

Freitag, 06.02.04

13.00 h Begrüßung und Grußworte

Rothschild, M. A.

Direktor des Instituts für Rechtsmedizin Köln

Lehmkuhl, G.

Dekan der Medizinischen Fakultät der Universität zu Köln

Kapischke, J.

Leitender Oberstaatsanwalt Köln

Brinkmann, B.

Vizepräsident der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin

Wunder oder Fälschung ? Untersuchungen am Blut der stigmatisierten Therese Neumann von Konnersreuth

Rolf, B. (München)

Unerwartet lange STR-Allele und ihre Darstellung mit verschiedenen forensischen Kits

Grubwieser, P., Mühlmann, R., Pavlic, M., Parson, W. (Innsbruck)

14.00 h – 14.30 h Pause

Entwicklung eines Duplex Real-Time PCR Assays zur Quantifizierung Y-chromosomaler und autosomaler humaner DNA

Hoppe, K., Hohoff, C., Loddenkötter, B., Brinkmann, B. (Münster)

mtDNA-Analysen aus DNA-Extrakten nach differentieller Lyse

Anslinger K., Bayer, B. (München)

DNA-Extraktion aus forensischem Spurenmaterial – Ein Methodenvergleich

Schilz, F., Luker, J., Schmidt, D., Hummel, S. (Göttingen)

Erstellung von STR-Profilen geringer Mengen DNA aus Spuren mittels einer modifizierten Kapillargelelektrophoresemethode. Eine Alternative zur LCN (Low Copy Number) Analyse ?

McDonald, A., Perrins, L., Greenhalgh, M., Solbrig-Lebuhn, H., Fa. Orchid-Biosciences (Abingdon, UK)

Zur Altersbestimmung und Abstammungsdiagnostik an embryonalem Abrasionsmaterial

Hanisch, U., Hering, S., Dreßler, J. (Dresden)

GeneMapperID® - Ein neues Softwarepaket für die Genotypisierung forensischer Proben

Weichhold, G., Fa. Applied Biosystems (Darmstadt)

16.00 h – 16.30 h Pause

Auswertung der GEDNAP-Spurenringversuche 26 und 27

Brinkmann, B., Hohoff, C., Rand, S. (Münster)

19.30 h Gemeinsames Abendessen im Brauhaus FRÜH

Samstag, 07.02.04

09.30 h Beginn

Sequenzierungsergebnisse des Locus D5S818 – Folgerung für die STR-Analyse und Mutationsaufklärung

Henke, L., Dülmer, M., Baur, M., Fimmers, R., Pick, E., Helmken, C., Henke, J., IFB (Köln), IMBIE (Bonn)

Mutationen im Primerbindungsbereich führen zu scheinbar homozygoten ACTBP2-Befunden

Heinrich, M., Hohoff, C., Brinkmann, B. (Münster)

Real-Time PCR für die DNA-Quantifizierung von biologischen Spuren

Köchli, S., Niederstätter, H., Parson, W. (Innsbruck)

STR-Typisierung von telogenen Haaren – Erfahrungen in der Fallbearbeitung

Schmitter, H., BKA (Wiesbaden)

Genotyping with DNA-Match Software

Jung, M., bj-Diagnostik GmbH (Gießen)

Schnelles Screening von SNPs aus dem kodierenden Bereich der mtDNA zur Identifikation von europäischen mitochondrialen Haplogruppen

Brandstätter, A., Parsons, T. J., Parson, W. (Innsbruck, Rockville, MD, USA)

11.00 h – 11.30 h Pause

Chromosom X – Typisierung: Validierung und Anwendung des Mentype® Argus X-UL

Grimmecke, H.-D., Föhlisch, M., Fa. Biotype (Dresden)

Vergleich verschiedener Methoden zur Bestimmung von Längenheteroplasmie innerhalb eines homopolymeren C-Stretch der mitochondrialen Kontrollregion

Lutz-Bonengel, S., Sängler, T., Pollak, S., Szibor, R. (Freiburg, Magdeburg)

„Baseline Window Size“ – Auswirkungen auf die automatisierte Genotypisierung

Quast, S., Lösch, A., Thelen, K., ID-Labor GmbH (Wiesbaden)

Speziesidentifizierung mittels vergleichender Sequenzanalyse des mitochondrialen 12S-rRNA-Gens

Balitzki-Korte, B., Anslinger, K., Rolf, B., Eisenmenger, W. (Gießen, München)

ca. 12.30 h Verabschiedung und Abschiedsimbiss