



29. Spurenworkshop der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin



WESTFÄLISCHE
WILHELMS-UNIVERSITÄT
MÜNSTER



Institut für Rechtsmedizin
Universitätsklinikum Münster

in Verbindung mit der
Spurenkommission der DGRM

27./28. Februar 2009

Veranstaltungsort:

Mövenpick Hotel Münster
Kardinal-von-Galen-Ring 65

Willkommen in Münster

Sehr geehrte Damen und Herren,
liebe Kolleginnen und Kollegen,

im Namen der Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter des Instituts für Rechtsmedizin des Universitätsklinikums und der Westfälischen Wilhelms-Universität Münster, der „Forensischen Genetik“ und der Spurenkommission der DGRM laden wir herzlich zum 29. Spurenworkshop nach Münster ein.

Die traditionelle Präsentation der Auswertung der GEDNAP-Spurenringversuche (GEDNAP 36 und 37) soll von einem praxisorientierten wissenschaftlichen Programm begleitet werden. Das Motto des 29. Spurenworkshops „Forensische Molekulargenetik – Mosaikstein interdisziplinärer Forschung, Entwicklung und Anwendung“ widerspiegelt den Trend und die zwingende Notwendigkeit der Kooperation der Rechtsmedizin mit anderen Fachgebieten. Dies gilt auch für die forensische DNA-Analytik.

Im Rahmen der Evaluierung des 28. Spurenworkshops wurde durch die Teilnehmer die Abhaltung der Veranstaltung auch zukünftig in deutscher Sprache favorisiert. Wir möchten dennoch die Möglichkeit bieten, Vorträge in englischer Sprache zu präsentieren.

18 Jahre nach dem letzten Spurenworkshop in Münster freuen wir uns auf ein Wiedersehen in der Westfalenmetropole.

Heidi Pfeiffer und Bernd Brinkmann

**Institut für Rechtsmedizin
am Universitätsklinikum Münster**
Röntgenstraße 23 · D-48149 Münster
Telefon +49 (0) 251 / 8355 160
Telefax +49 (0) 251 / 8355 158
E-Mail gednap@uni-muenster.de

in Verbindung mit der
Spurenkommission der DGRM

Wissenschaftliches Programm

Freitag, 27. Februar 2009

13.00

Grußworte:

Prof. Dr. med. Heidi Pfeiffer

Direktorin des Instituts für Rechtsmedizin des Universitätsklinikums der Westfälischen Wilhelms-Universität Münster

Prof. Dr. jur. Ursula Nelles

Rektorin der Westfälischen Wilhelms-Universität Münster

Roswitha Müller-Piepenkötter

Justizministerin des Landes Nordrhein-Westfalen

Prof. Dr. med. Drs. h.c. Stefan Pollak

Präsident der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin
Direktor des Instituts für Rechtsmedizin des Universitätsklinikums der Albert-Ludwigs-Universität Freiburg

Prof. Dr. med. Dr. h.c. Brinkmann

Vorsitzender der Spurenkommission der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin

Vorträge:

13.30 – 14.00

Der Friedrich-Schiller-Code – Wer waren Goethes Nachbarn?

W. Parson

14.00 – 14.15

Qualitätssicherung der forensischen DNA-Analyse im europäischen Vergleich

C. Proff, A. Steinhorst, P.M. Schneider

14.15 – 14.30

Die Erweiterung eines PCR-Multiplex-Systems für eine „europäische“ DNA-Analyse-Datei

Th. Lederer, T. Seider, P. Betz

14.30 – 14.45

Vergleich der STR-Kits AmpFtSTR® SEfiler Plus™, PowerPlex®, S5 und AmpFtSTR® MiniFiler™ unter Einbeziehung unterschiedlicher biologischer Spuren

K. Müller, T. Sommerer, E. Miltner, P. Wiegand

14.45 – 15.00

Biostatistische Bewertung von Datenbanktreffern

B. Rolf, H. Schneider

15.00 – 15.15

Untersuchungen zur Expression von HIF-1- α (hypoxia inducible factor 1 α), VEGF (vascular endothelial growth factor) und GLUT1 (glucose transporter 1) in Abhängigkeit von der Todesursache

A. Koppelkamm, B. Vennemann, S. Lutz-Bonengel, T. Fracasso, M. Heinrich

15.15 – 15.30

Die rechtsmedizinische DNA-Analytik als interdisziplinärer Retter in der Not

T. Rothämel, R. Henkel, D. Engmann, H.-D. Tröger

15.30 – 16.00

Kaffeepause

Wissenschaftliches Programm

Freitag, 27. Februar 2009

16.00 – 16.15	Ein forensisches 32-mtSNP-Nachweisverfahren mit interdisziplinären Anwendungsmöglichkeiten <u>S. Köhnemann</u> , C. Hohoff, H. Pfeiffer
16.15 – 16.30	Untersuchungen zur Korrelation zwischen blutdruckassoziierten Todesfällen und Allelhäufigkeiten von humTH01 M. Heinrich, J. Watzka, D. Stiller, B. Vennemann, J. Schulte Mönting, M. Klintschar
16.30 – 16.45	Untersuchungen zur Korrelation zwischen der menschlichen Lebensdauer und SNP-Varianten in Nachbarschaft von humTH01 C. Schönefeldt, A. Koppelkamm, M. Klintschar, M. Heinrich
16.45 – 18.15	Ergebnisse der Spurenringversuche GEDNAP 36 und 37 C. Hohoff, M. Schürenkamp, B. Brinkmann
19:00	<i>Gemeinsamer Abend im „Café Uferlos“</i> Einlass ab 19.00 Uhr

Wissenschaftliches Programm

Samstag, 28. Februar 2009

09.30 – 09.45	Eine schnelle und einfache Methode zur Identifikation von Menstruationsblut K. Griefßhammer, A. Koppelkamm, J. Sanft, M. Heinrich
09.45 – 10.00	Der Einfluss verschiedener Spurenabnahmestrategien auf die DNA-Typisierung – Erfahrungen und Perspektiven Th. Lederer, <u>M. Straeten</u> , P. Betz
10.00 – 10.15	Spurennahme: Ein Vergleich der DNA-Gewinnung mittels Tupfern und wasserlöslichem Tape S. Utz, U. Borer, A. Kaiser, C. Perroulaz, E. Stoisser, A. Zurbrügg, N. Malik
10.15 – 10.30	Das „Ethanolwaschverfahren“ – eine geeignete Methode der DNA-Extraktion? J. Sanft, J. Strien, G. Mall
10.30 – 10.45	Die Automatische DNS-Isolierung mit dem QIASymphony SP in der Forensischen Spurenanalyse M. Nagy, C. Hahne, B. Henske, C. Krüger, M. Tsokos, L. Roewer
10.45 – 11.00	Vergleich von Extraktionsmethoden: Qualität und Quantität isolierter DNA R. Pflugradt, A. Koppelkamm, M. Heinrich, H.-J. Weisser, S. Lutz-Bonengel
11.00 – 11.15	Fallübergreifender Cross Check Henke L, Schulz I und Henke J
11.15 – 11.45	<i>Kaffeepause</i>
11.45 – 12.10	DNA-Analysen an der Nachweisgrenze – wie können Minimalspuren und komplexe Mischungen sinnvoll interpretiert werden? P. Schneider
12.10 – 12.25	Y-STR und Y-SNP Typisierung eines menschlichen Skeletts zur Eingrenzung der geographischen Herkunft des Toten M. Geppert, C. Hahne, S. Willuweit, M. Nagy, S. Schmidt, M. Tsokos, L. Roewer
12.25 – 12.40	Das letzte Mittel könnte die erste Wahl sein: Einsatz von mtSNPs in Spurenfällen <u>S. Köhnemann</u> , C. Hohoff, H. Pfeiffer
12.40 – 12.55	PrepFiler™ – eine neue Chemie zur Extraktion von DNA aus unterschiedlichsten forensischen Proben <u>G. Weichhold</u> , A. Kruger, T. Simon
12.55 – 13.10	A Novel Platform for Fully Automated Medium- to High-Throughput Purification of Nucleic Acids from a Variety of Forensic Specimens T. Schnibbe, <u>C. Starke</u>
13.10 – 13.25	CHRX-RESEARCH Database 2.0 <u>E. Götz</u> , C. Augustin, J. Edelmann, S. Hering, R. Szibor
13.25 – 13.30	Schlussworte
13.30 – 14.15	<i>Abschiedsimbiss</i>

Der Friedrich-Schiller-Code – Wer waren Goethes Nachbarn?

Walther Parson

Institut für Gerichtliche Medizin, Medizinische Universität Innsbruck

Die moderne DNA-Analytik revolutionierte nicht nur die kriminalistische Ermittlungsarbeit, sie erwies sich auch als zuverlässige Technologie für die Untersuchung historischer Fragestellungen. Die DNA-Identifikation der menschlichen Überreste des russischen Zaren Nikolai II Mitte der Neunziger Jahre war der erste international prominente Fall. Ihm folgte eine Reihe von ähnlich gelagerten Untersuchungen, deren Motivation oft von Reliquienverehrung und Personenkult getragen war. Im Gegensatz dazu folgte die Analyse des putativen Friedrich Schiller-Skeletts im Sarkophag der Weimarer Fürstengruft (neben Goethe) einer typisch forensischen Fragestellung: niemand kann zwei Schädel besitzen. Nachdem August Froriep im Jahre 1911, 106 Jahre nach Friedrich Schillers Tod, ein zweites Schillerskelett als das echte bekannt gab, befanden sich in der Weimarer Fürstengruft zwei „Schiller-Särge“. Die Weimarer Klassikstiftung gab schließlich 2006 umfangreiche DNA-Untersuchungen in Auftrag, um zu klären, welches der beiden Skelette nun tatsächlich Friedrich Schiller zuzuordnen ist.

Qualitätssicherung der forensischen DNA-Analyse im europäischen Vergleich

Proff C¹, Steinhorst A², Schneider PM³

¹ Institut für Blutgruppenforschung LGC GmbH, Stolberger Str. 370, 50933 Köln

² DACH Deutsche Akkreditierungsstelle Chemie GmbH, Gartenstraße 6,
60594 Frankfurt

³ Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinik, Melatengürtel 60-62, 50823 Köln

Aufgrund des Vertrages von Prüm aus dem Jahre 2005 werden Labore, die DNA-Profile für nationale Datenbanken generieren, regelmäßig mit Treffern aus Einträgen anderer nationaler Datenbanken in Europa konfrontiert. In der Zukunft soll das sog. ‚Cross border profiling‘ weiter ausgebaut werden. Über die Angleichung und den Ausbau des ‚European standard set‘ (ESS) gemeinsam eingesetzter STR-Systeme wird zurzeit weiter diskutiert. Einige Länder haben bereits begonnen, auch andere als die bisherigen Datenbanksysteme zu typisieren, um Zuordnungen bzw. Ausschlüsse im Vergleich zu den Datenbanken benachbarter Länder besser formulieren zu können.

Neben den unterschiedlichen STR-Systemen, die in den einzelnen europäischen Ländern für die nationalen Datenbanken genutzt werden, zeigt ein Blick über die Grenzen, dass im Bezug auf qualitätssichernde Maßnahmen wie z.B. eine Akkreditierung nach DIN/EN ISO 17025 oder auch bestimmte Voraussetzungen hinsichtlich der Qualifizierung der Sachverständigen zum Teil auch große Unterschiede existieren. In Deutschland wird im vorliegenden Referentenentwurf zum Gendiagnostikgesetz eine Akkreditierung für Labore, die genetische Analysen wie z.B. Abstammungsuntersuchungen durchführen, zwingend vorgeschrieben. Die forensische Spurenuntersuchung bzw. die Erstellung von DNA-Profilen für die DAD wird hier allerdings nicht berücksichtigt und unterliegt auch keinen gesetzlich verankerten Qualitätsanforderungen. ENFSI und INTERPOL fordern zumindest eine Akkreditierung nach DIN/EN ISO 17025 für alle Labore, die DNA-Profile für die nationalen Datenbanken generieren. Die GEDNAP-Ringversuche der letzten Jahre zeigen jedoch auch, dass Labore sowohl mit als auch ohne Akkreditierung vergleichbar gute Ergebnisse produzieren.

Der Vortrag soll einen kurzen Überblick über die in den verschiedenen Ländern vorhandenen gesetzlichen Vorgaben und den aktuellen Stand zu den nationalen DNA Datenbanken geben. Daraus ergibt sich die Frage, ob eine Akkreditierung, oder aber alternative gesetzliche Qualitätssicherungsvorgaben europäischer bzw. nationaler Standard sein sollten.

Die Erweiterung eines PCR-Multiplex-Systems für eine „europäische“ DNA-Analyse-Datei

Th. Lederer, T. Seider und P. Betz

*Institut für Rechtsmedizin, Friedrich-Alexander-Universität Erlangen,
91054 Erlangen*

Die Etablierung nationaler und internationaler Datenbanken für DNA-Identifizierungsmuster von Tatortspuren und Tätern sowie eine länderübergreifende Nutzung dieser Daten stellt ein wichtiges Werkzeug polizeilicher Ermittlungen dar. Eine europaweite Vereinheitlichung und Erweiterung der in diesen Datenbanken enthaltenen Marker sowie die Etablierung entsprechender Typisierungssysteme ist in diesem Zusammenhang Gegenstand aktueller Diskussionen und Entwicklungen.

Im Rahmen der vorgestellten Arbeit wurde ein bestehendes PCR-Multiplex-System für die Typisierung von elf STR-Markern sowie dem geschlechtsspezifischen Locus Amelogenin um die fünf STR-Systeme D1S1656, D2S441, D10S1248, D12S391 und D22S1045 („european recommended loci“) erweitert. Darüber hinaus wurde in einem weiteren Schritt versucht, den Locus ACTBP2 (SE33) in das System zu implementieren. Dargestellt werden erste Erfahrungen hinsichtlich Sensitivität und Robustheit des Systems sowie populationsgenetische Daten der „neuen“ Marker.

Vergleich der STR-Kits AmpF ℓ STR[®] SEfiler Plus[™], PowerPlex[®] S5 und AmpF ℓ STR[®] MiniFiler[™] unter Einbeziehung unterschiedlicher biologischer Spuren

Kathrin Müller, Thomas Sommerer, Erich Miltner, Peter Wiegand

Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Ulm, Albert-Einstein-Allee 11, 89081 Ulm

Die STR-Kits SEfiler Plus[™] (D3S1358, FGA, D8S1179, D18S51, D21S11, TH01, VWA, SE33, D2S1338, D16S539, D19S433, Amelogenin), PowerPlex[®] S5 System (D18S51, D8S1179, TH01, FGA, Amelogenin) und MiniFiler[™] (D13S317, D7S820, Amelogenin, D2S1338, D21S11, D16S539, D18S51, CSF1PO, FGA.) wurden an hochdegradierten Spuren und Spuren mit geringer DNA-Ausbeute vergleichend getestet (z.B. telogene Haarwurzeln, degradierte Speichelantragungen an Trinkgefäßen und Hautzellmischspuren).

Die zwei miniSTR-Kits PowerPlex S5 mit fünf Datenbanksystemen und der MiniFiler mit vier aktuellen Datenbanksystemen (3 STRs + Amel) und zusätzlichen STR-Markern weisen verkürzte Amplikonlängen auf. Der SEfiler Plus[™] - Kit dagegen stellt kein MiniSTR Multiplex-System dar, beinhaltet jedoch die neun aktuellen DAD-Systeme und die weiteren drei Systeme D2S1338, D16S539, D19S433, die als potenzielle Erweiterungsmarker für die deutsche DNA-Analyse-Datei anstehen.

Der PowerPlex[®] S5 und der MiniFiler-Kit waren beide deutlich nachweissensitiver als der SEfiler Plus[™] - Kit. Insbesondere bei Hautzellmischspuren fiel auf, dass der MiniFiler-Kit in Bezug auf die Performance der Fluoreszenzfarbstoff-/Primerkonzentrationsabstimmung größere Unterschiede zeigte als der PowerPlex-S5. Der SEfiler Plus- Kit lieferte – wie auch die beiden miniSTR-Kits - relativ robuste Typisierungsergebnisse mit weniger unspezifischen Zusatzallelen als der PowerPlex[®] S5, ließ aber eine tw. erhöhte Anfälligkeit für „allelic dropouts“ und „imbalances“ erkennen. Da der SEfiler Plus- Kit nicht als miniSTR-Konzept entwickelt wurde, zeigt er erwartungsgemäß häufiger Allelausfälle bei der Analyse von Spuren mit degradiertem und sehr wenig DNA, insbesondere bei den längeren PCR-Produkten (z.B. D18S51).

Während sich der S5-Kit vor allem als Vorscreening-Kit eignet, ist der MiniFiler aufgrund seiner reduzierten Anzahl an DAD-Systemen primär für einen Direktvergleich mit Personenprofilen verwendbar. Der große Vorteil des SEfiler Plus-Kits besteht in der vollen Kompatibilität mit den DAD-Systemen bei relativ geringer Artefaktanfälligkeit und zuverlässiger Alleltypisierung.

Biostatistische Bewertung von Datenbanktreffern

Burkhard Rolf¹ und Harald Schneider²

¹ *Eurofins Medigenomix GmbH, München; rolf@medigenomix.de*

² *Hessisches Landeskriminalamt, Wiesbaden*

Ein Spur-Person Treffer in der Deutschen DNA-Analyse Datei (DAD) führt in der Regel zu einem staatsanwaltschaftlichen Ermittlungsverfahren gegen die Person, deren Muster in der DAD gespeichert war. Kommt es nachfolgend zur Anklageerhebung und zur Gerichtsverhandlung so werden häufig diejenigen Sachverständigen von dem Gericht geladen, die die Spur und/oder die Person untersucht haben. Ebenso kommt es vor, dass von den Ermittlungsbehörden im Vorfeld der Gerichtsverhandlung um ergänzende Gutachten gebeten wird, in denen eine biostatistische Bewertung des Datenbanktreffers vorgenommen werden soll.

Hierbei ist es nach Überzeugung der Autoren notwendig, dass zusätzlich zur relativen Häufigkeit des Merkmalmusters auch die Größe der Datenbank berücksichtigt wird, da es sonst, vor allem in Fällen mit unvollständigen Spurenmustern, zu einer Überschätzung des Beweiswertes eines Datenbanktreffers kommen kann.

Im Vortrag wird, anhand von Fallbeispielen und theoretischen Überlegungen ein statistisches Konzept vorgestellt, das die Überschätzung des Beweiswertes vermeidet.

Untersuchungen zur Expression von HIF-1- α (hypoxia inducible factor 1 α), VEGF (vascular endothelial growth factor) und GLUT1 (glucose transporter 1) in Abhängigkeit von der Todesursache

Antje Koppelkamm¹, Benedikt Vennemann¹, Sabine Lutz-Bonengel¹, Tony Fracasso², Marielle Heinrich¹

¹ *Institut für Rechtsmedizin, Albertstr. 9, 79104 Freiburg*

² *Institut für Rechtsmedizin, Röntgenstr. 23, 48149 Münster*

Es wurde bereits mehrfach gezeigt, dass ein mRNA-Profilung aus postmortalem Gewebe erfolgreich sein kann. Eine mRNA-Quantifizierung bestimmter Zielgene könnte als zusätzliches Hilfsmittel zur Bestimmung der Todesursache dienen. Dass todesursächliche Faktoren Einfluss auf die Genexpression nehmen können, wurde inzwischen am Tiermodell nachgewiesen. So konnten in mehreren Studien Hinweise erbracht werden, dass sich die Transkriptmengen der Gene *hypoxia inducible factor 1 α (HIF1 α)*, *vascular endothelial growth factor (VEGF)* und *glucose transporter 1 (GLUT1)* abhängig von der Todesursache verändern.

Ziel der vorliegenden Studie war, einen möglichen Zusammenhang zwischen der Expression dieser drei Gene und der Todesursache zu ermitteln.

Dafür wurden die relativen Genexpressionsdaten in postmortalem Herz-, Muskel- und Gehirngewebe von obduzierten Verstorbenen mittels quantitativer *real time*-RT-PCR bestimmt.

Die beiden Untersuchungsgruppen bestanden aus Todesfällen infolge Ersticken sowie ischämisch bedingten Herztodesfällen. Diesen wurde eine Kontrollgruppe aus Verstorbenen mit einer ultrakurzen Agoniezeit (< 1 Minute) gegenübergestellt. Erste Daten aus dieser Studie werden vorgestellt und diskutiert.

Die rechtsmedizinische DNA-Analytik als interdisziplinärer Retter in der Not

T. Rothämel, R. Henkel, D. Engmann, H.-D. Tröger

Institut für Rechtsmedizin der Medizinischen Hochschule Hannover, 30625 Hannover

Immer wieder wurden wir in den vergangenen Jahren von Kolleginnen und Kollegen anderer medizinischer Fachrichtungen gebeten, dort aufgetretene Fragen mit Hilfe der forensischen DNA-Analyse zu lösen. Schauen wir zurück auf unsere DNA-Fälle seit 1998, erreichten diese interdisziplinären Hilfeleistungen im Durchschnitt 2,7 Prozent des jährlichen Probenaufkommens ohne Berücksichtigung zivilrechtlicher Abstammungsfälle und reiner Datenbankanalysen.

Über die Hälfte dieser Proben dienten zur Klärung von Fragestellungen aus dem Bereich Pathologie bzw. aus dem Umfeld Pathologie und Klinik: Hierbei ging es vornehmlich um die korrekte Zuordnung von histologischen Präparaten und Biopsien bei Verdacht auf Probenvertauschung, jedoch auch um die Quelle von Karzinomen in transplantierten Organen, um Widersprüche zwischen klinischem Bild und Histologie sowie um den Nachweis respektive den Ausschluss von Kontaminationen in histologischen Präparaten. Die DNA-Analyse konnte stets zur Klärung von Zweifeln beitragen: Dort, wo man das durch eine Darmschleimhautbiopsie in toto erfasste Mikrokarzinom zwischen lauter gesunden umgebenden Biopsaten als sichere Kontamination wähnte, zeigte sich genauso das Gegenteil als wahr wie in Fällen, in denen der scheinbar unumstößliche maligne Befund dann nicht zum Patienten gehörte.

Die andere Hälfte des interdisziplinären Probenaufkommens verteilte sich auf Proben aus der Virologie, der Hämatologie/Onkologie und sonstiger Klinik: Ging es den Virologen um fragliche Probenvertauschungen und kontaminierte Zelllinien, kontrollierten wir für die Hämatologie/Onkologie Patienten nach KMT und halfen einer Kinderklinik, einen Fall von Münchhausen by proxy zu klären.

Die KMT-Nachsorge für die Hämatologie/Onkologie entpuppte sich als zwar intensives, jedoch für uns recht kurzes Intermezzo: Wohl durch eine passagere „Service-Lücke“ einer anderen Disziplin waren wir mit entsprechenden Aufträgen bedacht worden. Dieser kausale Hintergrund blieb uns zunächst verborgen, bis sich die andere Disziplin meldete und ihren Anspruch auf die Untersuchungen proklamierte.

Standen in den Jahren 1998 bis 2002 fast zwei Drittel der interdisziplinären DNA-Untersuchungen im Dienst der Pathologie, fiel dieser Anteil in den darauf folgenden fünf Jahren auf gut die Hälfte bei deutlicher sinkender Tendenz: Dies erklärt sich durch eine zunehmende, entsprechende Autonomie insbesondere der Pathologie unserer Hochschule, die selber DNA-Polymorphismen im Rahmen wissenschaftlicher Fragestellungen, z.B. LOH-Phänomene, analysiert, wobei dieses Instrumentarium zur eigenständigen Klärung fachinterner Fragestellungen verwendet werden kann, die bislang an uns weitergeleitet wurden.

Ein forensisches 32 mt-SNP Nachweisverfahren mit interdisziplinären Anwendungsmöglichkeiten

Stephan Köhnemann¹, Carsten Hohoff², Heidi Pfeiffer¹

¹ *Forensische Genetik, Röntgenstr. 23, 48149 Münster*

² *Institut für Rechtsmedizin, Universität Münster, Röntgenstr. 23, 48149 Münster*

Unter Anwendung der SNaPshot Technik (Applied Biosystems) wurde ein Nachweisverfahren für 32 mitochondriale Einzelnukleotid Polymorphismen (SNPs) entwickelt, das zwischen weltweit vorkommenden Haplogruppen diskriminieren kann.

Dank einer hohen Sensitivität werden pro Analyse nur geringe Volumina an DNA-Extrakt verbraucht, i.d.R. genügen 0,5µL DNA-Extrakt von Speichel- bzw. Blutproben.

Die geringen Kosten, die schnelle Durchführbarkeit des Verfahrens sowie die Möglichkeit der Erhöhung der Anzahl der SNPs ermöglichen eine interdisziplinäre Anwendung, die an den Benutzer angepasst ist und mit zwei Studien belegt werden soll.

Untersuchungen zur Korrelation zwischen blutdruckassoziierten Todesfällen und Allelhäufigkeiten von humTH01

Marielle Heinrich¹, Julia Watzka¹, Dankwart Stiller², Benedikt Vennemann¹, Jürgen Schulte Mönting³, Michael Klintschar⁴

¹ *Institut für Rechtsmedizin, Albertstr. 9, 79104 Freiburg*

² *Institut für Rechtsmedizin, Franzosenweg 1, 06112 Halle (Saale)*

³ *Institut für medizinische Biometrie und Statistik, Stefan-Meier-Str. 26, 79104 Freiburg*

⁴ *Institut für Rechtsmedizin, Robert-Koch-Str. 40, 37013 Göttingen*

Bereits mehrfach wurde ein statistischer Zusammenhang zwischen bestimmten Allelen des STR-Markers humTH01 und auffälliger Langlebigkeit beim Menschen beschrieben. TH01 liegt im ersten Intron des Gens *Tyrosinhydroxylase*, dessen Genprodukt als Enzym zur Synthese von Katecholaminen fungiert.

Da die Sequenz der Wiederholungseinheiten eine Erkennungsstelle für Transkriptionsfaktoren (Zinkfinger) ist, wird ein Zusammenhang zwischen bestimmten Allelen des Polymorphismus und der Expression des Gens vermutet. Eine Überexpression des Gens wird mit einem erhöhten Blutdruck sowie langfristig mit einem erhöhten Risiko für blutdruckassoziierte Krankheiten und Todesursachen in Verbindung gebracht.

In unserer Studie werden zwei Personengruppen aus dem Sektionsgut der Institute für Rechtsmedizin in Freiburg, Halle und Göttingen verglichen: In der ersten Gruppe (n=900) wurden Personen mit einem Sterbealter von bis zu 60 Jahren sowie einer natürlichen Todesursache zusammengefasst. Die zweite Gruppe (n=543) umfasste Personen mit einem Sterbealter über 80 Jahren.

Durch eine Gegenüberstellung der Allelhäufigkeiten des STR-Systems TH01 wurde ein signifikanter Unterschied der Häufigkeit einzelner Allele zwischen den beiden Gruppen beobachtet. Somit kann die Vermutung, die dem TH01-Polymorphismus eine Bedeutung für die Lebenserwartung zuschreibt, in unserem Probenkollektiv bestätigt werden.

Darüber hinaus kann gezeigt werden, dass bestimmte Allelkombinationen bei Individuen mit einer blutdruckassoziierten Todesursache signifikant häufiger vorkommen als in der Kontrollgruppe.

Untersuchungen zur Korrelation zwischen der menschlichen Lebensdauer und SNP-Varianten in Nachbarschaft von humTH01

Claudia Schönfeldt¹, Antje Koppelkamm¹, Michael Klintschar², Marielle Heinrich¹

¹ *Institut für Rechtsmedizin, Albertstr. 9, 79104 Freiburg*

² *Institut für Rechtsmedizin, Robert-Koch-Str. 40, 37013 Göttingen*

Die Abläufe der biochemischen Antwort auf körperlichen Stress stellen wichtige Parameter für die Lebenserwartung dar. Damit werden Gene, die in den komplexen Mechanismus der Stressantwort involviert sind, zu potenziellen Kandidatengenen für die Beeinflussung der Lebensdauer. Das Gen *Tyrosinhydroxylase* (TH) kodiert für das Schrittmacherenzym in der Synthese von Katecholaminen und ist damit direkt mit der Stressantwort korreliert. Ein Zusammenhang zwischen dem STR-Marker humTH01 im ersten Intron des Gens und der menschlichen Lebensdauer wurde bereits mehrfach beschrieben und in einer eigenen Studie bestätigt. Weiterhin wurden Untersuchungen zur Korrelation von *single nucleotide polymorphisms* (SNPs) im Gen der *Tyrosinhydroxylase* und essentieller Hypertonie durchgeführt. Dabei wurden SNPs gefunden, die zum Teil signifikant häufiger bei Hypertoniepatienten auftraten als bei Probanden mit normalem Blutdruck. Eine Korrelation dieser SNPs mit der Lebenserwartung wurde bisher noch nicht untersucht und ist Gegenstand unserer Studie. Dabei werden 28 SNP-Varianten sowohl in kodierenden als auch in nichtkodierenden Bereichen des Gens *Tyrosinhydroxylase* an Blutproben von Verstorbenen untersucht und statistisch ausgewertet. Dabei wird Bezug auf die jeweilige (natürliche) Todesursache und das erreichte Lebensalter des Verstorbenen genommen. Die vorläufigen Ergebnisse dieser Studie werden vorgestellt und diskutiert.

Ergebnisse der Spurenringversuche GEDNAP 36 und 37

C. Hohoff¹, M. Schürenkamp², B. Brinkmann¹

¹ *Forensische Genetik, Röntgenstr. 23, 48149 Münster*

² *Institut für Rechtsmedizin, Universität Münster, Röntgenstr. 23, 48149 Münster*

Die Auswertung der von den Teilnehmern an den Spurenringversuchen GEDNAP 36 und 37 eingereichten Ergebnisse für die unterschiedlichen Module (autosomale STRs, Y-STRs, X-STRs, ergänzende autosomale STRs, mtDNA, Mischspur-Biostatistik, Spurencharakterisierung) wird im Rahmen des Vortrags vorgestellt.

Ausgewählte Fehler und ihre Ursachen werden detailliert dargestellt und diskutiert.

Eine schnelle und einfache Methode zur Identifikation von Menstruationsblut

Karsten Griebßhammer¹, Antje Koppelkamm¹, Juliane Sanft², Marielle Heinrich¹

¹ *Institut für Rechtsmedizin, Albert-Ludwigs-Universität, Albertstr. 9, 79104 Freiburg*

² *Institut für Rechtsmedizin, Friedrich-Schiller-Universität, Fürstengraben 23, 07743 Jena*

Eine der Aufgaben der forensischen Molekularbiologie ist die Bestimmung und Zuordnung von Körperflüssigkeiten. Für den Nachweis von beispielsweise Ejakulat und Speichel stehen gut validierte Techniken zur Verfügung. Bislang hat sich in der Routine jedoch noch keine Methode durchgesetzt, die eine Abgrenzung von Menstruationsblut gegen venöses/arterielles Blut ermöglicht.

Aktuell wird besonders die Unterscheidung von Körperflüssigkeiten mittels mRNA-Nachweisen diskutiert. Diese Methode benötigt spezielle Erfahrungen und Techniken. Der Menstruationszyklus ist komplex reguliert. Ein Faktor beim Auf- und Abbau des Endometriums ist die Apoptose. Dieser „programmierte Zelltod“ führt zu dramatischen Zellveränderungen, in deren Verlauf DNAsen die DNA im Zellkern in Teilstücke von etwa 180bp zerlegen. Diese fragmentierte DNA lässt sich leicht mittels Gel-Elektrophorese als DNA-Leiter darstellen und gegen die hochmolekulare Bande intakter DNA und den diffusen DNA-„Schmier“ nekrotischer Zellen abgrenzen.

Im Rahmen der vorliegenden Studie soll ermittelt werden, inwieweit der elektrophoretische Nachweis eines apoptotisch bedingten Leitermusters der DNA geeignet ist, Menstruationsblut in forensischem Spurenmaterial zu erkennen.

Erste Erfahrungen werden vorgestellt und diskutiert.

Der Einfluss verschiedener Spurenabnahmestrategien auf die DNA-Typisierung – Erfahrungen und Perspektiven

Th. Lederer, M. Straeten und P. Betz

*Institut für Rechtsmedizin, Friedrich-Alexander-Universität Erlangen,
91054 Erlangen*

Moderne, PCR-basierte Typisierungsstrategien erlauben im Zusammenhang mit forensischen Spurenanalysen die genotypische Merkmalsbestimmung auf Grundlage minimaler DNA-Mengen. Mit der zunehmenden Steigerung dieses Typisierungspotentials wird das Auffinden relevanter Kleinstspuren vor allem an großflächigen Spurenträgern verstärkt zu einem Problem.

Im Rahmen der vorliegenden Arbeit wurde die Effizienz unterschiedlicher Spurenabnahmestrategien (wässriger Abrieb, ethanolischer Abrieb und Abklebung) in Abhängigkeit von der Art des Spurenträgers im Hinblick auf die gewonnene DNA-Menge sowie die anschließende Typisierbarkeit an standardisierten Mikrospuren analysiert. Darüber hinaus wurde an ausgesuchten Realspuren ein direkter Vergleich der Methoden durchgeführt. Die Arbeiten dienen als Grundlage für die Entwicklung eines transportablen Abnahmesets, das eine komfortable und kontaminationsfreie Abnahme von Spuren durch Spurensicherungsbeamte am Tatort erlaubt.

Spurennahme: Ein Vergleich der DNA-Gewinnung mittels Tupfern und wasserlöslichem Tape

*Silvia Utz, Urs Borer, Anja Kaiser, Carmen Perroulaz, Emma Stoisser,
Adrian Zurbrügg und Naseem Malik*

*Institut für Rechtsmedizin, Universität Bern, Forensische Molekularbiologie,
CH-3007 Bern*

Die Erstellung von DNA-Profilen aus Spurenmaterial hängt von vielen verschiedenen Faktoren ab. Die wichtigste Voraussetzung für eine erfolgreiche Erstellung eines DNA-Profiles ist jedoch das Vorhandensein von genügend DNA. Es sollten daher passende Methoden für die Spurennahme angewendet werden, welche eine maximale DNA-Ausbeute erzielen. Zudem sollten diese Methoden sowohl am Tatort einfach und sicher durchgeführt und die resultierenden Proben im Labor nach standardisierten Protokollen verarbeitet werden können.

Wir haben die DNA-Gewinnung mittels der klassischen Tupfer-Methode und einem wasserlöslichen Tape (Hydrosoluble Scotch 5414 Wave Solder Tape Mask Plus II, 3M, St Paul, MN, USA) verglichen. Untersucht wurden Blut, Speichel und Hautzellen (Kontaktspuren) auf glatten und rauhen Oberflächen, Textilien und Haut.

Das wasserlösliche Tape ist eine gute Möglichkeit für die Asservierung und Analyse von Haaren; ansonsten zeigte das Tape eine geringere DNA-Ausbeute als die Tupfer-Methode. Bei der Verwendung von Tupfern fanden wir einen deutlichen Unterschied der gewonnenen DNA-Mengen bei der Verwendung von einem Tupfer (feucht) versus zwei Tupfern (erster Tupfer feucht, zweiter Tupfer trocken) bezüglich der Eigenschaften der Spureträger-Oberflächen.

Das „Ethanolwaschverfahren“ – eine geeignete Methode der DNA-Extraktion?

Juliane Sanft, Juliane Strien, Gita Mall

Institut für Rechtsmedizin, Friedrich-Schiller-Universität, Jena

Die DNA-Extraktion von Spurenlägern größeren Ausmaßes mit unbekanntem Anteil an Zellkern-DNA wie Papiertaschentücher oder Teile von Bekleidung stellt eine Herausforderung dar. Häufig werden Abriebe gefertigt oder Bekleidung wird mittels Klebestreifen abgeklebt. Gehäufte Anfragen der Polizei, Spurenläger mittels eines Ethanolwaschverfahrens zu bearbeiten war Grund zu der vorliegenden Untersuchung. Das gewünschte Verfahren beinhaltet eine Inkubation des gesamten Spurenlägers in Ethanol sowie eine nachfolgende DNA-Extraktion des sich absetzenden Zellmaterials. Es wurde geprüft, ob die Methode geeignet ist, genügend amplifizierbare Zellkern-DNA zu extrahieren. Hierfür wurden standardisierte Proben (Blut und Speichel auf Baumwolle und Viskose) mit unterschiedlichen Waschlösungen (Wasser, physiologische Kochsalzlösung, Ethanol) behandelt. Die gewonnene DNA wurde mittels RT-PCR quantifiziert.

Die Ergebnisse sowie die mögliche Anwendbarkeit des Verfahrens werden vorgestellt und diskutiert.

Die Automatische DNS-Isolierung mit dem QIASymphony SP in der forensischen Spurenanalyse

Nagy M, Hahne C, Henske B, Krüger C, Tsokos M, Roewer L

Institut für Rechtsmedizin, Charité - Universitätsmedizin Berlin, 10115 Berlin

Die Prozessautomatisierung im Bereich der forensischen DNS-Analyse ist nicht nur für große Probendurchsätze unerlässlich, sondern auch Voraussetzung für eine fehlerfreie LIMS-gestützte Probenbearbeitung im Routinebetrieb. Der wesentliche Schritt in der PCR-basierenden Spuren-Analyse ist eine möglichst vollständige dabei aber hochreine DNS-Isolierung.

Das Prinzip der angewendeten Extraktionsmethode besteht in einer Zell-Lyse mit chaotropen Reagenzien, der Bindung der DNS an Magnetpartikel, folgenden Waschschritten und einer anschließenden Elution der DNS. Eine wesentliche Weiterentwicklung der automatisierten Magnetpartikel-Technologie liegt dabei in der Verwendung von ummantelten Magnetstäben. So kann die DNS an den Magnetpartikeln aus der jeweiligen Lösung effizient unter Vermeidung von Totvolumina extrahiert werden. Darüber hinaus erfolgt ein vollautomatisierter Inventur-Scan aller notwendigen Lösungen und Verbrauchsmaterialien vor dem Laufstart, der ein sicheres „set up“ des Gerätes gewährleistet. Damit ist eine wesentliche Voraussetzung für die vollständige Einbindung der automatischen DNS-Extraktion in ein Laborinformationssystem gegeben.

In umfangreichen Studien, die sich im Wesentlichen auf eine einheitliche Probenvorbereitung, Zell-Lyse und Extraktion der DNS aus möglichst allen forensischen Spuren konzentrierte, wurde der QIASymphony SP hinsichtlich Wiederholbarkeit, Reproduzierbarkeit und Sensitivität der DNS-Extraktion getestet. Die Evaluierung sowie das tägliche Monitoring der Extraktionseffizienz erfolgt über ein definiertes Zellzahl-Modell. Die hochreine DNS aus dem Grenzbereich von nur 3 Zellen zeigte vollständige STR-Amplifikationsprotokolle. Basierend auf diesem Detektionslimit wurde eine Strategie für die DNS-Analyse in der forensischen Routine-Arbeit erarbeitet. Darüber hinaus wurden definierte Zellmengen auf verschiedensten forensisch relevanten Unterlagen sowie ausgewählte Spurenmaterialien am QIASymphony SP und dem bisher eingesetzten Extraktionsautomaten M48 parallel untersucht.

Nach Optimierungs- und Validierungsphase wurde der QIASymphony SP an ersten ausgewählten Laborroutine-Proben angewendet, wobei es sich in der überwiegenden Zahl um Proben im Niedrigzellbereich handelte. Es gab keine Hinweise auf eine Kreuz-Kontamination während des automatischen Isolationsprozesses.

Die automatische DNS Extraktion mit dem QIASymphony SP zeigt sich bisher als sichere und erfolgreiche DNS-Isolationsmethode im forensischen Spurenlabor.

Vergleich von Extraktionsmethoden: Qualität und Quantität isolierter DNA

René Pflugradt, Antje Koppelkamm*, Marielle Heinrich*, Hans-Joachim Weisser*,
Sabine Lutz-Bonengel**

Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Freiburg

Der Extraktion der DNA kommt in der forensischen Spurenkunde eine besondere Bedeutung zu, da der Gehalt und die Reinheit der erhaltenen Nukleinsäuremenge für den Erfolg von Folgeapplikationen, wie Sequenzierungen und STR-Analysen, maßgebend sind. Um die Qualität unterschiedlicher Extraktionsmethoden zu testen, wurde DNA aus künstlich erzeugten Spuren mit verschiedenen Extraktionsmethoden isoliert. Anschließend wurde mittels RTQ-PCR die Ausbeute und Reinheit der extrahierten DNA bestimmt. Zudem wurde das Potenzial erfolgreiche STR-Profile zu generieren unter Verwendung der Powerplex16-PCR überprüft.

Neben der Dateninterpretation unter spurenkundlichen Gesichtspunkten sollen zusätzlich Kriterien wie Handhabung und Zeitaufwand diskutiert werden.

Fallübergreifender Cross Check

Henke L¹, Schulz I¹, Ossadnik H² und Henke J¹

¹ Institut für Blutgruppenforschung LGC GmbH, Stolberger Str. 370, 50933 Köln

² TEAM, Westerholter Str. 781, 45701 Herten

Die Bearbeitung von Spurenfällen mit Mischprofilen und Tatverdächtigen bzw. Vergleichspersonen wird überproportional aufwendiger, je mehr Spuren und Personen in einem Fall oder zahlreichen, mit einander verbundenen Fällen involviert sind.

Zur Unterstützung der Auswertung wurde ein Cross Check in unser LIMS eingeführt, das einen einfachen Vergleich zwischen Proben ermöglicht, die gemeinsame Arbeitsgänge im gesamten Analyse-Prozess durchlaufen.

Zur Erhöhung der Analysesicherheit werden die Laborbefunde automatisiert mit Befunden einer Referenzliste, die u. a. die Mitarbeiter-Profile enthält, abgeglichen.

DNA-Analysen an der Nachweisgrenze – wie können Minimalspuren und komplexe Mischungen sinnvoll interpretiert werden?

Peter M. Schneider

Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Köln

Die Anwendung der DNA-Analyse unter Anwendung hochsensitiver STR-Multiplex-Kits hat eine neue Dimension in der forensischen Spurenkunde eröffnet. Immer weiter ansteigende Trefferquoten in der DNA-Analyse-Datei sowie die Erweiterung der rechtlichen Grundlagen für den Einsatz der DNA-Analyse durch eine Änderung der StPO im Jahre 2005 haben dazu geführt, dass immer mehr Tatortspuren asserviert werden, die im Bereich der Nachweisgrenze der PCR liegen. Dazu gehören vor allem Abriebe von Hautkontaktsuren und Tragesuren an Kleidungsstücken, bei denen die Menge an verfügbarer DNA anhand des Spurenbildes nicht abgeschätzt werden kann. Dies führt zwangsläufig dazu, dass eine PCR mit minimalen DNA-Mengen sowie mit komplexen Mischungen durchgeführt wird. Häufig kommt es auch zu einer Überlagerung von Spuren mehrerer Personen in stark unterschiedlichen Anteilen. Als Folge entstehen immer mehr Spuren-DNA-Profile, deren Fragmentmuster erheblich durch stochastische Effekte beeinflusst sind. Gemischte Mehr-Personen-Spuren können einen geringen DNA-Anteil besitzen, der PCR-bedingte und somit nicht reproduzierbare Signale im stochastischen Bereich verursacht. Bei der Auswertung derartiger Spuren sind Strategien für eine besonders zurückhaltende Interpretation notwendig, die anhand von ausgewählten Beispielen unter Bezug auf die „Allgemeinen Empfehlungen der Spurenkommission zur Bewertung von DNA-Mischspuren“ (Rechtsmedizin 2006, 16:401-404) diskutiert werden sollen.

Y-STR und Y-SNP Typisierung eines menschlichen Skeletts zur Eingrenzung der geographischen Herkunft des Toten

Maria Geppert, Corinna Hahne, Sascha Willuweit, Marion Nagy, Sven Schmidt, Michael Tsokos, Lutz Roewer

Institut für Rechtsmedizin, Charité - Universitätsmedizin Berlin, 10115 Berlin

Nach dem Fund eines Skeletts mit Einschussdefekt in einer Berliner Kleingartenanlage sollte die Identität des Toten bzw. dessen Herkunft geklärt werden. Um der Frage auf den Grund zu gehen, ob es sich um einen Kriegsbeteiligten oder um eine kürzlich verstorbene Person handelt, wurden odontologische Untersuchungen durchgeführt, Isotopenanalysen sowie molekularbiologische Analysen an Zahn- und Knochenmehl. Ein partielles Profil der autosomalen Marker (STR) ließ vermuten, dass es sich um ein männliches Skelett handelte. Der Todeszeitpunkt des Mannes wurde anhand der Radiocarbonmethode auf die 50er Jahre des letzten Jahrhunderts eingegrenzt. Aus der odontologischen Untersuchung resultierte eine Schätzung des Alters des Toten von 40-46 Jahre. Die Herkunft des Toten blieb ungeklärt.

Mit Hilfe der weiterführenden Analyse Y-chromosomaler STR Systeme konnte eine Eingrenzung der geografischen Herkunft des Toten mittels Populationsdatenbank (Y-STR Haplotype Reference Database, YHRD) vorgenommen werden. Die Recherche anhand des Referenzmaterials ergab, dass die untersuchte männliche Person wahrscheinlich aus Europa, möglicherweise aus Osteuropa, stammte. Im Anschluss wurden Untersuchungen an Y-chromosomalen SNPs durchgeführt. Als Analyse-Methode der SNPs wurde das Pyrosequencing verwendet, welches auch bei geringen Mengen DNA eine aussagekräftige Typisierung der Marker ermöglicht. Eine am Institut für Geo- und Umweltwissenschaften der LMU durchgeführte Isotopenanalyse favorisiert ebenfalls die Hypothese einer Herkunft aus Osteuropa.

Das letzte Mittel könnte die erste Wahl sein: mtDNA-SNPs in Spurenfällen

Stephan Köhnemann¹, Carsten Hohoff², Heidi Pfeiffer¹

¹ *Forensische Genetik, Röntgenstr. 23, 48149 Münster*

² *Institut für Rechtsmedizin, Universität Münster, Röntgenstr. 23, 48149 Münster*

Das Nachweisverfahren für 32 mitochondriale (mt) Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNPs) wurde nach gründlicher Validierung in der Praxis eingesetzt und konnte in Spurenfällen Ergebnisse liefern, in denen die Untersuchung mittels Minifiler (Applied Biosystems) und/oder der im Haus durchgeführten Standardsequenzierung der hypervariablen Region I (HVI, Nukleotidpositionen 16024-16365), keine bis unzureichende Ergebnisse hervorbrachte. Die 32 mtSNPs werden in einer einzigen PCR amplifiziert, aufgereinigt und nach einer SNaPshot-Reaktion (Applied Biosystems) und einer erneuten Aufreinigung kapillargelelektrophoretisch aufgetrennt.

Die Anwendung des 32 mtSNP-Nachweisverfahrens in Spurenfällen konnte die Fallarbeit sowohl bereichern als auch vereinfachen, was an drei Beispielen gezeigt werden soll: Im ersten Fall konnten nach einer Doppeluntersuchung mit dem MiniFiler nur zwei sehr schwach ausgeprägte Allele nachgewiesen werden. Die Untersuchung von 32 mtSNPs hingegen lieferte in einer Doppelbestimmung ein vollständiges Profil, welches mit dem Tatverdächtigen übereinstimmte. Beim zweiten Fall konnten nach der 32 mtSNP-Untersuchung zwei Tatverdächtige als Verursacher einer Haarspur ausgeschlossen werden, die Untersuchung mit dem MiniFiler scheiterte. Im dritten Fall wurden mehr als 20 Jahre alte Haare untersucht. Eine mehrfache Sequenzierung der HVI nach Standardmethode erbrachte keine zufrieden stellenden Ergebnisse, jedoch konnte die Untersuchung der 32 mtSNPs eindeutige Ergebnisse liefern.

Diverse Validierungen haben den Einsatz des 32 mtSNP-Nachweisverfahrens in Spurenfällen möglich gemacht. Das schnelle und kostengünstige Verfahren ist bestens geeignet, um an problematischen Spuren eine Voruntersuchung durchzuführen, die weitere kosten- und zeitintensive Untersuchungen unnötig macht. Als ultima ratio kann es für Spurenfälle mit wenig und/oder schlechtem Ausgangsmaterial genutzt werden.

PrepFiler™ – eine neue Chemie zur Extraktion von DNA aus unterschiedlichsten forensischen Proben

Gottfried Weichhold, Anke Kruger, Thomas Simon

Applied Biosystems Deutschland GmbH, Darmstadt

Proben für die forensische DNA Analyse gehören aufgrund ihrer Natur zu den schwierigsten Untersuchungsmaterialien. Die enthaltene DNA-Menge kann sehr gering sein, sie kann durch Umweltfaktoren beeinflusst sein, so dass eine zusätzliche Aufreinigung notwendig werden kann um PCR-Inhibitoren zu entfernen. Menge und Qualität der extrahierten genomischen DNA beeinflusst stark den Erfolg der nachfolgenden Analyse. Somit kommt der DNA Extraktions-Methode im gesamten Untersuchungs-Prozess eine Schlüsselstellung zu. Für die Extraktion von DNA stellt Applied Biosystems mit dem PrepFiler™ Forensic DNA Extraction Kit eine neue Chemie vor, die es ermöglicht aus verschiedenen Arten von Spuren mit einem Protokoll höchste Ausbeuten sehr gut aufgereinigter DNA zu erhalten. Es stehen Lösungen für eine manuelle als auch für eine automatisierte Extraktion zur Verfügung. Ergebnisse von Studien zur Sensitivität, Reproduzierbarkeit, Entfernung von Inhibitoren, zur Stabilität sowie zur Extraktion von Routine-Spuren in internationalen Partner-Laboren werden diskutiert. Die Ergebnisse zeigen, dass die neue PrepFiler™ Chemie insgesamt die Ausbeute und Reinheit isolierter DNA verbessert.

A Novel Platform for Fully Automated Medium- to High-Throughput Purification of Nucleic Acids from a Variety of Forensic Specimens

Thomas Schnibbe, Christian Starke

QIAGEN GmbH, Hilden, Germany

There is increasing demand for optimized forensic laboratory processes. Requirements include minimization of manual interactions, scalable throughput formats and comprehensive process documentation.

A novel automated system for medium- to high-throughput purification of DNA, RNA, or proteins using proven magnetic-particle technology has been developed.

The platform provides a fully contained worktable with external touch screen controls. It allows processing of any number of samples between 1 and 96 in multiple, scalable batches. Prefilled reagents cartridges are administered through a novel drawer concept. Barcode reading of samples, reagents and eluates provides comprehensive tracking throughout the purification process.

The automation system (named “QIASymphony”) facilitates extraction of molecular targets from a range of reference and casework sample types, using standardized protocols to ensure optimized processing of samples. Dedicated protocols were designed to provide maximal DNA yield from casework samples. Sample input volumes ranging from 200 μ l to 1 ml lysate for casework samples can be combined with a relatively broad range of elution volumes down to 30 μ l for sample input and output flexibility. New developmental validation data will be shown. Study data cover yield, sensitivity, cross-contamination, and inhibition experiments. Data on reference, as well as a range casework samples will be presented.

CHRX-RESEARCH Database 2.0

F. Götz¹, C. Augustin², J. Edelmann³, S. Hering⁴, R. Szibor⁵

¹ *Qualitytype AG, Dresden*

² *Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf*

³ *Institut für Rechtsmedizin, Universität Leipzig*

⁴ *Institut für Rechtsmedizin, Technische Universität Dresden*

⁵ *Institut für Rechtsmedizin, Otto-von Guericke Universität Magdeburg*

Die Auswertung von X-chromosomalen STR Markern in Abstammungsfällen gewinnt zunehmend an Bedeutung und vor im Falle von Defizienzfällen können diese Aussagen liefern die mit autosomalen oder Y-chromosomalen Markern nicht notwendig sind. Durch die Verwendung von gekoppelten Markern konnte hierbei die Aussagekraft weiter gesteigert werden.

Um diesen Anforderungen gerecht zu werden wurde eine neue Version der CHRX-Research Database erstellt. Diese Datenbank soll für Forensiker als Informationsquelle rund um Fragen zu X-chromosomalen Markern dienen. Sie umfasst allgemeine Informationen zu X-Markern wie z.B. die Lokalisation und bietet Zugriff auf Allelfrequenz und Haplotypfrequenztabellen für unterschiedliche X-Marker und Populationen. Es besteht außerdem die Möglichkeit eigene Populationsdaten an die Datenbank zu übergeben. Die gesamte Anwendung wird von der X-working Group wissenschaftlich betreut.

Veranstaltungsorte



1 Vortragsveranstaltung:
Mövenpick Hotel Münster
Kardinal-von-Galen-Ring 65
48149 Münster
Telefon 0251 / 8 90 20

2 Abendveranstaltung:
Uferlos Kneipe & Café
Bismarckallee 11
48151 Münster
Telefon 0251 / 8 37 95 36

Die beiden Veranstaltungsorte liegen 1,7 km = 17 Gehminuten voneinander entfernt. Die Strecke führt entlang des Aasees, beliebte Joggingstrecke der Münster Studenten. Der Aasee befindet sich unweit südwestlich der Innenstadt.

Wir danken herzlich für die freundliche Unterstützung:

Analytik Jena AG, Jena
Applied Biosystems Deutschland GmbH, Darmstadt
aura optik gmbh, Jena
Biotype / Qualitype AG, Dresden
Eurofins Medigenomix GmbH, Marinsried
FUJIFILM Europe GmbH, Düsseldorf
Galantos Genetics GmbH, Mainz
G. Kisker GbR Prod. f. d. Biotechnologie, Steinfurt
Institut für Blutgruppenforschung LGC GmbH, Köln
Lumatec GmbH, Deisenhofen b. München
Promega GmbH, Mannheim
PRIONICS AG, Schlieren (Schweiz)
QIAGEN GmbH, Hilden
Tecan Deutschland GmbH, Crailsheim
und
serac Manfred R. Hofmann GmbH