

	Uhrzeit	Redner	Titel	Chair
Begrüßung	13:00 - 13:35	Univ.-Prof. Dr. Fabio Monticelli Univ.-Prof. Dr. Bernhard Fügenschuh N.N. Bernhard Auinger Univ.-Prof. Dr. Katja Anslinger		
	13:35 - 14:35	Marielle Vennemann	TrACE 2024: Ergebnisse des Ringversuchs der Spurenkommission	Schneider / Hatzer
	14:35 - 14:41	Sarah Heß	Entwicklung des neuen EZ2 DNA Investigator Sep&Prep Kits zur automatisierten Bearbeitung von Sexualdeliktsproben	
	14:41 - 14:47	Michael Lauck	Nie wieder Stotter-Peaks - PowerPlex® 27GY	
	14:48 - 14:54	Stefan Kowitz		
14:54 - 15:00	Stephan Köhnemann	Automatisierung in der forensischen DNA-Analyse: Das HID NIMBUS Presto QNA-System		
Kaffeepause				
Block 2	15:45 - 16:00	Martin Bodner	Keine Grenzen? Gegenwart und Zukunft von Längsbereichen und Leserahmen für autosomale STR-Allele (nicht nur) in STRider	Rolf / Bamberg
	16:00 - 16:15	Jan Euteneuer	Personenzuordnung von Speichel in Körperflüssigkeitsmischungen mittels SNaPshot cSNP Analyse	
	16:15 - 16:30	Laura Schmelzer	Simultane Analyse von STR-Systemen und benachbarter DNA-Methylierung durch massive parallele Sequenzierung	
	16:30 - 16:45	Marta Diepenbroek	„Barcoding“ des Phänotyps mit dem PhenoTrivium+ Panel - Ein neuartiges MPS-Assay zur Verbesserung der forensischen DNA-Phänotypisierung mithilfe einzelner Zellen	
	16:45 - 17:00	Annica Gosch	TrACES of Time: Transkriptomanalysen zur Schätzung des Spurendepositions-Zeitpunktes unter Einsatz eines Ion S5 Benchtop-MPS-Systems	
	17:00 - 17:15	Sophie Voit	Validierung von Sekret-spezifischen Methylierungsmarkern durch zelluläre Separation und Analyse forensisch relevanter Körperflüssigkeiten	
	17:15 - 17:30	Janne Berger	Clustering of DEPArray-derived single-cell data to generate consensus DNA profiles for autosomal genotypes and haplotypes	
	17:30 - 17:45	Felix Fries	Quantifizierung von Mischung <i>Impossible</i> ?	
	17:45 - 18:00	Kathrin Broderius	Zum Einfluss der Variabilität von Labormethoden – können experimentelle Daten zum DNA-Transfer normalisiert werden?	
Samstag				
Block 3	09:00 - 09:30	Carsten Hohoff	Ergebnisse der Auswertung der GEDNAP-Ringversuche 68 und 69	Zehner / Schulz
	09:30 - 09:45	Luise Thümmel	ATR-FTIR-Spektroskopie – Eine neue Methode zur Identifizierung forensisch relevanter Schmelzfliegenarten	
	09:45 - 10:00	Stefan Pittner	Todeszeitschätzung durch Analyse des postmortalen Proteinabbaus – Lessons learned aus zehn Jahren Forschung	
	10:00 - 10:15	Johanna Vinnenberg	Sicherung und Analyse von DNA-Spuren an verschossenen Patronenhülsen	
	10:15 - 10:30	Theresa Roth	Entwicklung und Erprobung eines Mikrohaplotypen-Panels (MIEKA) für anspruchsvolle Verwandtschaftsanalysen	
	10:30 - 10:45	Luisa Bruder	Evaluation des HlrisPlex-S-Tools zur Vorhersage von Augen-, Haar- und Hautfarbe durch genetische Marker in einer norddeutschen Population	
Block 4	10:45 - 11:00	Marta Diepenbroek	Quo vadis, BGA? Eine kritische Bestandsaufnahme zum aktuellen Stand der biogeografischen Herkunftsvorhersage	Unger / Diepenbroek
	11:30 - 11:45	Jan Cemper-Kiesslich	Oberösterreichisch-Steirische Verwicklungen – Bioarchäologische Implikationen eines Reliquiars aus Lambach an der Traun (OÖ) und der Bestattung der Traungauer im steirischen Stift Rein	
	11:45 - 12:00	Valentina Leonie Birne		
	12:00 - 12:15	Jana Naue	Knochen, die sprechen: Tägliche Herausforderungen der forensischen Knochenanalyse Mehr als nur Knochen: Analyse altersabhängiger DNA-Methylierung in Geweben für die postmortale Altersschätzung	
	12:15 - 12:30	Alina Senst	Entwicklung eines Modells zur DNA-Methylierungsbasierten Altersschätzung	
	12:30 - 12:45	Charlotte Sutter	Methylierungs-basierte Altersschätzung: Einfluss der biogeografischen Herkunft auf die Schätzgenauigkeit zweier Altersschätzmodelle	
	12:45 - 13:00	Helena Siemens		
	13:00 - 13:15	Anke Heinrich	Digitale PCR: Neue Möglichkeiten der Charakterisierung von forensischen Körperflüssigkeiten A&A MagnifiQ – Hält der Name was er verspricht?	
	13:15 - 13:25	Martin Eckert	DAD-Update: Viel Altes und ein wenig Neues zur Deutschen DNA-Analyse-Datei (DAD)	
Schlussworte				