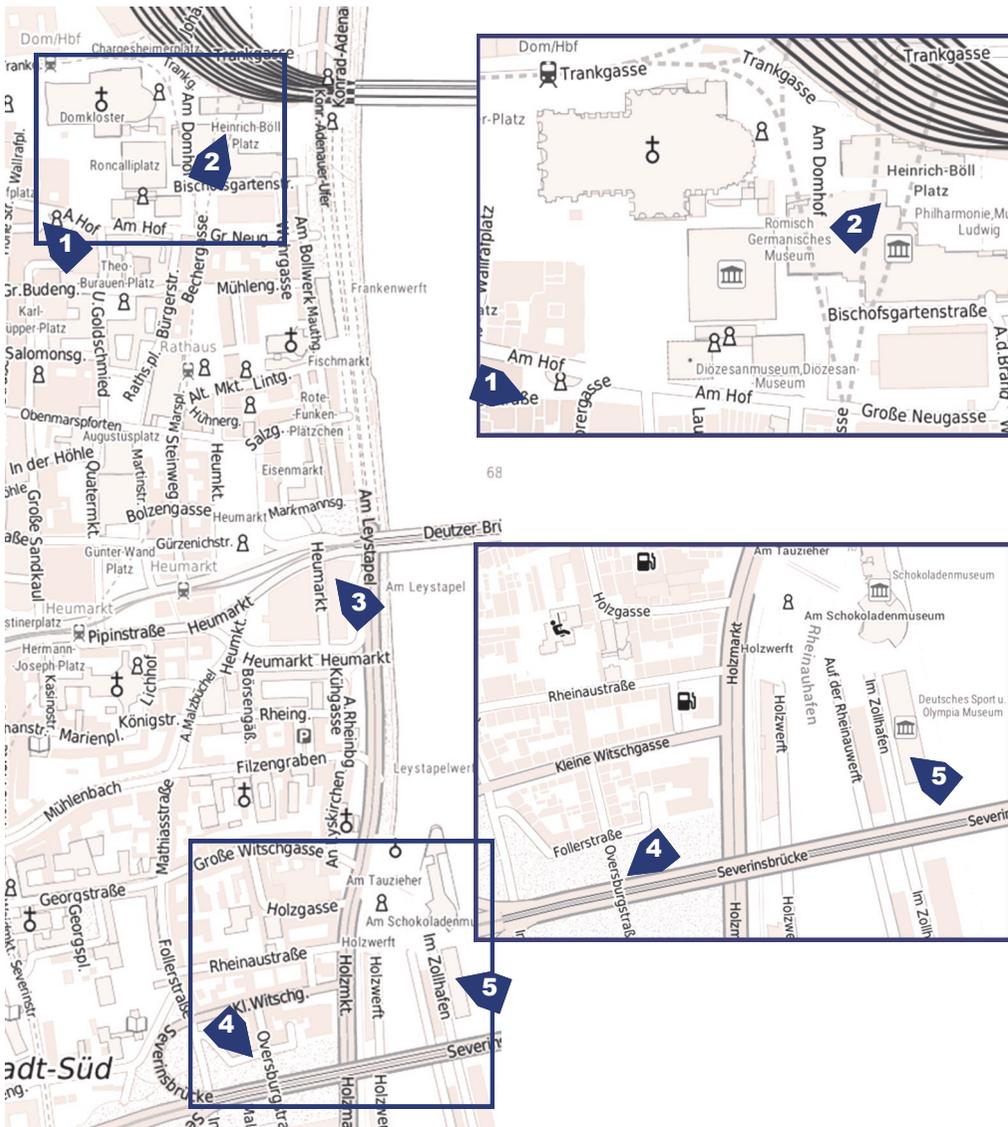
Bitte beachten Sie, dass das Museum nur über das Parkhaus "Rheinauhafen" in Fahrtrichtung Innenstadt erreichbar ist. Die Adresse lautet: Harry-Blum-Platz 2, 50678 Köln.

Infos zum Parkhaus „Rheinauhafen“ Im Parkhaus nach der Schranke geradeaus bis zur Garagenaufsicht, dann links, ca. 800 m bis zum Ende der Tiefgarage durchfahren. Im Museumsbereich sind die Säulen rot markiert. Die Ausgänge 1.01 und 1.02 führen Sie vor den Museumseingang. Ein barrierefreier Aufzug steht Ihnen beim Ausgang 1.03 zur Verfügung. Die max. Einfahrtshöhe beträgt 1,90 m.

Die Gebühren belaufen sich auf 3€/Stunde, wobei es ein Tagesticket für 24€ gibt (kann im Museum am Tagungstag nachträglich erworben werden). Fahren Sie wie gewohnt in das Parkhaus und ziehen Sie ein Ticket. Sie werden dann im Foyer des Museums das Tagesticket erhalten, das Ihr altes Ticket entwertet.

Alternativ können Sie auch unter der Severinsbrücke parken (siehe nachstehende Karte, Pfeil 4). Der Parkplatz wird über die Adresse Koelhoffstraße 1, 50676 Köln, erreicht. Der Tageshöchstsatz beträgt hier 4€. Zu Fuß benötigen Sie etwa 7 Minuten bis zum Museum.

Behalten Sie den Überblick



- 1 FRÜH am Dom** (Gesellschaftsabend am 28.06.2019)
Am Hof 12-18, 50667 Köln
- 2 Café Ludwig im Museum** (Get-together am 27.06.2019)
Heinrich-Böll-Platz, 50667 Köln
- 3 Maritim Hotel** (Fortbildung am 27.06.2019)
Heumarkt 20, 50667 Köln
- 4 Parkplatz unter der Severinsbrücke** (optional)
(Anfahrt: Koelhoffstraße 1, 50676 Köln)
- 5 Deutsches Sport & Olympia Museum** (Tagung 28./29.06.2019)
Im Zollhafen 1, 50678 Köln (Anfahrt über Harry-Blum-Platz 2)