



Universität Zürich  
Institut für Rechtsmedizin

# 30. Spurenworkshop

*in Verbindung mit der*

Spurenkommission der  
Deutschen Gesellschaft  
für Rechtsmedizin e. V.



**5./6. Februar 2010**

**Veranstaltungsort:**

Hörsaal 24-G-45 · Universität Irchel  
Winterthurerstraße 190 · Zürich

# Willkommen in Zürich

Sehr geehrte Damen und Herren,  
liebe Kolleginnen und Kollegen,

es ist für die Mitarbeitenden des Instituts für Rechtsmedizin der Universität Zürich eine besondere Freude und Ehre, den 30. Spurenworkshop der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin ausrichten zu dürfen. Wir laden Sie herzlich nach Zürich ein und hoffen auf interessante Beiträge und regen wissenschaftlichen Austausch.

Zentral für den Anlass bleibt die von allen immer mit Spannung erwartete Präsentation der Auswertung der sich mittlerweile auf einen sehr grossen internationalen Teilnehmerkreis stützenden Ringversuche (GEDNAP 38 und 39).

Die Untersuchung von biologischen Kriminalspuren hat in den letzten 20 Jahren einen seinerzeit unvorstellbar hohen Grad an technischen und methodischen Innovationen ausgelöst und eine Steigerung der Beweiskraft ergeben, die den Eindruck erweckt, das Erreichbare sei eingetreten und weitere Steigerungen nur schwer vorstellbar. Diesem Eindruck soll deshalb nachgegangen werden unter dem Motto des 30. Spurenworkshops: Die Untersuchung von biologischen Spuren – Wo gibt es Optimierungs- und Entwicklungspotenzial? Die Frage soll für den ganzen Prozess der Spurenuntersuchung gestellt werden und gerne werden Beiträge erwartet, die fokussiert oder umfassend die Schritte von der Dokumentation und der Asservation von Spuren über die DNA-Analyse bis zur Auswertung und Beweiswertberechnung sowie gegebenenfalls der Präsentation der Ergebnisse vor Gericht behandeln. Der Begriff der Spur soll im forensischen Sinn weit gefasst verstanden werden, so dass auch Beiträge z.B. zu Expressionsanalysen oder molekularer Diagnostik an Geweben möglich sind.

20 Jahre nach dem letzten Spurenworkshop in Zürich – damals noch ausschliesslich die konventionellen Systeme umfassend – freuen wir uns, Sie wieder in Zürich begrüßen zu dürfen.

*Walter Bär und Adelgunde Kratzer  
mit Mitarbeitenden*

## **Institut für Rechtsmedizin der Universität Zürich**

Winterthurerstrasse 190

CH-8057 Zürich

Telefon +41 44 635 5647

Telefax +41 44 635 6858

E-Mail [gednap@irm.uzh.ch](mailto:gednap@irm.uzh.ch)

*in Verbindung mit der  
Spurenkommission der DGRM*

# Wissenschaftliches Programm

Freitag, 05. Februar 2010

13.00

**Grußworte:**

**Prof. Dr. med. Walter Bär**

Direktor des Instituts für Rechtsmedizin der Universität Zürich

**Dr. Markus Notter**

Direktionsvorsteher der Justiz und des Innern des Kantons Zürich

**Prof. Dr. med. Dr. 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. Bernd Brinkmann**

Vorsitzender der Spurenkommission  
der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin

**Vorträge:**

13:30 – 13:45

**Erfahrungen mit Kontaminationen in der Analyse biologischer Spuren**

F. Neuhuber, J. Cemper-Kiesslich, B. Dunkelmann, W. Grabner, G. Höckner, E. Klausriegler,  
M. Radacher

13:45 – 13:55

**Transfer von biologischem Material von unterschiedlichen Oberflächen –  
Sekundärtransfer**

P. Wiegand, C. Heibold, R. Klein, U-D. Immel, D. Stiller, M. Klintschar

13:55 – 14:05

**Nachweis von DNA an verschossenen Projektilen ohne Körpertreffer**

R. Zehner, R. Bux, A. Dittmar, L. Pfoser

14:05 – 14:15

**Einführung einer zellzahlbasierten Positivkontrolle ermöglicht eine erweiterte Überprüfung  
der Isolation, Quantifizierung, Amplifikation und Fragmentanalyse**

K. Katsch, A. Schelbert, T. Daege, M. Kraft

14:15 – 14:30

**Mindeststandards zur Kontaminationsvermeidung und -erkennung  
im Zusammenhang mit der DNA-Spurensicherung und -untersuchung –  
Ergebnisbericht der Bund-Länder Projektgruppe „DNA-Standards“**

H. Schneider, I. Bastisch, R. Wenzel, M. Templin, T. Lippert, M. Rose, D. Makuch, B. Haak

14:30 – 14:40

**Staff-Index in der Eidgenössischen DNA-Datenbank**

P. Voegeli, W. Bär, A. Kratzer

14:40 – 14:50

**Die Verwendung von schnell trocknenden Spurensicherungssets –  
Vorteile und Experimente zum wissenschaftlichen Nachweis der Wirksamkeit**

B. Hostettler

14:50 – 15:00

**Retrospektive Analyse von DNA-Untersuchungen zu Identifizierungszwecken**

J. Sanft, G. Mall

# Wissenschaftliches Programm

Freitag, 05. Februar 2010

---

15:00 – 15:25	<b>Selektive Hautschuppenanalyse – Teil 1: Strategien zur Gewinnung von Individual-STR-Profilen</b> Th. Sommerer, H. Schneider, E. Miltner, P. Wiegand <b>Selektive Hautschuppenanalyse – Teil 2: Strategien zur Aufklärung komplexer Spurenfälle und insbesondere von so genannten „Cold Cases“</b> H. Schneider, N. Adrian, L. Gerl, N. Dohmen
15:25 – 15:55	<i>Kaffeepause</i>
15:55 – 16:05	<b>Die Erweiterung eines PCR-Multiplex-Systems unter Berücksichtigung neuer europäischer Standards für DNA-Datenbanken</b> Th. Lederer, T. Seider, P. Betz
16:05 – 16:25	<b>Empfehlungen der Spurenkommision zur statistischen Bewertung von DNA-Datenbank-Treffern</b> P. M. Schneider, H. Schneider, R. Fimmers, W. Keil, K. Anslinger, G. Molsberger, W. Pflug, T. Rothämel, M. Eckert, H. Pfeiffer, C. Hohoff, B. Brinkmann
16:25 – 18:00	<b>Ergebnisse der Spurenringversuche GEDNAP 38 und 39</b> C. Hohoff, M. Schürenkamp, B. Brinkmann
19:00 (Einlass)	<b>Gemeinsamer Abend im Marriott Hotel Zürich</b> Treffpunkt im Time Square

# Wissenschaftliches Programm

**Samstag, 06. Februar 2010**

---

09:15 – 09:30	<b>Eine erste Anwendung von DIPs in der Abstammungsbegutachtung und Spurenanalyse</b> C. Winkler, I. Schulz, C. Proff, R. Liedke, E. Pick
09:30 – 09:40	<b>Insertions-/Deletionspolymorphismen in der Nähe der Repeat-Region von STR-Loci als Ursache für abweichende Befunde mit unterschiedlichen STR-Kits</b> B. Rolf, N. Bulander, P. Wiegand
09:40 – 09:55	<b>Analyse verschiedener Einflussfaktoren auf die Integrität von RNA</b> A. Koppelkamm, B. Vennemann, T. Fracasso, S. Lutz-Bonengel, U. Schmidt, M. Heinrich
09:55 – 10:05	<b>Vergleich unterschiedlicher Methoden zur RNA-Konzentrationsbestimmung</b> J. Strien, J. Sanft, G. Mall
10:05 – 10:15	<b>Nachweis sekretspezifischer RNA für die Forensik</b> K. Schwarze
10:15 – 10:25	<b>EDNAP Ringversuch zum Nachweis von Blut mittels RNA-Analyse</b> C. Haas, W. Bär, A. Kratzer
10:25 – 10:35	<b>Ein erhöhter Typisierungserfolg von Haar-Extrakten mittels mtDNA Quantifizierung</b> S. Köhnemann, K. Hoppe, H. Pfeiffer
10:35 – 10:45	<b>Einflussfaktoren bei der Darstellung heteroplasmatischer Positionen im mtDNA Genom</b> J. Naue, T. Sängler, R. Klein, B. Eberle, S. Lutz-Bonengel
10:45 – 11:00	<b>EMPOP 2 (mtDNA Datenbank)</b> W. Parson, A. Röck, A. Dür, M. Pircher, St. Troger, R. Scheithauer
11:00 – 11:25	<b>Kaffeepause</b>
11:25 – 11:35	<b>Validierung des LightCycler® 480-Systems für forensische Kits zur human DNA-Quantifizierung</b> N. Bulander, B. Rolf, R. Schubbert
11:35 – 11:50	<b>Interpretation von männlichen Spurenmischungen sowie Y-SNP-Analyse – Die neuen Analyseverfahren der YHRD</b> L. Roewer, S. Willuweit
11:50 – 12:00	<b>Zur Problematik Y-chromosomaler SNP-Datenbanken – erste eigene Rechercheergebnisse</b> J. Rothe, M. Nagy
12:00 – 12:10	<b>Hochinformativ Analyse forensischer DNA-Proben und -Spuren mit dem AmpFℓSTR® NGM™ PCR Amplification Kit</b> G. Weichhold, A. Kruger, Ph. Habermeier, Th. Simon

---

# Wissenschaftliches Programm

Samstag, 06. Februar 2010

12:10 – 12:20	<b>Neue STR-Produkte für die forensische Fallarbeit</b> A. Prochnow, C. Weber, M. Böhme
12:20 – 12:30	<b>GenoProof 2.0 – Eine Software zur Abstammungsbegutachtung und zur Durchführung von Populationsstudien</b> F. Götz
12:30 – 12:40	<b>Automation der DNA-Probenbearbeitung im forensischen Labor</b> W. van Loon, C. Cowan, J. Bessetti
12:40 – 12:45	<b>Schlussworte</b>



More Choices.  
More Results.

PowerPlex® ESX and ESI Systems

# europaenstandards

- ✓ Alle Marker des neuen europäischen Standards
- ✓ Kurze Amplikons
- ✓ Äußerst sensitiv
- ✓ Extrem unempfindlich gegen PCR-Inhibitoren
- ✓ Unterschiedliche Primersets - mit oder ohne SE33



[www.promega.com/powerplexeurope](http://www.promega.com/powerplexeurope) | [de\\_geneticidentity@promega.com](mailto:de_geneticidentity@promega.com)

## Erfahrungen mit Kontaminationen in der Analyse biologischer Spuren

*Franz Neuhuber, Jan Cemper-Kiesslich, Bettina Dunkelmann, Waltraud Grabner, Gabriele Höckner, Eva Klausriegler, Monika Radacher*

*Universität Salzburg, Fachbereich Gerichtsmedizin*

Kontaminationen von biologischem Spurenmaterial durch Exekutivbeamte sind in der forensischen Spurenanalyse keine Seltenheit. Daher wurde an unserem Institut im Jahr 2000 auf freiwilliger Basis mit der systematischen Untersuchung von Vergleichsproben der mit der Spurensicherung befassten Personen begonnen. Zurzeit sind die DNA-Profile von ca. 500 Exekutivbeamten aus dem Raum Salzburg / Oberösterreich in einer institutsinternen Datenbank abgespeichert. Im Zeitraum von 2000 – 2009 wurden dabei 85 Kontaminationen in ca. 25.000 untersuchten Spuren nachgewiesen, verteilt auf 57 verschiedene Personen und 69 verschiedene Fälle. Dies entspricht einer Kontaminationsrate von 0,34%. Da davon auszugehen ist, dass nicht alle Kontaminationen erkannt wurden, wird die tatsächliche Rate auf 0,5 - 1% geschätzt. In Österreich wurden die gesetzlichen Voraussetzungen für eine „Police Elimination Database (PED)“ geschaffen, sodass 2009 mit der bundesweiten Erfassung von Exekutivbeamten begonnen wurde.

## **Transfer von biologischem Material von unterschiedlichen Oberflächen – Sekundärtransfer**

*Wiegand P<sup>1</sup>, Heimbold C<sup>3</sup>, Klein R<sup>1</sup>, Immel UD<sup>2</sup>, Stiller D<sup>2</sup>, Klitschar M<sup>3</sup>*

<sup>1</sup> *Institut für Rechtsmedizin, Prittwitzstr. 6, 89075 Ulm*

<sup>2</sup> *Institut für Rechtsmedizin, Franzosenweg 1, 06112 Halle*

<sup>3</sup> *Institut für Rechtsmedizin, Robert-Koch-Str. 40, 37075 Göttingen*

In den letzten Jahren ist die Sensitivität der in der forensischen Genetik verwendeten STR-Analyse-Methoden stark angestiegen. Damit lassen sich einerseits winzige Antragungen diverser biologischer Materialien analysieren, andererseits besteht die Gefahr Antragungen, die durch Kontamination im Laufe des Asservierungs- und Untersuchungsprozesses entstehen, nachzuweisen. In der vorliegenden Studie wurde der Focus auf den Prozess der Asservierung am Tatort gerichtet. Hier kann es trotz Vorsichtsmaßnahmen zur Übertragung von biologischem Material wie Blut und Speichel von einem Gegenstand auf einen anderen Gegenstand am Tatort kommen. Um das Risiko einer Übertragung von biologischem Material zwischen zwei Gegenständen einschätzen zu können, wurden in der folgenden Studie untersucht, inwiefern Speichel- bzw. Blutspuren von verschiedenen Oberflächen auf ein Blatt Papier übertragen werden können. Dazu wurden in zwei Laboren insgesamt 288 Transferversuche an Blut- und an Speichelspuren durchgeführt, die auf Papier, Baumwollstoff oder Kunststoff aufgebracht und über Nacht getrocknet worden waren. Bei Transferversuchen von Baumwollstoff und Papier wurden sowohl bei direktem als auch bei indirektem Transfer nur geringe DNA-Konzentrationen festgestellt (< 10 pg/µl). Bei Verwenden der Kunststoffoberfläche wurden vor allem für Blutspuren in Abhängigkeit zur Kontaktintensität zur Spur deutlich höhere DNA-Konzentrationen für den direkten als auch für den indirekten Transfer festgestellt.

Bei insgesamt 192 direkten Transferversuchen konnte in 17% der Fälle genügend DNA für eine Analyse festgestellt werden, während bei 96 indirekten Transferversuchen in 3% der Fälle ausreichende DNA-Konzentrationen für eine DNA-Analyse vorhanden waren. Ein Übertragungsrisiko hängt somit von verschiedenen Parametern wie Oberfläche, Kontaktintensität und biologischem Material ab.



# Nachweis von DNA an verschossenen Projektilen ohne Körpertreffer

*Richard Zehner<sup>1</sup>, Roman Bux<sup>1</sup>, Andreas Dittmar<sup>2</sup>, Leopold Pfoser<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> *Institut für Rechtsmedizin, Universität Frankfurt/M.*

<sup>2</sup> *Kriminaltechnisches Institut, KT21, Bundeskriminalamt*

Im Rahmen einer Schießerei hatte es zwei Tote gegeben. Um zu klären, welche der beiden Toten von einem bestimmten Projektil durchdrungen (getötet?) worden war, wurden STR-Analysen durchgeführt, die eine Zuordnung des Projektils zu einer der beiden Leichen ermöglichte.

Die kriminaltechnische Analyse des recht stark deformierten Projektils konnte in einer ersten Einschätzung die Möglichkeit jedoch nicht ausschließen, dass dieses Projektil vor Auftreffen auf einen harten Untergrund nicht durch einen menschlichen Körper geschossen worden war. Somit stand die Frage im Raum, ob das anhaftende Material der Leiche aufgrund der Schussverletzung an das Projektil gelangt war oder durch Kontakt mit dem Projektil vor Abgabe des Schusses, der Getötete hätte somit Kontakt mit der Munition – z.B. durch Laden der Waffe - gehabt.

Der Nachweis von DNA an unverschossener Munition ist grundsätzlich möglich, ungeklärt ist jedoch die Frage, in welchem Maße an einem Projektil anhaftendes Material im Rahmen des Schussvorganges zerstört wird oder verloren geht, so dass dann keine STR-Analyse mehr möglich wäre.

Um Aussagen über die Möglichkeit einer STR-Typisierung von zellulärem Material an verschossenen Projektilen, die keinen Körper durchdrungen haben treffen zu können, wurden Projektile jeweils mit Blut oder Speichel beprobt oder intensiv in der Hand „geknetet“ und anschließend mit einer Pistole auf Schuss-Seife abgefeuert.

Abriebproben von den verschossenen Projektilen wurden genommen und zur DNA Analyse eingesetzt. Die Untersuchungen zeigen, dass die DNA beim Schussvorgang nicht in jedem Fall verloren geht oder zerstört wird, eine erfolgreiche STR Analyse an verschossener Munition ist grundsätzlich möglich.

## **Einführung einer zellzahlbasierten Positivkontrolle ermöglicht eine erweiterte Überprüfung der Isolation, Quantifizierung, Amplifikation und Fragmentanalyse**

*K. Katsch<sup>1</sup>, A. Schelbert<sup>2</sup>, T.Daege<sup>2</sup>, M. Kraft<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> GRK1071, Institut für molekulare und klinische Virologie, FAU Erlangen

<sup>2</sup> LKA KT 42, Kompetenzzentrum Kriminaltechnik LKA Berlin

Im Rahmen der Vorbereitung zur Akkreditierung wurde in unserem Labor nach einer Positiv-Kontrolle gesucht, die auf einfache Art und Weise zu generieren sein sollte und alle durchzuführenden Schritte der forensischen DNA-Analyse schnell und sicher in ihrer erfolgreichen Durchführung bestätigen kann. Zudem sollten verschiedene Isolationsmethoden auf gleicher Basis in Ihrer Effizienz verglichen werden können.

Zielführend war die Erstellung einer zellzahlbasierten Positivkontrolle. Aus humanem Blut wurden periphere Blutmonozyten isoliert, gezählt und in geringer Zellzahl auf Watteträger aufgebracht. Die geringe Zellzahl sollte sicherstellen, dass auch Abweichungen, die nur zu einer Reduzierung der Sensitivität der Untersuchungen führen, für das Gesamtsystem der Analyse detektiert und bewertet werden können.

Dargestellt werden erste Ergebnisse nach Einführung dieser Kontrolle in die Laborroutine.

Ansprechpartner: Dr. Michael Kraft, LKA Berlin KT 42 + 49 30 4664 974250;  
dr.michael.kraft@polizei.berlin.de

# **Mindeststandards zur Kontaminationsvermeidung und -erkennung im Zusammenhang mit der DNA-Spurensicherung und -untersuchung – Ergebnisbericht der Bund-Länder Projektgruppe “DNA-Standards”**

*Autoren:*

*H. Schneider, I. Bastisch, R. Wenzel, M. Templin, T. Lippert, M. Rose, D. Makuch  
und B. Haak als Mitglieder der Projektgruppe*

*Referent:*

*H. Schneider*

*Hessisches Landeskriminalamt, Hölderlinstraße 1-5, D-65187 Wiesbaden, Germany  
Tel.: 0049-611-836300*

Als Konsequenz der im Fall der „uWP“ bekannt gewordenen Kontaminations-problematik wurde in Deutschland eine Bund-Länder Projektgruppe „DNA-Standards“ eingerichtet, mit dem Ziel, den Prozess der Sicherung und Auswertung von DNA-Spuren auf mögliche Schwachstellen zu überprüfen und daraus resultierend bundesweit einheitliche Mindeststandards zur Kontaminationserkennung und –vermeidung zu erarbeiten.

Die zwischenzeitlich formulierten und mit internationalen Arbeitsgruppen (ENFSI, SWGDAM, SMANZFL) abgestimmten Empfehlungen sollen im Rahmen des GEDNAP–Spurenworkshops vorgestellt werden.

## **Staff-Index in der Eidgenössischen DNA-Datenbank**

*P. Voegeli, A. Kratzer, W. Bär*

*Institut für Rechtsmedizin, Universität Zürich, Schweiz*

Um Kontaminationen von Tatortspuren rasch erkennen zu können, wurde in der Eidgenössischen DNA-Datenbank, gestützt auf das DNA-Profil-Gesetz, der so genannte Staff-Index eingerichtet. In diesem Index werden DNA-Profile der Labormitarbeiter und DNA-Profile von Mitarbeitern der Polizeikörpers gespeichert. Ende 2009 waren 1114 Staff-Profile verzeichnet. Die Einrichtung des Staff-Indexes ist eine qualitätssichernde Massnahme zur Eliminierung von irreführenden Spur-Spur-Verbindungen und „Phantomspuren“.

## **Die Verwendung von schnell trocknenden Spurensicherungssets – Vorteile und Experimente zum wissenschaftlichen Nachweis der Wirksamkeit**

*B. Hostettler*

Bei den DNS-Probenahmen von schwachen oder gemischten Spuren ist es wichtig, dass die DNS möglichst unzerstört im Analysenlabor ankommt. Ebenso wichtig sind die Verarbeitung mit möglichst geringem Aufwand und die sichere Lagerung unter sparsamen Bedingungen. In der Vergangenheit wurden diese Vorgaben durch Vortrocknen der Proben an der Luft, einen raschen Transport innert weniger Stunden und durch Einfrieren der Proben zur Lagerung erreicht. Dies konnte jedoch nur unter teuren Transport- und Lagerbedingungen geschehen. Eine Verbesserung brachte die Verwendung von Wellkartonschachteln zum Transport der Proben. Bei längeren Transportwegen und hohen Temperaturen verbunden mit hoher Luftfeuchtigkeit hat aber auch dieses System oft versagt.

Die Entwicklung von Probegefässen mit Trocknungsmitteln, in welchen der Probeträger (Watte- oder Kunststoffkopf) durch ein Trocknungsmittel umgeben ist, erlaubt es jetzt die Proben mit weit geringerem Aufwand bei Umgebungstemperatur zu transportieren und zu lagern. Zusätzlich verhindert der Trocknungsprozess einen Abbau der wertvollen DNS durch Mikroorganismen wie Bakterien und Pilze. Erheblich verringert ist auch die Kontaminationsgefahr.

Anhand von verschiedenen Experimenten werden diese Eigenschaften untermauert oder belegt.

# **Retrospektive Analyse von DNA-Untersuchungen zu Identifizierungszwecken**

*Juliane Sanft, Gita Mall*

*Institut für Rechtsmedizin Jena, Fürstengraben 23, 07743 Jena*

Die Identifizierung unbekannter Toter anhand von DNA-Analysen ist oftmals mit Problemen verbunden. In den meisten Fällen liegt stark degradiertes biologisches Material zur DNA-Analyse vor. Die Analysen sollen dennoch schnell durchgeführt werden um eine zeitnahe Bestattung zu ermöglichen. Inkomplette DNA-Profile auf Grund degradierter DNA führen zu Wiederholungsanalysen welche eine schnelle Identifizierung verzögern. Weiterhin können Schwierigkeiten, wie zum Beispiel Mischspurprofile durch ungeeignete Vergleichsspuren entstehen.

Retrospektiv werden die Ergebnisse der letzten Jahre von DNA-Untersuchungen für Identifizierungen des Instituts für Rechtsmedizin Jena ausgewertet. Es soll analysiert werden welche biologischen Materialien am besten zu hierfür geeignet sind. Des Weiteren sollen Spuren auf ihre Brauchbarkeit untersucht werden.

## **Selektive Hautschuppenanalyse – Teil 1: Strategien zur Gewinnung von Individual-STR-Profilen**

*Thomas Sommerer<sup>1</sup>, Harald Schneider<sup>2</sup>, Erich Miltner<sup>1</sup>, Peter Wiegand<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> *Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Ulm, Germany*

<sup>2</sup> *Landeskriminalamt Hessen, Wiesbaden, Germany*

Hautkontaktspuren sind in den letzten Jahren zu einer der bedeutendsten Spurenarten für die vergleichende Zuordnung Spur / Person im Kontext von Straftaten geworden. Neben Hautschuppenantragungen an Einbruchwerkzeugen wie z.B. Schraubendrehergriffen, sind insbesondere bei kontaktintensiven Gewaltdelikten Hautschuppenübertragungen von den Händen der Täter unvermeidbar. Hierbei spielt die Strategie der Spurenahme eine besondere Rolle, da flächige Abriebe zwar bei Vorliegen des DNA-Profiles der geschädigten Person ggf. die Deduzierung eines potenziellen Täter-DNA-Musters ermöglichen können, aber auch zu komplexen Mischspuren führen, die für eine Recherche in der DNA-Datbank nicht zielführend verwertbar sind.

In der vorgestellten Studie wurde die Entnahme von Einzelhautschuppen aus Klebefolien, die von relevanten Antragungsbereichen eines Kleidungsstücks gefertigt worden sind, unter mikroskopischer Begutachtung durchgeführt. Ca. 500 Hautschuppen wurden entnommen, in die Chelex-Extraktion eingebracht, mit dem Plexor-Kit (Promega) quantifiziert und anschließend mit den STR-Kits PowerPlex S5, AmpFISTRminiFiler, AmpFISTR Sefiler und dem eigenständig entwickelten DNA-Datbank-Kit Q8 vergleichend analysiert. Für ca. 10 % der entnommenen Hautschuppen konnte ein Vollprofil oder ein datenbankverwertbares DNA-Profil mit mindestens fünf gesichert typisierten STRs erzielt werden. Die Chance für eine korrekte Typisierung stieg mit Abnahme der Ampliconlänge. Mischmuster wurden stets vermieden.

## **Selektive Hautschuppenanalyse – Teil 2: Strategien zur Aufklärung komplexer Spurenfälle und insbesondere von so genannten „Cold Cases“**

*Autoren*

*H. Schneider, N. Adrian, L. Gerl, N. Dohmen,*

*Referent*

*H. Schneider*

*Hessisches Landeskriminalamt, Hölderlinstraße 1-5, D-65187 Wiesbaden, Germany*

*Tel.: 0049-611-836300*

Die Untersuchung von Hautabriebspuren hat durch die stetige Steigerung der Untersuchungssensitivität gerade in den letzten Jahren zunehmend an Bedeutung gewonnen. Waren es zunächst nur Abriebspuren von Fingernagelproben, Tatwerkzeugen oder Drosselmarken, die z.B. nach einem Tötungsdelikt zur öffentlichkeitswirksamen Täteridentifizierung führten, so ist heute die Untersuchung aller denkbaren Gegenstände auf Hautabriebe in vielen forensischen Untersuchungsstellen Laborroutine.

Grundsätzlich verliert jede Person zu jedem Zeitpunkt Zellmaterial. Lässt sich nach einer Straftat der Tatablauf weitgehend rekonstruieren, so können vom Täter am Tatort hinterlassene Hautabriebspuren (Hautschuppen) gezielt gesichert und zumindest theoretisch auch molekulargenetisch analysiert werden. Die Erfolgsaussichten dieser extrem zeit-, personal- und kostenintensiven Untersuchungen sind im Allgemeinen als niedrig einzustufen. Dies ist zum einen auf die geringe Menge an übertragenen kernhaltigen Zellen, zum anderen auf die häufig zu beobachtenden komplexen, nicht interpretierbaren Mischspurbefunde zurückzuführen.

Zur Vermeidung derartiger Mischspurbefunde wurde im KTI des Hessischen Landeskriminalamtes eine „praxistaugliche“ Methode zur selektiven Präparation und Analyse einzelner Hautpartikel etabliert. Der forensische Nutzen dieser Methode wurde in den vergangenen Jahren durch die Aufklärung einer Vielzahl spektakulärer, z.T. Jahrzehnte zurückliegender Kapitalverbrechen eindrucksvoll dokumentiert.

# **Die Erweiterung eines PCR-Multiplex-Systems unter Berücksichtigung neuer europäischer Standards für DNA-Datenbanken**

*Th. Lederer, T. Seider und P. Betz*

*Institut für Rechtsmedizin, Friedrich-Alexander-Universität Erlangen,  
Universitätsstr. 22, 91054 Erlangen, Tel.: 09131-8522272*

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 (Systeme der Deutschen DNA-Analyse-Datei sowie D2S1338, D16S539 und D19S433) und dem geschlechtsspezifischen Locus Amelogenin um die fünf STR-Systeme D1S1656, D2S441, D10S1248, D12S391 und D22S1045 („european recommended loci“) erweitert. Dargestellt werden Erfahrungen bei der Entwicklung und Validierung des neuen Typisierungssystems.



## **Empfehlungen der Spurenkommission zur statistischen Bewertung von DNA-Datenbank-Treffern**

*P. M. Schneider, H. Schneider, R. Fimmers, W. Keil, K. Anslinger, G. Molsberger, W. Pflug,  
T. Rothämel, M. Eckert, H. Pfeiffer, C. Hohoff, B. Brinkmann*

*Spurenkommission – Gemeinsame Kommission der rechtsmedizinischen und  
kriminaltechnischen Institute*

Recherchen in der Deutschen DNA-Analyse-Datei (DAD) sind ein sehr erfolgreiches Werkzeug zur Ermittlung von Tatverdächtigen in Hinsicht auf die Frage, ob diese als Spurenleger einer bisher nicht zugeordneten Tatortspur in Betracht kommen. Im Zusammenhang mit derartigen Datenbanktreffern wird oftmals ein sog. „Treffergutachten“ angefordert, in dem eine biostatistische Beurteilung des Datenbanktreffers vorgenommen werden soll. Die Frage, ob und in welchem Umfang bei derartigen Gutachtenaufträgen auch die Wahrscheinlichkeit eines „zufälligen“ Datenbank-Treffers unter Einbeziehung der Datenbankgröße in die Bewertung einfließen muss, ist Gegenstand der neu ausgearbeiteten Empfehlungen der Spurenkommission. Es wird dargelegt, dass ein um die Anzahl der Personen in der Datenbank korrigierter Wert und nicht allein die Häufigkeit der Merkmalskombination in der Population der eigentlich relevante Parameter bei der Bewertung eines Datenbanktreffers ist. Anhand von einfachen Fallbeispielen und theoretischen Überlegungen wird ein statistisches Konzept vorgestellt, welches eine Überschätzung des Beweiswertes eines Datenbank-Treffers im Einzelfall vermeidet.

Kontakt: Peter M. Schneider  
Institut für Rechtsmedizin, Melatengürtel 60-62, 50823 Köln,  
Tel (0221) 478-88345, -88222, Fax (0221) 478-88370,  
E-Mail: peter.schneider@uk-koeln.de

## **Ergebnisse der Spurenringversuche GEDNAP 38 und 39**

*C. Hohoff<sup>1</sup>, M. Schürenkamp<sup>2</sup>, B. Brinkmann<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> *Forensische Genetik, Röntgenstr. 23, 48149 München*

<sup>2</sup> *Institut für Rechtsmedizin, Universität Münster, Röntgenstr. 23, 48149 Münster*

Die Auswertung der von den Teilnehmern an den Spurenringversuchen GEDNAP 38 und 39 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 erste Anwendung von DIPs in der Abstammungsbegutachtung und Spurenanalyse**

*C. Winkler, I. Schulz, C. Proff, R. Liedke, E. Pick*

*Institut für Blutgruppenforschung LGC GmbH, Köln, Deutschland*

Neben den gängigen Short Tandem Repeat-Markernsystemen (STR) kann das vor kurzem vorgestellte Mentype®DIplex (Deletion and Insertion Polymorphisms) Amplifizierungskit (Biotype®, Dresden) auf den Gebieten der Abstammungsbegutachtung und Spurenanalyse eingesetzt werden. Das Kit enthält Amelogenin und 30 diallelische DIPs mit einer maximalen Amplikonlänge von 160 Bp und einem Mindestabstand zu den gängigen STRs bzw. SNPs von 10 Mbp. Anhand von ersten Validierungsstudien sollte die Anwendbarkeit des Kits bei Routinefällen und insbesondere bei Mutationsfällen getestet werden. Insgesamt wurden 50 Vaterschaftsfälle, davon 27 mit mindestens einer Mutation in einem STR-System, ergänzend mit dem DIplex-Kit typisiert. Darüber hinaus wurden erste Tests im Spurenbereich mit einfachen aber auch anspruchsvollen DNA-Proben sowie DNA-Mischspurenanalysen durchgeführt.

# **Insertions-/Deletionspolymorphismen in der Nähe der Repeat-Region von STR-Loci als Ursache für abweichende Befunde mit unterschiedlichen STR-Kits**

*Burkhard Rolf<sup>1</sup>, Nicole Bulander<sup>1</sup> und Peter Wiegand<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> *Eurofins Medigenomix GmbH, Ebersberg*

<sup>2</sup> *Institut für Rechtsmedizin, Universität Ulm*

Seit längerem ist bekannt, dass Mutationen in den Primerbindungsstellen zu abweichenden Befunden zwischen verschiedenen STR-Kits führen können. Dabei wird in der Regel in einem Kit ein (falsch) homozygoter Befund erhalten, mit dem anderen Kit ein heterozygoter Befund.

Wir stellen eine weitere Ursache für diskordante Befunde zwischen verschiedenen STR-Kits vor: Insertionen bzw. Deletionen zwischen Repeat-Region des Locus und der Primerbindungsstelle können ebenfalls zu veränderten Genotypen führen. Anhand von drei Fällen aus unserer Praxis wird dieses Phänomen erläutert und die Auswirkungen auf die STR-Datenbanken und Fallarbeit werden diskutiert.

## Analyse verschiedener Einflussfaktoren auf die Integrität von RNA

*Antje Koppelkamm<sup>1</sup>, Benedikt Vennemann<sup>2</sup>, Tony Fracasso<sup>3</sup>, Sabine Lutz-Bonengel<sup>1</sup>, Ulrike Schmidt<sup>1</sup>, Marielle Heinrich<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> *Institut für Rechtsmedizin, Universität Freiburg, Alberstrasse 9, 79100 Freiburg*

<sup>2</sup> *Centre for Forensic and Legal Medicine, University of Dundee, DD1 4HN Dundee, Scotland, UK*

<sup>3</sup> *Institut für Rechtsmedizin, Universität Münster, Röntgenstr. 23, 48149 Münster*

In mehreren Studien konnte gezeigt werden, dass aus humanen Gewebeproben mit längerer Leichenliegezeit messengerRNA (mRNA) in ausreichender Quantität und Qualität für quantitative Genexpressionsanalysen gewonnen werden kann. Da man bei der Arbeit mit postmortalem Gewebe mit einer unvermeidbaren, natürlichen Degradierung konfrontiert ist, stellt sich die Frage, ob die durch mRNA profiling generierten Daten zuverlässige Informationen über die Expression verschiedener Gene zum Zeitpunkt des Todes liefern. Ziel dieser Studie war es daher, mögliche Parameter zu identifizieren, die einen Einfluss auf die Integrität der RNA ausüben. Zudem sollte die Auswirkung verminderter RNA-Qualität auf die Analyse mittels hochsensitiver reverse transcription quantitative PCR (RT-qPCR) untersucht werden.

Als mögliche Einflussfaktoren wurden folgende Parameter untersucht: das Alter zum Todeszeitpunkt, das Geschlecht, der Body Mass Index, die Dauer der Agonie, die Todesursache und das postmortale Intervall. Dafür wurde mit Hilfe des 2100 Bioanalyzers (Agilent Technologies) die RNA Integritätsnummer (RIN) von insgesamt 136 RNA-Extrakten ermittelt und eine mögliche Korrelation mit einzelnen Parametern berechnet. Um den Einfluss der RNA-Integrität auf die Zuverlässigkeit quantitativer Genexpressionsdaten in postmortalem Gewebe zu untersuchen, wurden RT-qPCR-Assays für mehrere Gene analysiert. Die Ergebnisse werden vorgestellt und diskutiert.

# Vergleich unterschiedlicher Methoden zur RNA-Konzentrationsbestimmung

*Juliane Strien, Juliane Sanft, Gita Mall*

*Institut für Rechtsmedizin, Friedrich-Schiller-Universität Jena*

Genexpressionsanalysen und Studien zum Verhalten von RNA bei unterschiedlichen äußeren Einflüssen gewinnen immer mehr an Bedeutung, auch auf dem Gebiet der Rechtsmedizin und forensischen Forschung. Grundlegend für eine Untersuchung der RNA ist die Bestimmung der Qualität und Quantität nach der Extraktion. Hierzu gibt es unterschiedliche Möglichkeiten, wie die Messung mit dem NanoDrop oder Agilent Bioanalyzer. Ziel unserer Studie soll es sein, eine weitere Methode zur Quantitätsbestimmung, basierend auf einer spezifischen RNA-Fluoreszenzmarkierung, zu testen. Vorgestellt werden die Ergebnisse und Einsatzmöglichkeiten der drei Messmethoden im Vergleich.

## Nachweis sekretspezifischer RNA für die Forensik

*K. Schwarze*

In der forensischen Forschungsarbeit entwickeln sich neue erfolgsversprechende Methoden für die Identifizierung von Körperflüssigkeiten und Sekreten in forensischen Spuren auf Grundlage des Nachweises sekretspezifischer mRNA. Ziel dieser Arbeit war es, einen spezifischen Nachweis für Vaginalsekret zu entwickeln und publizierte Protokolle zu verifizieren. In einem ersten Teil wurden Methoden zur Koextraktion von DNA und RNA getestet und hinsichtlich der Ausbeute der DNA optimiert. Zur Identifizierung von Vaginalsekret wurden die sekretspezifischen Proteine humanes Mucin 4 (MUC4) und humanes beta-Defensin 1 (HBD1) auf der Ebene der mRNA nachgewiesen. Das Gen Glycerinaldehyd-3-phosphatdehydrogenase (GAPDH) diente als Positivkontrolle. Die RNA wurde revers transkribiert und mittels Endpunkt-PCR gefolgt von Kapillarelektrophorese oder Realtime-PCR nachgewiesen. Da die RNA allgemein als sehr instabil gilt, wurde abschließend eine Versuchsreihe durchgeführt, in der die RNA-Stabilität der einzelnen Gene unter kontrollierten Lagerungsbedingungen getestet wurde. Es konnte in bis zu fünf Monate alten Vaginalsekretproben ein positiver Nachweis gemacht werden.

## **EDNAP Ringversuch zum Nachweis von Blut mittels RNA-Analyse**

*C. Haas, W. Bär, A. Kratzer*

*Institut für Rechtsmedizin, Universität Zürich, Schweiz*

Zum Nachweis der Sekretart mittels RNA-Analyse wurde von EDNAP (European DNA Profiling group) ein Ringversuch organisiert. 16 Labors aus Europa und in den USA haben am Ringversuch teilgenommen, wobei die meisten vorgängig keine Erfahrung mit RNA hatten. Ziel des Ringversuchs war es, die neue Methode zu etablieren und an einfachen Proben zu testen, weshalb man sich auf die Sekretart Blut beschränkte. 7 Proben und eine Verdünnungsreihe wurden mit den Blut-spezifischen RNA Markern Hämoglobin  $\beta$  (HBB),  $\beta$ -Spectrin (SPTB) und Porphobilinogen Deaminase (PBGD) analysiert, wobei verschiedene Analyse-Kits, Reagenzien und Geräte verwendet wurden. Aufgabenstellung, Methode und Resultate werden vorgestellt.

# Ein erhöhter Typisierungserfolg von Haar-Extrakten mittels mtDNA Quantifizierung

*Köhnemann S<sup>1</sup>, Hoppe K<sup>2</sup>, Pfeiffer H.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> *Institut für Rechtsmedizin Münster, Deutschland*

<sup>2</sup> *Landeskriminalamt NRW, Deutschland*

Hintergrund: Die genetische Analyse humaner Zellkern-DNA in telogenen Haaren und Haarfragmenten ist wenig Erfolg versprechend, daher wird meist die mitochondriale DNA untersucht, welche mit einer viel höheren Kopienzahl pro Zelle als die Zellkern-DNA vorhanden ist. Eine sehr gute Untersuchungstechnik für humane Haare ist die Analyse mitochondrialer SNPs mittels SNaPshot-Technik, welche sensitiver ist als die Sanger-Sequenzierung, dennoch können einige Haare auch mit dieser sensitiven Technik nicht erfolgreich untersucht werden.

Ziele: Unter Verwendung eines neuen Quantifizierungsverfahrens für mitochondriale DNA sollte bestimmt werden, ob eine Vorauswahl von Haaren für eine erfolgreiche SNaPshot Typisierung von 32 mtDNA Merkmalen möglich ist. Hierfür wurden 138 telogene Haare und Haarfragmente quantifiziert und anschließend mittels SNaPshot-Technik analysiert.

Die Haare wurden mehr als 14 Jahre bei Raumtemperatur gelagert und hatten eine durchschnittliche Länge von 2,7cm (Median: 2cm).

Ergebnisse: Von 138 Haaren zeigten 73,2% der Haare ein mtDNA-Profil mit ableitbaren Haplogruppen-Merkmalen, 17,4% der Haare wiesen vereinzelte mtDNA-Merkmale auf und 9,4% der Haare zeigten keine auswertbaren mtDNA-Befunde.

Positive mtDNA Quantifizierungsbefunde hatten 80,4% der Haare, an allen Haaren mit positivem Quantifizierungsbefund wurden mindestens vereinzelte mtDNA-Merkmale nachgewiesen. Nur vier Haare (2,9%) zeigten einen negativen Quantifizierungsbefund und ableitbare Haplogruppen-Merkmalen, zehn Haare (7,2%) zeigten einen negativen Quantifizierungsbefund und vereinzelte mtDNA-Merkmale.

Schlussfolgerung: Eine Vorauswahl von Haaren für eine erfolgreiche SNaPshot Typisierung von 32 mtDNA SNPs mittels eines neuen Quantifizierungsverfahren für humane mtDNA ist möglich, allerdings bedeutet ein negativer Quantifizierungsbefund nicht immer auch eine negative SNaPshot Analyse.

# **Einflussfaktoren bei der Darstellung heteroplasmatischer Positionen im mtDNA Genom**

*Jana Naue<sup>1</sup>, Timo Sanger<sup>1</sup>, Rachel Klein<sup>2</sup>, Bernadette Eberle<sup>2</sup>, Sabine Lutz-Bonengel<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> *Institut fur Rechtsmedizin, Universitatsklinikum Freiburg, Freiburg, Deutschland*

<sup>2</sup> *Institut fur Rechtsmedizin, Universitatsklinikum Ulm, Ulm, Deutschland*

Die Analyse mitochondrialer DNA spielt eine groe Rolle in der forensischen DNA-Analyse, wenn die Nutzung nuklearer DNA Marker zu keinem Ergebnis fuhrt. Heteroplasmatische Positionen konnen hierbei zu einem zusatzlichen Informationsgewinn beitragen. Die Darstellung der Heteroplasmie sollte daher robust und zugleich sensitiv sein, um Ergebnisse zuverlassig deuten zu konnen und keine Information zu verlieren.

In der folgenden Studie wurden Faktoren wie die Probenaufbereitung, die PCR-Polymerase und die Primer der PCR und der Sequenzierung untersucht und deren Einfluss auf die Sanger Sequenzierung und die Minisequenzierung verglichen. Exemplarisch wurden hierfur die Nukleotidverhaltnisse an den Positionen 16093 (C/T) und den nah beieinander liegenden Stellen 146 (C/T) und 152 (C/T) betrachtet.

Dafur wurden zum Einen artifizielle Lymphozytenmischungen zwischen 5% und 95% genutzt, die mit Hilfe der Durchflusszytometrie in exakter Zellanzahl erzeugt wurden. Des Weiteren wurden Mischungen mit DNA aus bakteriellen Klonen verwendet.

Die Ergebnisse werden dargestellt.



## EMPOP 2

*Walther Parson<sup>1</sup>, Alexander Röck<sup>1,2</sup>, Arne Dür<sup>2</sup>, Martin Pircher<sup>1</sup>, Stefan Troger<sup>1</sup>, Richard Scheithauer<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> *Institut für Gerichtliche Medizin, Medizinische Universität Innsbruck*

<sup>2</sup> *Institut für Mathematik, Leopold-Fanzens Universität Innsbruck*

Die Untersuchung der mitochondrialen DNA (mtDNA) kann bei jenen Spuren fallrelevante Information bringen, die nicht genügend intakte nukleäre DNA für eine erfolgreiche STR-Analytik enthalten. Für die statistische Bewertung von mtDNA-Profilen wird deren relative Häufigkeit über Datenbankabfragen recherchiert. Seit Oktober 2006 steht dafür die über das Internet frei zugängliche mtDNA Datenbank EMPop ([www.empop.org](http://www.empop.org)) zur Verfügung, die mittlerweile von mehr als 1000 registrierten Benutzern verwendet wird. Darüber hinaus wird EMPop als wissenschaftliches Projekt von der ISFG ([www.isfg.org/Links](http://www.isfg.org/Links)) offiziell befürwortet und von Fachjournalen als Ressource für die Qualitätskontrolle von mtDNA Populationsdaten empfohlen (z.B. [www.fsignetics.com/authorinfo](http://www.fsignetics.com/authorinfo)).

In der zweiten Version wird EMPop nun ergänzt durch neue Populationsdaten und zusätzliche Werkzeuge, die die wissenschaftliche Arbeit mit mtDNA unterstützen. Dazu gehören u. a. die neue Suchmaschine mit literaler Abfragemöglichkeit von Heteroplasmien, erweiterte Möglichkeiten zur Eingrenzung der Haplotypen-Recherche nach geographischen und populations-spezifischen Kriterien, eine neue Software, die mtDNA Populationsdaten auf Plausibilität und Aignierung prüft, sowie eine neue Verwaltung der zitierten Literatur- und Populationsdaten. Im Vortrag werden die Neuerungen exemplarisch vorgestellt und im forensischen Kontext diskutiert.

# **Validierung des LightCycler® 480-Systems für forensische Kits zur humanDNA-Quantifizierung**

*Nicole Bulander, Burkhard Rolf und Rainer Schubbert*

*Eurofins Medigenomix GmbH, Ebersberg*

In der forensischen Genetik hat sich seit einigen Jahren die Real-Time PCR gestützte DNA Quantifizierung in den meisten Laboren durchgesetzt. Da forensische Proben wie zum Beispiel Zigarettenkippen oder Abriebe von Hautkontaktsuren an Tatwerkzeugen neben humaner DNA häufig auch mikrobielle DNA enthalten, kann der DNA Gehalt der Extrakte nicht durch einfache Methoden wie UV-Spektroskopie oder fluoreszenzspektroskopisch mit interkalierenden Farbstoffen wie Sybr® Green gemessen werden. Methode der Wahl ist die Real-Time PCR mit humanspezifischen Primer/Sonden Paaren. Die Einführung des Quantifiler Kits durch die Firma ABI (und später des Quantifiler® Duo DNA Quantification Kit ), sowie des Plexor® HY System durch die Firma Promega als kommerzielle Real-Time PCR Reagenzien zur DNA Quantifizierung hat diesen Trend in den forensischen Laboren gestützt. In der vorliegenden Studie wird die Validierung des Roche LightCycler® 480 zur Quantifizierung des humanen DNA-Gehalts in forensisch relevanten Proben mit den zurzeit kommerziell zu diesem Zweck erhältlichen Kits vorgestellt.

# **Interpretation von männlichen Spurenmischungen sowie Y-SNP-Analyse – die neuen Analyseverfahren der YHRD**

*Lutz Roewer, Sascha Willuweit*

*Abteilung Forensische Genetik, Institut für Rechtsmedizin und  
Forensische Wissenschaften, Charité – Universitätsmedizin Berlin,  
Hannoversche Str. 6, 10115 Berlin, Germany*

In Anbetracht ihres umfassenden, konkordanten und repräsentativen Datenbestandes – z.Zt. mehr als 80,000 Y-STR Profile aus 99 Ländern – ist die Weiterentwicklung der Y-STR Haplotypen Datenbank (YHRD) zu einer Plattform für forensische Analyseprogramme und weiterführende Anwendungen, z.B. für die molekulare Anthropologie, sinnvoll, soweit sie den Stand der Wissenschaft widerspiegelt und den Anforderungen der professionellen Nutzer entspricht. Mit dem Start von Release 31 (November 2009) wird als zweites Analyse-Tool nach der Varianzanalyse (AMOVA) nun eine Likelihood-Berechnung zur Interpretation von männlichen Spurenmischungen mit einem bekannten Spurenleger („suspect“) sowie einem oder mehreren unbekanntem Spurenlegern vorgestellt (Wolf et al. 2005).

Weiterhin wurden mit Release 31 die Voraussetzungen geschaffen, Y-SNP-Marker, die ergänzend zu STR-Haplotypen typisiert wurden, in die Datenbank aufzunehmen. Damit eröffnet sich die Möglichkeit, Haplotypen in Haplogruppen zu sortieren, die durch gemeinsame phylogenetische Abstammung definiert sind und eine deutliche Stratifizierung zwischen und innerhalb der Kontinente aufweisen. Für die neue Suchfunktion nach binären SNPs und der durch sie definierten Haplogruppe wurde die vollständige Phylogenie des Y Chromosoms mit mehreren hundert Markern (inkl. Synonyme) programmiert. Da die STR/SNP-Typisierung von Y-Chromosomen im Rahmen populationsgenetischer Studien immer mehr zum Standard wird, erwarten wir eine rasche Zunahme des Datenbestandes. Wir sind sicher, daß die kombinierte YSTR/YSNP-Analyse sowie der Zugang zu einer kuratierten weltweiten Datenbank die Möglichkeiten zur Herkunftsbestimmung männlicher Individuen, seien es unbekannte Tote oder unbekannte Spurenleger, weiter verbessern wird.

## **Zur Problematik Y-chromosomaler SNP-Datenbanken – erste eigene Rechercheergebnisse**

*J.Rothe, M.Nagy*

*Institut für Rechtsmedizin Berlin, Abteilung Forensische Genetik, 10115 Berlin*

Als Single Nucleotide Polymorphismen (SNPs) werden einfache Basenaustausche oder Punktmutationen bezeichnet, die zur Entstehung von 90% aller genetischen Varianten des menschlichen Genoms führen. Damit stellen sie die einfachste und auch häufigste auftretende Form von Genomveränderungen dar, deren Einfluss- und Wirkungsspektrum für das einzelne Individuum noch immer unverstanden bleibt. Da sie im Mittelpunkt vielfältiger Forschungsgebiete, hierunter vor allem evolutionsbiologischer, medizinischer und forensischer Untersuchungen stehen, ist die Zahl der SNP Einträge in den vorhandenen Datenbank stark gestiegen. Wichtigste und umfangreichste Informationsquelle für bekannte SNPs sind Datenbanken wie z.B. die NCBI, die mit momentan 25003333 Einträgen (Build 310) ein enormes Potential in der SNP-Forschung bietet. Auch im Rahmen unserer Forschungsarbeit am Y Chromosom bilden SNP-Datenbanken die beste Möglichkeit für das schnelle Auffinden von für uns neue und relevante SNPs, wobei sich jedoch schnell zeigte, dass Nutzen und Effizienz drastisch eingeschränkt ist, insbesondere durch hohe Fehlerraten. Die Ursachen solcher Fehler können ganz unterschiedlich sein, in jeder Hinsicht ergeben sich jedoch große Probleme für den Datenbanknutzer, da falsche Datenbankeinträge nur schwer zu erkennen sind und bei ihrer Anwendung schließlich zu einer Verzögerung und Kostenintensivierung der eigenen Arbeit führen. Dies gab uns Anlaß für die Erstellung einer grundlegenden Arbeitsanleitung für die Nutzung von SNP-Datenbanken. Dabei beschreiben wir eine Reihe von Vorgehensweisen zur Analyse der vorhandenen Datenbankeinträge unter Berücksichtigung der individuellen Ursachen falscher SNPs.

## **Hochinformativ Analyse forensischer DNA-Proben und -Spuren mit dem AmpF $\ell$ STR $\circledR$ NGM $^{\text{TM}}$ PCR Amplification Kit**

*Gottfried Weichhold, Anke Kruger, Philipp Habermeier, Thomas Simon*

*Applied Biosystems, Part of Life Technologies*

Bereits seit vielen Jahren entwickelt Applied Biosystems qualitativ hochwertige Kits für die forensische Datenbank- und Spurenanalyse. Der AmpF $\ell$ STR $\circledR$  NGM $^{\text{TM}}$  (Next Generation Multiplex) PCR Amplification Kit liefert die Antwort auf die Anforderungen des Europäischen Netzwerks forensischer Forschungs-Institute (ENFSI) für ein erweitertes Standard Marker-Set zum verbesserten grenzübergreifenden Abgleich von DNA-Profilen. Der Kit umfasst zum einen die bereits im SGM Plus $^{\text{TM}}$  Kit repräsentierten Marker D2S1338, D8S1179, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, FGA, TH01, vWA und zur Geschlechtsbestimmung den Marker Amelogenin, wobei die Beibehaltung der bewährten Primersequenzen vollständige Konkordanz mit den bisherigen AmpF $\ell$ STR $\circledR$  Datenbankkits gewährleistet. Zum anderen sind die fünf zusätzlichen von ENFSI empfohlenen Marker D10S1248, D1S1656, D12S391, D22S1045 und D2S441 enthalten.

Mit diesem Kit erfolgt der Einstieg in eine neue Generation hochsensitiver und robuster Multiplex-STR-Amplifikationen, die den hohen Anforderungen für die Analyse forensischer DNA-Spuren wie auch Datenbank-Proben genügen. Diese besonderen Eigenschaften werden anhand von Beispielen aus der umfangreichen Validierung demonstriert, welche Applied Biosystems gemäß den Regeln der "Quality Assurance Standards for Forensic DNA Testing Laboratories" (DNA Advisory Board) und den Richtlinien der Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGAM) durchführt. Erfahrungen forensischer Partnerlabore zeigen, dass sich mit Hilfe des AmpF $\ell$ STR $\circledR$  NGM $^{\text{TM}}$  PCR Amplification Kit die Zahl der darzustellenden Allele sowie der Vollprofile bei Fall-Spuren merklich erhöhen lässt.

Darüber hinaus wird ein weiteres Mitglied der NGM Kit-Familie vorgestellt, das zur vollständigen Analyse aller deutschen Datenbank-Systeme geeignet sein wird.

## Neue STR-Produkte für die forensische Fallarbeit

*A. Prochnow, C. Weber, M. Böhme*

*Biotype Diagnostic GmbH, Dresden*

Seit November 2009 ist das neue Biotype® Portfolio für die forensische Fallarbeit und die genetische Identifizierung auf dem Markt. Im Fokus der Neuentwicklungen standen autosomale STR-Kits, die den neuen Europäischen Standard bedienen (z.B. Mentype® ESSplex), Erweiterungen der erfolgreichen gonosomalen Kits (Mentype® Argus Y-12QS, Mentype® Argus X-12) und die Etablierung eines Multiplex Kits mit biallelischen Markern (DIPplex).

Alle neuen STR- und DIP-Multiplex Kits basieren auf der Etablierung eines Biotype® eigenen 5-Farbsystems für die Fragmentanalyse. Im Bereich der STR-Analytik wurden drei entscheidende Entwicklungsziele verwirklicht:

- a) Alle Produkte sind twinfähig zu den Konkurrenzprodukten anderer kommerzieller Anbieter.
- b) Um Überlappungen der einzelnen STR-Systeme in den Testkits auch bei seltenen Allelen zu vermeiden, wurden die Allelbereiche ausgeweitet und der aktuellen Literatur angepasst.
- c) Damit falsch homozygote Profile ausgeschlossen werden können, wurde besonderes Augenmerk auf ein optimiertes Primerdesign gelegt. Dazu wurden alle STR- Primer derart konfiguriert, dass aus der Literatur bereits bekannte SNPs in den Primerbindungsregionen vermieden werden.

Anhand von Fallbeispielen soll der Nutzen und die Vorteile der neuen Biotype Kits im Vergleich zu anderen STR-Produkten für den Anwender demonstriert und zukünftige Kitentwicklungen vorgestellt werden.

## **GenoProof 2.0 – Eine Software zur Abstammungsbegutachtung und zur Durchführung von Populationsstudien**

*Dr. Frank Götz*

*Qualityte Ag, Moritzburger Weg 67, 01109 Dresden*

GenoProof 2.0 wurde entwickelt, um den Anforderungen der Wissenschaftler im Bereich der Abstammungsbegutachtung noch besser gerecht zu werden. Die Software unterstützt alle Arbeitsschritte - von der Probennahme über die Analyse von STR-Profilen bis hin zur biostatistischen Auswertung - und bietet dabei die Möglichkeit umfassender Dokumentation. Mit GenoProof können sowohl autosomale als auch gonosomale Marker untersucht werden. Das Programm verfügt über Funktionen zur Auswertung von Defizienzfällen und seit Neuestem auch zur Durchführung von Massenanalysen. Dabei können mehr als hundert STR-Profile auf einmal miteinbezogen werden.

Neben Abstammungsuntersuchungen können mit GenoProof auch Populationsstudien durchgeführt werden. Das Programm berechnet dabei alle wichtigen Parameter zur Beurteilung der Studie (HWG, MEC, etc.). Ein gänzlich neues Feature ist die Chimärismusanalyse. Damit können nun auch klinische Fragen beantwortet werden.

## **Automation der DNA-Probenbearbeitung im forensischen Labor**

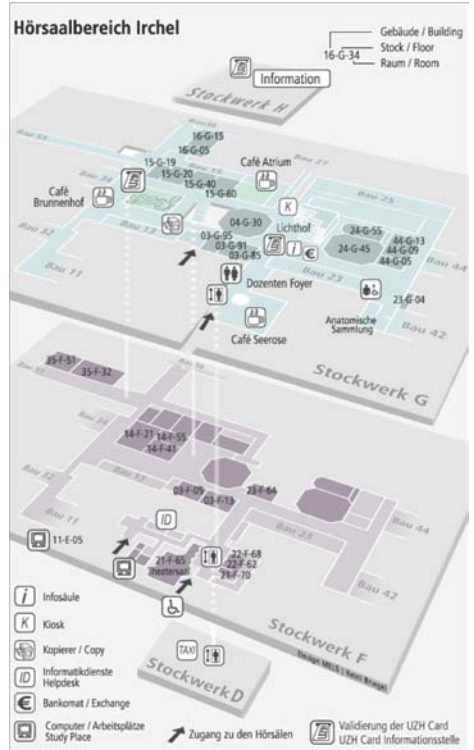
*van Loon W, Cowan C, Bessetti J*

*Promega Corporation, 2800 Woods Hollow Road, Madison, WI, USA*

Die steigende Zahl der Länder, die DNA-Datenbanken aufbauen und deren Daten untereinander austauschen, führt zu einem höheren Probendurchsatz im DNA-Analyselabor. Gleichzeitig wächst die Popularität der DNA-Analyse in der Fallarbeit. Beides verlangt den Labors mehr Leistung ab. Der Einsatz von Pipettiergeräten ist eine effiziente Möglichkeit, den Probendurchsatz zu erhöhen. Die DNA-Probenbearbeitung ist ein zeitraubender Prozess, der die Schritte Probenaufbereitung, differentielle Extraktion, DNA-Aufreinigung, Quantifizierung und STR-Analyse umfasst. In der Routine können somit vom Probeneingang bis zum Ergebnis einige Tage vergehen. Die Automatisierung dieses Arbeitsablaufes kann unterschiedlich gestaltet werden: entweder automatisiert man einzelne Arbeitsschritte oder den gesamten Prozess.

Promega hat für einige bewährte Pipettierautomaten Methoden für die einzelnen Prozesse entwickelt. Die Daten der einzelnen Prozesse werden vernetzt, um den gesamten Arbeitsprozess transparent und kompatibel zu gestalten. In dieser Präsentation werden die entwickelten Methoden vorgestellt.

# Veranstaltungsorte



**Wir danken herzlich für die freundliche Unterstützung:**

**Applied Biosystems Deutschland GmbH, Darmstadt  
 aura optik gmbh, Jena  
 BioConcept AG, Allschwil (Schweiz)  
 Biotype AG / Quality AG, Dresden  
 coloprint GmbH, Düsseldorf  
 EUROFINS MEDIGENOMIX GmbH, Ebersberg  
 Fujifilm Deutschland GmbH, Düsseldorf Galantos Genetics GmbH, Mainz  
 Institut für Blutgruppenforschung LGC GmbH, Köln  
 Lumatec GmbH, Deisenhofen  
 PRIONICS AG, Schlieren (Schweiz)  
 Promega GmbH, Mannheim  
 Tecan Sales Switzerland AG, Männedorf  
 und  
 Roche Diagnostics GmbH  
 Serac Manfred R. Hofmann GmbH**