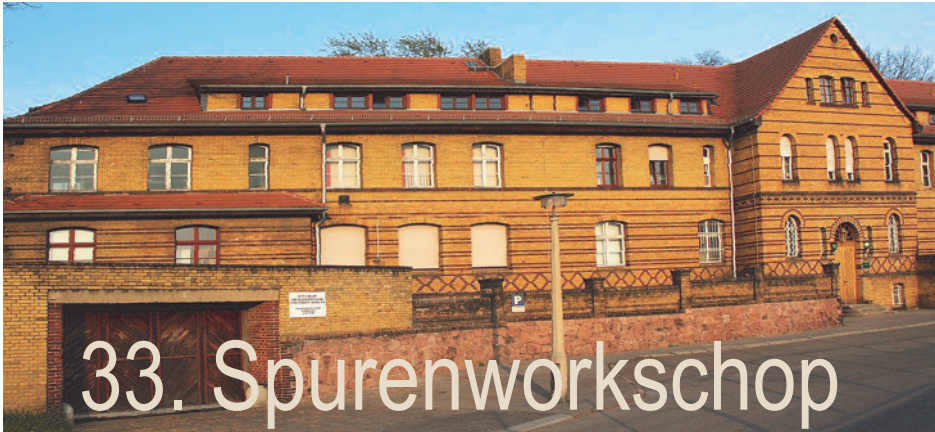




Universitätsklinikum
Halle (Saale)



in Verbindung mit der

Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin

sowie der

Spurenkommission der DGRM



22./23. Februar 2013

Veranstaltungsort:

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
Universitätsplatz, 06099 Halle (Saale)

www.r-km.de/spurenworkshop2013



Donnerstag, 21. Februar 2013
13:30 - 17:00 Uhr

Donnerstag, 21. Februar 2013
14:30 - 17:00 Uhr

**Anwendertreffen
Forensische DNA Analyse 2013**

**Anwendertreffen
RapidHith™ Rapid DNA**

Melanchthonium
Hörsaal XX
Universitätsplatz 8/9
Halle (Saale)

Melanchthonium
Hörsaal XV
Universitätsplatz 8/9
Halle (Saale)

Ohne Teilnehmerbegrenzung

Max. 60 Teilnehmer



Freitag, 22. Februar 2013
09:30 - 12:00 Uhr

Freitag, 22. Februar 2013
09:30 - 12:00 Uhr

Freitag, 22. Februar 2013
09:30 - 12:00 Uhr

**Vortest – Färben -
Scannen – Isolieren**

Brunch Seminar

Anwendertreffen

Melanchthonium
Medienraum
Universitätsplatz 8/9
Halle (Saale)

Löwengebäude
Hörsaal XIII
Universitätsplatz 11
Halle (Saale)

Melanchthonium
Hörsaal XV
Universitätsplatz 8/9
Halle (Saale)

Max. 15 Teilnehmer

Max. 50 Teilnehmer

Ohne Teilnehmerbegrenzung

Willkommen in Halle (Saale)

Sehr geehrte Kolleginnen und Kollegen,
liebe Freunde der forensischen Spurenkunde,

Leopoldina

es ist uns eine große Freude, Sie zum dies-jährigen Spurenworkshop in Halle an der Saale begrüßen zu dürfen. Die Tagung wird auf -historischem Gelände, dem Campus der Martin-Luther-Universität, stattfinden. Die Universität wurde am 18. Oktober 1502 in Wittenberg zunächst unter dem Namen Leucorea und am 1. Juli 1694 in Halle gegründet. 1817 kam es zur Vereinigung beider



Universitäten. Den heutigen Namen trägt sie seit dem 10. November 1933. Die Medizinische Fakultät gehörte zu den Gründungsfakultäten. Dass Halle sich zu einem besonderen Standort der Wissenschaften entwickelt hat, zeigt der Neubau der Akademie der Wissenschaften, der Leopoldina, welcher im Dezember letzten Jahres übergeben wurde. Aber Halle hat noch viel mehr zu bieten, seien Sie neugierig.

Der Spurenworkshop hat sich in den letzten Jahren zu einer wichtigen Veranstaltung auf dem Gebiet der forensischen Molekulargenetik entwickelt. Die ursprünglichen zwei halben Tage reichen schon länger nicht mehr, um alle Teile der Veranstaltung durchführen zu können. Viele von Ihnen reisen bereits am Donnerstag an. Aus diesem Grund haben wir uns entschieden, auch für den ersten Abend die Möglichkeit zur geselligen Zusammenkunft anzubieten. Wir wünschen Ihnen einen regen wissenschaftlichen Austausch und danken allen Vortragenden für Ihren Einsatz.

Rüdiger Lessig

Uta-Dorothee Immel

und die Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter des Instituts

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
Medizinische Fakultät
Institut für Rechtsmedizin

Franzosenweg 1
06097 Halle (Saale)
Tel.: +49(0)345/557-1768
rechtsmedizin@uk-halle.de

Freitag, 22.02.2013

Zeit	Vortrag
13:00 Uhr	<p>Grußworte:</p> <p>Prof. Dr. med. Rüdiger Lessig Institut für Rechtsmedizin Halle (Saale)</p> <p>Grüße der Halloren</p> <p>Professor Dr. Angela Kolb Ministerin für Justiz und Gleichstellung, Land Sachsen-Anhalt</p> <p>Prof. Dr. Udo Sträter Rektor der Martin-Luther-Universität Halle</p> <p>Prof. Dr. Michael Gekle Dekan der Medizinischen Fakultät</p> <p>Jürgen Schmökel Direktor des Landeskriminalamtes Sachsen-Anhalt</p> <p>Prof. Dr. med. Drs. h.c. Stefan Pollak Präsident der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin</p> <p>Prof. Dr. rer. nat. Peter Schneider Vorsitzender der Spurenkommission der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin</p>
Wissenschaftliches Programm	
	Vorsitz: H. Pfeiffer und H. Schneider
14:00 Uhr	<p>Die Magdeburger Blutbibeln des Freiherrn Friedrich von der Trenck: Mythos oder Wirklichkeit? R. Szibor¹, R. Arnold², C. Bongard³, D. Hirschfelder⁴, G. Mall², U. Pich⁴, S. Rommeiss²</p> <p>¹em. Prof. Institut für Rechtsmedizin, OvGU Magdeburg ² Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Jena, FSU Jena ³Klinik für Psychiatrie, Waldklinikum Gera ⁴Landeskriminalamt Sachsen-Anhalt</p>
14:20 Uhr	<p>Analyse biologischer Spuren aus dem Schusswaffenlauf nach einem Mehrfachmord C. Courts, C. Schyma, B. Madea Institut für Rechtsmedizin, Universität Bonn</p>
14:35 Uhr	<p>Untersuchungen zur Effektivität von Wattestäbchen-Abrieben für die Sicherung von Speichelanhaftungen J. Kriehn¹, A. Dorn¹, C. Schäfer¹, P. Wiegand², W. Voll¹</p> <p>¹Bayerisches Landeskriminalamt, München ²Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Ulm</p>
14:50 Uhr	<p>Wasserstoffperoxid-Plasmasterilisation: Eine Methode für die Dekontamination forensischer Verbrauchsmaterialien? M. Vennemann, M. Mozer, M. Schröder, K. Lärer Institut für Rechtsmedizin, Medizinische Hochschule Hannover</p>
15:05 Uhr	Kaffeepause

Freitag, 22.02.2013

Zeit	Vortrag
	Vorsitz: M. Eckert und P. Wiegand
15:35 Uhr	Neueste Ergebnisse zum Y-Chromosom – Sequenzierung von 575.000 bp in 51 Populationen S. Lippold, H. Xu, R. Schröder, M. Li, A. Butthof, M. Stoneking Max Planck Institut für Evolutionäre Anthropologie, Leipzig
15:55 Uhr	Hochauflösende Y-STR Analyse? J. Purps, M. Nagy, L. Roewer Institut für Rechtsmedizin, Abteilung Forensische Genetik, Charité-Universitätsmedizin Berlin
16:10 Uhr	Development Criteria for a next generation Y-STR Multiplex for Forensic Applications G. Weichhold, A. Kruger, N. Oldroyd, C. A. Bormann Chung, J. Mulero, V. Nguyen, L. Calandro Life Technologies, Darmstadt
16:25 Uhr	IRMX - Fallmanagement im forensischen DNA-Labor P. Buncak ¹ , U. Schmidt ² , B. Balitzki ³ ¹ MacTech Buncak AG, Duggingen ² Institut für Rechtsmedizin, Universität Freiburg ³ Institut für Rechtsmedizin, Universität Basel
16:40 Uhr	Für alle Fälle.... Neuste Lösungen für die forensische Fallarbeit kritischer Proben D. Müller, S. Pakulla-Dickel, C. Fischer, B. Alsdorf, F. di Pasquale, C. Starke, L. Bochmann, D. Spitznagel, A. Prochnow, M. Scherer QIAGEN GmbH, Hilden
16:55 – 18:25 Uhr	Ergebnisse der GEDNAP-Ringversuche 44 und 45 C. Hohoff, K. Schnöink, B. Brinkmann Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster
Einlass 19:00 Uhr	Abendveranstaltung im DORMERO Kongress- und Kulturzentrum Halle

Samstag, 23.02.2013

Zeit	Vortrag
	Vorsitz: K. Anslinger und S. Lutz-Bonengel
09:30 Uhr	13 Jahre EMPOP - Überblick und neueste Entwicklungen W. Parson Institut für Gerichtliche Medizin, Medizinische Universität Innsbruck
09:50 Uhr	Diskordanzen bei der Verwendung unterschiedlicher Multiplex-Kits C. Augustin, B. Nittmann Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Hamburg
10:05 Uhr	Die neuen Empfehlungen der ISFG DNA-Kommission zur Bewertung von STR-Befunden unter Berücksichtigung von möglichen Drop-out und Drop-in Ereignissen P. M. Schneider Institut für Rechtsmedizin, Medizinische Fakultät, Universität Köln
10:20 Uhr	Ergebnisse eines Ringversuches der Spurenkommission zur Bestimmung der Häufigkeit des Auftretens von "allelic drop-out" und "drop-in" bei STR-Analysen von minimalen DNA-Mengen R. Fimmers ¹ , H. Lorenzen ¹ , P. M. Schneider ² und die Mitglieder der gemeinsamen Spurenkommission der rechtsmedizinischen und kriminaltechnischen Institute (www.gednap.de) ¹ Institut für Medizinische Biometrie, Informatik und Epidemiologie, Universität Bonn ² Institut für Rechtsmedizin, Medizinische Fakultät, Universität Köln
10:35 Uhr	Die Wichtigkeit der Trocknungsgeschwindigkeit für die Konservierung von DNA A. M. Garvin ¹ , R. Holzinger ¹ , F. Berner ² , W. Krebs ² , B. Hostettler ³ , E. Lardi ³ , Ch. Hertli ³ , R. Quartermaine ³ , Ch. Stamm ³ ¹ Confarma France SARL, Hombourg, Frankreich ² ZHAW Zürcher Hochschule f. Angewandte Wissenschaften, Inst. f. Chemie und Biol. Chemie, Wädenswil, Schweiz ³ Prionics AG, Schlieren, Schweiz
10:50 Uhr	Der Europäische Kaukasier – Clustern von autosomalen Allelfrequenzen F. Götz Qualitype GmbH, Dresden
11:05 Uhr	Kaffeepause
	Vorsitz: J. Edelmann und M. Nagy
11:35 Uhr	Fortschritte in der Sequenzierung alter Genome M. Meyer Max Planck Institut für Evolutionäre Anthropologie, Leipzig
11:55 Uhr	Molekulargenetische Typisierungen von Skeletten zur Überprüfung archäologischer Thesen zu zwei Kirchenfunden aus Deutschland P. von Grumbkow, L. Georges, J. Mazanec, S. Hummel Historische Anthropologie und Humanökologie, Universität Göttingen

Samstag, 23.02.2013

Zeit	Vortrag
12:10 Uhr	Nachweis von DNA in Regurgitaten und Faeces forensisch relevanter Schmeißfliegenarten G. Kulstein ^{1,2} , J. Amendt ² , R. Zehner ² ¹ Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Ulm ² Institut für Rechtsmedizin, Klinikum der Goethe Universität, Frankfurt
12:25 Uhr	Latente Blutspuren! Handsprühflasche vs. CSAIR Kompressor S. Kaspari coloprint GmbH, Düsseldorf
12:40 Uhr	Samplettype i-sep® Extraktionssysteme – Effiziente Probenaufbereitung zur Gewinnung partikelfreier DNA-Lysate in der Gerichtsmedizin H. Schnerr Biotype Diagnostic GmbH, Dresden
12:55 Uhr	Schlussworte
13:10 Uhr	Abschiedsimbiss



LUMATEC

Ihr Job ist schwer genug.
 Superlite S400 mit oder ohne Akku, die vielseitige und weltweit beliebte Lichtquelle für Tatort und Labor:
Fragen Sie uns nach unseren Laborsets!

Passt in jede Tasche, die brandneue **Superlite M**: nur 500 g schwer und 24 cm lang
ideal für alle Sekretpuren

Lumatec GmbH
 sales@lumatec.de
 Tel. +49 89 742 822 13
Nächster Lichttechnik Workshop in Bad Salzuflen im April für Laborfachleute und Kriminalbeamte! Näheres auf Anfrage

Die Magdeburger Blutbibeln des Freiherrn Friedrich von der Trenck: Mythos oder Wirklichkeit?

R. Szibor¹, R. Arnold² C. Bongard³, D. Hirschfelder⁴, G. Mall², U. Pich⁴, S. Rommeiss²

¹em. Prof. Institut für Rechtsmedizin, OvGU Magdeburg ,

²Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Jena, FSU Jena

³Klinik für Psychiatrie, Waldklinikum Gera

⁴Landeskriminalamt Sachsen-Anhalt

Friedrich Freiherr von der Trenck (1726-1794) verfasste während seiner neunjährigen Festungshaft in Magdeburg Texte und Miniaturen in mehreren, teilweise nur halbseitig bedruckten Bibeln. Der Legende nach erhielt er diese von Prinzessin Amalia von Preußen, der jüngsten und hübschesten Schwester des Preußenkönigs Friedrich des Großen. Mit der soll er vor seiner Einkerkung zum Missfallen des Königs ein Verhältnis gehabt haben. Auch sie war inzwischen ebenfalls vom Leben am Hofe ausgeschlossen und nach Quedlinburg abgeschoben worden, wo sie nun ihr Leben als Äbtissin des Klosters fristete. Viele von Trencks Niederschriften waren an Prinzessin Amalia gerichtet und nach autobiografischen Angaben schrieb er in Ermangelung von Tinte mit seinem eigenen Blute. So findet sich auch die an Amalia gerichtete Textstelle „Ich beschwöre dich mit meinem Blute“. Aber kann man der Aussage einer so schillernden Persönlichkeit, die ihre militärische Karriere mit einer Urkundenfälschung begann und in deren Memoiren nachweislich viel Erfundenes vorkommt, überhaupt trauen? Von den ursprünglich sieben Blutbibeln sind zwei erhalten, die beide für die Untersuchung zugänglich waren. Die Anwendung der zerstörungsfreien VIS-Spektrometrie konnte die Frage nicht klären. Auch der Versuch, eine amplifikationsfähige DNA aus Mikroproben zu extrahieren, scheiterte. Somit erbringt der Forschungsansatz, der ursprünglich einmal eine große Story der Forensischen Genetik liefern sollte, nun doch nur ein bescheidenes Ergebnis, das einige Nummern kleiner ausfällt als gedacht. Aber wenigstens können wir durch Einbeziehung weiterer Methoden nun doch einigermaßen zuverlässig Auskunft geben, ob es sich bei der Schrift tatsächlich um Blut handelt oder nicht.

Analyse biologischer Spuren aus dem Schusswaffenlauf nach einem Mehrfachmord

C. Courts, C. Schyma, B. Madea

Institut für Rechtsmedizin, Universität Bonn

Spuren von Backspatter, die aus dem Lauf einer Feuerwaffe nach einem suizidalen oder homizidalen aufgesetzten Schuss gewonnen werden, können eine wertvolle Quelle forensischer Evidenz darstellen. Die ersten systematischen Untersuchungen der Persistenz und Überdauerungsfähigkeit solcher Spuren bei Modell- und realen Fällen, insbesondere von Opfer-DNA im Waffenlauf, haben wir vorgelegt. Wir berichten hier von der praktischen Anwendung der Methode und den Ergebnissen im Fall eines dreifachen Tötungsdeliktes.

Ein Familienvater hatte seine Frau und beiden Kinder durch vermutlich aufgesetzte bzw. extreme Nahschüsse getötet. Die Analyse der Opfer-DNA aus dem Waffenlauf sollte Aufschluss über Zahl und Identität der Opfer geben.

Die Probennahme erfolgte, indem das Innere des Waffenlaufs sowohl von der Mündung als auch vom Patronenlager aus abgerieben wurde. Aus den Proben extrahierte DNA wurde quantifiziert und unter Amplifikation von 16 STR-Systemen profiliert.

Die resultierenden DNA-Mischprofile gestatteten trotz naher biologischer Verwandtschaft eine klare Differenzierung aller Opfer und den Ausschluss des Täters als Spurenmitverursacher.

Die Ergebnisse des vorliegenden Fallberichts belegen die Praxistauglichkeit und Relevanz der Methode.

Untersuchungen zur Effektivität von Wattestäbchen-Abrieben für die Sicherung von Speichelanhaftungen

J. Kriehn¹, A. Dorn¹, C. Schäfer¹, P. Wiegand², W. Voll¹

¹Bayerisches Landeskriminalamt, München

²Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Ulm

Für die Asservierung von Sekret-/Speichelspuren werden zumeist mit Sterilwasser angefeuchtete Wattestäbchen verwendet. Hierbei ist jedoch nach wie vor unklar, wie viel Zellmaterial tatsächlich durch den Abrieb aufgenommen wird. Verschiedene Parameter beeinflussen die Effektivität der Spurenabnahme, wie beispielsweise die Lagerungsdauer und das Alter der Spur, der Untergrund, von dem der Abrieb vorgenommen wird, sowie die Beschaffenheit des Wattestäbchens; vor allem aber das Vorgehen, wie die Spur gesichert wird.

Um den Einfluss der Feuchte des Wattestäbchens, des Drucks und der Dauer während des Abriebs sowie unterschiedlicher Kontaktflächen (Kunststoff und Glas) zu untersuchen, wurden verschiedene Versuchsreihen zur Entnahme von getrockneten Speichelantragungen durchgeführt. Es sollte ermittelt werden, mit welcher Methode möglichst viel Zellmaterial vom Untergrund auf das Wattestäbchen übertragen werden kann. Hierzu wurden zum einen Glas- und Kunststoffplatten und zum anderen Glas- und PET-Flaschenöffnungen mit einer definierten Menge an Speichel präpariert. Die ü.N. getrockneten Speichelantragungen wurden unter Berücksichtigung der o.g. Kriterien abgerieben, um zu analysieren, welcher Anteil des Ausgangsmaterials sich nach der Extraktion der Wattestäbchenabriebe mittels RT-PCR detektieren lässt. Die Ergebnisse zeigten, dass vor allem die Feuchte des Wattestäbchens, aber auch die Abriebtechnik einen wesentlichen Einfluss auf die Wiederfindungsrate haben.

Wasserstoffperoxid-Plasmasterilisation: Eine Methode für die Dekontamination forensischer Verbrauchsmaterialien?

M. Vennemann, M. Mozer, M. Schröder, K. Lärer

Institut für Rechtsmedizin, Medizinische Hochschule Hannover

Seit einiger Zeit bildet die Behandlung mit Ethylenoxid (EO) die Standardtechnik zur Dekontamination von Verbrauchsmaterialien, die in forensisch-molekularbiologischen Laboren zum Einsatz kommen. Allerdings birgt das Verfahren enorme gesundheitliche Risiken, die von möglichen EO-Rückständen an Material oder in der Umgebungsluft ausgehen. Daher wurde das Verfahren aus anderen Bereichen, wie beispielsweise der Sterilisation thermolabiler Gegenstände der medizinischen Diagnostik und Therapie, in den letzten Jahren weitgehend durch weniger gesundheitsgefährdende Prozesse verdrängt. Eines dieser alternativen Verfahren ist die Niedrigtemperatur-Plasmasterilisation.

Ziel dieser Studie war die Prüfung der Eignung des Verfahrens für die Entfernung von DNA-Kontaminationen von Verbrauchsmaterialien.

Verschiedene forensische Verbrauchsmaterialien, darunter Tupfer, Reaktionsgefäße und Pipettenspitzen, wurden mit hochmolekularer DNA kontaminiert und anschließend in einem Sterrad 100S-Gerät (Johnson und Johnson) mittels Wasserstoffperoxid-Plasma dekontaminiert. Der Erfolg des Dekontaminationsschrittes wurde mittels quantitativer PCR, STR-Analyse und mitochondrialer DNA-Analyse überprüft.

Die Ergebnisse werden vorgestellt und die Eignung des Verfahrens im forensischen Kontext diskutiert.

Neueste Ergebnisse zum Y-Chromosom – Sequenzierung von 575.000 bp in 51 Populationen

S. Lippold, H. Xu, R. Schröder, M. Li, A. Butthof, M. Stoneking

Max Planck Institut für evolutionäre Anthropologie, Evolutionäre Genetik, Leipzig

Unser derzeitiges Projekt umfasst die Untersuchung der uniparentalen Marker, insbesondere des Y-Chromosoms, innerhalb des HGDP-CEPH Probensets. Bisherige populationsgenetische Studien zum menschlichen Y-Chromosom beschränkten sich zumeist auf eine SNP-Typisierung (single nucleotide polymorphism) und die Untersuchung von STRs (short tandem repeats). Im Gegensatz dazu führten wir eine Anreicherung mittels Hybridisierung und eine anschließende Sequenzierung von insgesamt 575.000 bp des Y-Chromosoms in 623 Individuen aus 51 Populationen durch. Die Ergebnisse zeigen eine hohe Auflösung des Y-Markers und somit eine valide Datengrundlage für die populationsgenetische Untersuchung. Im Vergleich mit dem maternal vererbten, mitochondrialen Marker (gesamte Genome) konnten wir deutliche Unterschiede in der genetischen Diversität, der Verteilung der Variabilität und der Struktur zwischen den Markern nachweisen.

Hochauflösende Y-STR Analyse?

J. Purps, M. Nagy, L. Roewer

Institut für Rechtsmedizin, Abteilung Forensische Genetik, Charité-Universitätsmedizin Berlin

Short Tandem Repeat (STR) Marker auf dem Y-Chromosom (Y-STR) sind fester Bestandteil der forensischen Fallarbeit bei der Erstellung von Spurenprofilen und der Verwandtschaftsanalyse.

In unserer Studie untersuchten wir insgesamt 33 Y-STR Systeme, darunter kommerziell erhältliche als auch erst kürzlich publizierte Y-STRs (Ballantyne et. al. 2010). Unter diesen befinden sich simple single-copy, komplexe sowie multi-copy Y-STRs, darunter wiederum einige mit erhöhten Mutationsraten ($> 10^{-3}$). Die Kombination mehrerer solcher Systeme führt theoretisch zu einer besseren Auftrennung verwandtschaftlicher Linien bzw. nah verwandter Individuen.

Um das Potential dieser „hochauflösenden Y-STR Analyse“ für die forensische Fallarbeit abzuschätzen, führten wir eine Populationsstudie mit 150 Individuen durch. Dabei wurden die Haplotypdiversitäten und die Diskriminierungsindices für verschiedene Haplotyp-Kombinationen bestimmt. Zudem wurde für jedes Y-STR System in ca. 150 Meiosen die Mutationsrate bestimmt. Dabei wurden unterschiedliche Mutationstypen beobachtet.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass eine MEHR- aber noch keine HOCH-Auflösung paternaler Linien möglich ist. Weitere Studien müssen zeigen, ob das Potential der neuen Generation von Y-STR Markern in der forensischen Fallarbeit entfaltet werden kann.

Development Criteria for a next generation Y-STR Multiplex for Forensic Applications

G. Weichhold, A. Kruger, N. Oldroyd, C. A. Bormann Chung, J. Mulero, V. Nguyen, L. Calandro,

Life Technologies, Foster City, USA

In recent years, the AmpF/STR Yfiler® Kit has become the gold standard chemistry for the forensic analysis of Y-STR markers. The capabilities of this well established marker set expanded recently through the release of the Yfiler® Direct kit, enabling direct amplification of single-source samples and streamlining the Y-STR workflow. However, we are now looking to extend the performance advances delivered by Applied Biosystems next generation STR kits such as better profile balance, maximized resistance to inhibitors and shorter time to result to the analysis of Y-STRs.

As part of a project to improve the performance capabilities of the Yfiler® Kit, we are evaluating the wider application requirements of forensic Y-STR analysis in order to design a truly next generation Y-STR system. The inclusion of currently used Y-STR markers in a next generation multiplex is a strong consideration given that existing Y-STR databases are already populated with profiles containing this information. The addition of new markers however could enhance the capabilities of the system still further and given the availability of an expanded dye set, the real estate exists to permit a quite substantial expansion of the number of loci that can be amplified simultaneously. Regarding which markers to choose, if the objective is to exclude close patrilineal relatives of the suspect then markers with a high mutation rate might prove beneficial. On the other hand, in kinship analysis, markers with high mutation rates might prove problematic so a balance between the two would be desirable. The inclusion of highly discriminating markers could allow better differentiation of paternal lineages in populations with low Y-chromosome diversity and the use of mini-STRs to improve performance in degraded samples could also be considered.

This presentation will discuss a strategy for the development of an enhanced Y-STR multiplex that combines well-known loci as well as recently characterized, highly discriminating Y-STRs into one single reaction. This multiplex will enable higher discrimination in paternal lineages, combined with unprecedented capabilities in terms of robustness, sensitivity and male specificity to recover information from forensic samples.

For Forensic or Paternity Use only.

IRMX - Fallmanagement im forensischen DNA-Labor

P. Buncak¹, U. Schmidt², B. Balitzki³

¹MacTech Buncak AG, Hausirainweg 14a, CH-4202 Duggingen

²Institut für Rechtsmedizin, Albertstr. 9, D-79104 Freiburg

³Institut für Rechtsmedizin, Pestalozzistr. 22, CH-5045 Basel

Die Labore der forensischen DNA-Analytik stellen sich heute der Herausforderung, immer mehr Spuren- und Vergleichsproben bei stets steigenden Ansprüchen an die Qualität und die Bearbeitungszeit zu bearbeiten. Dabei müssen zwingend alle Anforderungen der Akkreditierungsrichtlinien erfüllt werden. Es gilt alle Proben der Kernbereiche Spurenanalyse, Abstammungsbegutachtungen, Identifikationen und Erkennungsdienstproben gleichermaßen speditiv und trotzdem fallspezifisch zu bearbeiten.

Am IRM Basel wurde dafür eine FileMaker-gestützte Software entwickelt, die es erlaubt jede einzelne Probe vom Schreibtisch des Gutachters individuell zu lenken und jederzeit den Weg der Probe im gesamten Analyseverfahren nachzuvollziehen. Es wurden dabei sämtliche Schnittstellen zu Analysegeräten oder Pipettierrobotern berücksichtigt. Neben der Erstellung von Laborprotokollen und automatischer Übermittlung von Profilen an DNA-Datenbanken umfasst das Programm eine automatisierte Erstellung von Prüfberichten, sowie alle Funktionen des Rechnungswesens. Darüber hinaus verfügt die Datenbank über ein umfangreiches Programm zur statistischen Auswertung der Eingaben.

Die Software IRM-X kann ebenso auf unterschiedliche Arbeitsabläufe und Formen der Labororganisation wie auch auf die Gegebenheiten in anderen Ländern angepasst werden. Zusätzlich zu diesen Anpassungen wurde für das IRM in Freiburg ein Tool zum Datenimport aus GeneMapper und zur Generierung von Konsensprofilen für Spuren programmiert, das die Datenauswertung wesentlich beschleunigt.

Für alle Fälle.... Neuste Lösungen für die forensische Fallarbeit kritischer Proben

D. Müller, S. Pakulla-Dickel, C. Fischer, B. Alsdorf, F. di Pasquale, C. Starke, L. Bochmann, D. Spitznagel, A. Prochnow, M. Scherer

QIAGEN GmbH, Hilden

Problematische, fast unbrauchbare Spurenproben stellen forensische Sachverständige häufig vor große Herausforderungen. Aufgrund von geringen DNA-Mengen oder qualitativ mangelhaftem biologischen Material, z. B. durch Degradation oder hohe Hemmstoffkonzentrationen, werden vielfach nur partielle DNA-Profile erzielt. Zur sicheren und eindeutigen Genotypisierung von kritischen DNA-Spuren bietet QIAGEN optimierte Lösungen entlang des gesamten Arbeitsablaufes. So vereinfachen diverse Automationsplattformen in Kombination mit den aufeinander abgestimmten Investigator Testsystemen eine verlässliche Durchführung jedes einzelnen Workflow-Schritts, die damit die Anzahl an wiederholten Analysen reduzieren, den Arbeitsaufwand minimieren und zu einem effizienteren Arbeitsablauf im Labor führen.

Im Fokus des Vortrags stehen

A) die neusten forensisch relevanten Protokolle und Anpassungen der Automationsplattformen QIAsymphony SP/AS, die insbesondere die DNA Aufreinigung ausgehend von kritischem Spurenmaterial in höchster Qualität und Quantität ermöglichen

B) die Investigator Quantiplex Produktlinie für eine sehr schnelle, sensitive und eindeutige DNA Quantifizierung, die damit eine optimierte Korrelation zu den STR Ergebnissen liefert

C) die neue Produktfamilie Investigator Plus STR Kits, mit der qualitativ hochwertige Ergebnisse aus anspruchsvollsten forensischen Proben erzielt werden können, selbst wenn diese DNA-Degradation oder hohe Hemmstoffkonzentrationen aufweisen.

Zudem werden prozessübergreifend das PCR-Setup der Quantifizierung und STR-Analyse, sowie die Normalisierung der Proben durch das AS Modul des QIAsymphonys zuverlässig und präzise realisiert.

Anhand von Fallbeispielen wird der Nutzen und die Vorteile dieser neusten Entwicklungen und Protokolle demonstriert sowie zukünftige Kitentwicklungen vorgestellt

Ergebnisse der GEDNAP-Ringversuche 44 und 45

Carsten Hohoff, Katrin Schnöink, Bernd Brinkmann

Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster

Im Rahmen dieses Beitrags wird die Auswertung der von den GEDNAP-Teilnehmern eingereichten Ergebnisse und Originaldaten für die unterschiedlichen Module (Spurencharakterisierung, autosomale STRs, Y-STRs, X-STRs, Biostatistik und mtDNA) hinsichtlich der sechs Referenzproben, acht Spuren sowie der erstmalig versendeten Minimalspuren vorgestellt.

Ein Schwerpunkt liegt in der Darstellung von Fehlern und der Ermittlung ihrer Ursachen.

Die von der Spurenkommission festgelegten Rahmenbedingungen für die künftigen GEDNAP Ringversuche werden diskutiert.

Im Anschluss werden den Teilnehmern die individuellen Auswertungsunterlagen ausgehändigt.

13 Jahre EMPOP - Überblick und neueste Entwicklungen

Walther Parson

Institut für Gerichtliche Medizin, Medizinische Universität Innsbruck

Als die EDNAP Gruppe im Rahmen der ISFG Tagung 1999 die Notwendigkeit einer länderübergreifenden mtDNA Datenbank diskutierte war die Datenlage noch bescheiden. Forensische Institute verwendeten damals lokale mtDNA Datensätze, die im Rahmen von individuellen Studien zusammengestellt und mit Literaturdaten ergänzt wurden. In den frühen 2000 Jahren mehrten sich Hinweise auf unerträglich hohe Fehlerraten in publizierten mtDNA Studien. Unabhängige Blindtests bestätigten diese Vermutungen. In den folgenden Jahren wurden deshalb Labor- und Übertragungsprotokolle optimiert, um Lese- und Vertauschungsfehler zu vermeiden. Bestehende Datensätze wurden mit phylogenetischen Methoden auf Plausibilität geprüft und in Zusammenarbeit mit den Autoren korrigiert. Seit 2010 führt EMPOP regelmäßig die von den Herausgebern der führenden forensischen Zeitschriften geforderte Qualitätskontrolle durch, im Rahmen derer alle zur Publikation eingereichten mtDNA Studien zunächst qualitativ geprüft werden, ehe sie den unabhängigen Begutachtungen zugeführt werden.

Die referenzkodierte Notation von mtDNA Haplotypen stand im Mittelpunkt einer mehrjährigen Diskussion, die schließlich durch die Einführung einer alignierungsfreien Suchmaschine (EMPOP 2.0) gelöst wurde. Damit ist gewährleistet, dass Datenbankabfragen, unabhängig von der Alignierung der Haplotypen, immer zu korrekten Frequenzwerten führen. Die in EMPOP gespeicherten Haplotypen werden nach phylogenetischen Kriterien und nicht nach rein formalen Regeln aligniert, da somit echte Mutationen erhoben werden können, die für die Interpretation der Ergebnisse wichtig sind.

Im Oktober 2006 ging die erste Ausgabe der EMPOP Datenbank mit etwas mehr als 5.000 mtDNA Haplotypen online (www.empop.org). In seiner letzten Ausgabe (Release 9, Jänner 2013) bietet EMPOP 29.444 geprüfte Datensätze für die Frequenzabfrage an und stellt damit die derzeit größte mtDNA Datenbank für forensische Zwecke dar. Darüber hinaus wird die Datenbank laufend mit neuer Software bestückt, die den Anwendern zur Qualitätsprüfung der eigenen Daten dient und die wissenschaftliche Arbeit unterstützt.

Neue Sequenzierungstechnologien (Next Generation Sequencing) führten in den letzten Jahren zu einer überdurchschnittlich hohen Produktion an neuen mtDNA Datensätzen, vor allem an vollen mtDNA Genomsequenzen. Diese Entwicklung läßt allerdings die notwendigen Maßnahmen zur Überprüfung der Datenqualität vermissen, was zu einer relativ hohen Fehlerquote führte. Ob die neuen Sequenzierungstechnologien in der rechtsmedizinischen Fallarbeit Verwendung finden, wird von den Ergebnissen der bislang ausständigen Validierungsstudien abhängen.

Diskordanzen bei der Verwendung unterschiedlicher Multiplex-Kits

C. Augustin, B. Nittmann

Institut für Rechtsmedizin, Hamburg

Im Gegensatz zu vielen anderen Ländern haben die Labore, die DNA-Typisierungen für Polizei und Justiz in den deutschsprachigen Ländern durchführen, die Möglichkeit, Multiplex-Kits unterschiedlicher Anbieter zu verwenden. Dies hat sowohl Vor- als auch Nachteile. Bei Proben mit sehr niedrigem DNA-Gehalt ist es sicherlich von Vorteil, dass Kits zur Verfügung stehen, mit denen aufgrund differierender Primerpaare Fragmente unterschiedlicher Länge amplifiziert werden können. Ferner hilft die Verwendung verschiedener Kits scheinbare Ausschlusskonstellationen in Abstammungsgutachten zu vermeiden.

Ein Nachteil ist, dass Diskordanzen, d.h. Abweichungen in den Typisierungsergebnissen bei der Verwendung verschiedener Multiplexkits auftreten können. Dies kann praktische Probleme wie z.B. erweiterte oder ausbleibende Treffer in der Datenbank nach sich ziehen.

Diskordanzen entstehen in den meisten Fällen durch Mutationen im Bereich der Primerbindungsstellen, aber auch durch Insertionen/Deletionen in den die Repeat-Region flankierenden Bereichen der STR-Systeme.

Es werden die Diskordanzen vorgestellt, die in den letzten zwei Jahren im Institut für Rechtsmedizin in Hamburg beobachtet wurden. Betroffen waren die Systeme SE33, VWA, D16S539, D18S51, D8S1179, D21S11 und D19S433, wobei die meisten Abweichungen in dem System SE33 beobachtet wurden. Diese betrafen in erster Linie Personen schwarz-afrikanischer Herkunft.

Die neuen Empfehlungen der ISFG DNA-Kommission zur Bewertung von STR-Befunden unter Berücksichtigung von möglichen Drop-out und Drop-in Ereignissen

P. M. Schneider

Institut für Rechtsmedizin, Medizinische Fakultät, Universität Köln

Die DNA-Kommission der ISFG hat unlängst neue wissenschaftliche Empfehlungen zur biostatistischen Bewertung von STR-Befunden publiziert (Gill et al., *Forensic Sci. Int. Genetics* 2012, 6, 679-688). Ausgehend von den früheren Empfehlungen zur Interpretation von Mischspuren (Gill et al., *Forensic Sci. Int.* 2006, 160, 90-101), in denen der Likelihoodquotient (LQ) als grundlegender Ansatz zur Auswertung gemischter DNA-Profile beschrieben wurde, wird nunmehr auf die besondere Situation des Auftretens von "allelic drop-out" und "allelic drop-in" eingegangen. Es wird beispielhaft ein Ansatz beschrieben, wie der LQ für eine Ein-Personen-Spur mit einem Drop-out und einem Drop-in Ereignis unter Anwendung probabilistischer Methoden berechnet werden kann.

Ergebnisse eines Ringversuches der Spurenkommission zur Bestimmung der Häufigkeit des Auftretens von "allelic drop-out" und "drop-in" bei STR-Analysen von minimalen DNA-Mengen

R. Fimmers¹, H. Lorenzen¹, P. M. Schneider² und die Mitglieder der gemeinsamen Spurenkommission der rechtsmedizinischen und kriminaltechnischen Institute (www.gednap.de)

¹Institut für Medizinische Biometrie, Informatik und Epidemiologie Universität Bonn

²Institut für Rechtsmedizin, Medizinische Fakultät, Universität Köln

Durch die immer weiter verbesserte Sensitivität der kommerziell verfügbaren STR-Typisierungskits werden immer mehr Tatortspuren mit minimalen DNA-Mengen – i.d.R. weniger als 150-200 pg pro PCR-Ansatz – einer Analyse unterzogen. Dies hat zwangsläufig das Auftreten von stochastischen Prozessen in der PCR zur Folge, d.h. es kommt zu nicht vorhersehbaren "allelic drop-out" und "drop-in" Ereignissen. Um eine Grundlage zu schaffen, derartige Ereignisse in die biostatistische Bewertung von Minimalspuren einbeziehen zu können, ist zunächst eine Abschätzung der Wahrscheinlichkeit des Eintretens von "allelic drop-out" und "drop-in" erforderlich. Die Spurenkommission hat daher in zwei großen internen Ringversuchen eine Serie von Experimenten zur STR-Analyse minimaler DNA-Mengen im Bereich von 150 bis 5 pg durchgeführt, die zum Verständnis der Häufigkeit des Auftretens dieser stochastischen Prozesse beitragen sollen. Die erhobenen Daten gestatten zudem einen Vergleich unterschiedlicher Laborbedingungen bei gleichzeitig maximaler Standardisierung, da in den beteiligten Laboren sowohl STR-Kits von zwei Herstellern als auch zwei unterschiedliche Analysegeräte eingesetzt wurden. Über die Auswertungen dieser Ringversuchsdaten wird berichtet.

Die Wichtigkeit der Trocknungsgeschwindigkeit für die Konservierung von DNA

A. Garvin¹, R. Holzinger¹, F. Berner², W. Krebs², B. Hostettler³, E. Lardi³, C. Hertli³, R. Quartermaine³, C. Stamm³

¹Confarma France SARL, Hombourg, Frankreich

²ZHAW Zurich University of Applied Sciences, Institute of Chemistry and Biological Chemistry, Wädenswil, Schweiz

³Prionics AG, Schlieren, Schweiz

Eine gute Analyse beginnt mit gutem Probenmaterial. Tatorte sind keine sterile Umgebung und daher werden forensische Proben die mit Tupfern genommen werden unweigerlich mit Mikroben, Pilzen usw. kontaminiert.

Diese Mikroben wachsen auf dem Tupfer und zerstören dabei die aufgenommene DNA. Dies kann dazu führen, dass vom Zeitpunkt der Probenahme bis zur Analyse im Labor die Probe unbrauchbar wird.

Der Einfluss der Trocknungsgeschwindigkeit zweier handelsüblicher forensischer Tupfer und den dazu gehörigen Trocknungs/Lagerungs-Röhrchen, auf die Konservierung von DNA für die Analyse und Profilerstellung, wurde untersucht.

Dazu wurden Tupfer mit 100µL humanem Speichel versetzt und bei 25°C und einer relativen Luftfeuchtigkeit von 60% für 14 Tage gelagert. Tupfer die in Röhrchen mit schneller Trocknungsgeschwindigkeit gelagert wurden erreichten eine Wiederfindungsrate von nahe zu 100% DNA, verglichen mit Speichel, der als Kontrolle im Eppendorf-Röhrchen eingefroren gelagert wurde. Röhrchen mit langsamerer Trocknungsgeschwindigkeit erreichten nur eine Wiederfindungsrate von ca. 12%. Die Resultate zeigen eindrücklich, dass geeignete DNA Probenahme-Werkzeuge entscheidend für die Konservierung von forensischen Proben mit DNA sind.

Der Europäische Kaukasier – Clustern von autosomalen Allelfrequenzen

F. Götz

Qualitytype GmbH, Dresden

Im Zuge forensischer und biostatistischer Analysen tauchen Fragen nach der Einteilung von autosomalen Allelfrequenzen innerhalb des europäischen Gebietes auf. Ist es möglich die Allelfrequenzen bestimmter europäischer Länder auf Grund ihrer hohen Ähnlichkeit zusammenzufassen? Wäre es denkbar biostatistische Analysen allgemein oder bei Unkenntnis der Herkunft einer Person mit einheitlichen Allelfrequenzen eines europäischen Kaukasiers durchzuführen? Welche Rolle spielen dabei der Stichprobenumfang, seltene Allele und die Güte einer Studie? Wie groß sind die Abweichungen bei zusammengefassten Allelfrequenzen? Um diese Fragen zu beantworten haben wir verschiedene Clusterverfahren auf die Daten unserer Allelfrequenz-Datenbank angewandt, neue Allelfrequenzen durch Mittelwertbildung und Gewichtung bezüglich der Populationszahlen ermittelt, sowie Berechnungen mit den höchsten europäischen Allelfrequenzen der entsprechenden Marker durchgeführt. Die Ergebnisse und bemerkenswerte Effekte im Zusammenhang mit diesem Vorgehen werden im Vortrag ausführlich erläutert.

Fortschritte in der Sequenzierung alter Genome

M. Meyer

Evolutionäre Genetik, Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie, Leipzig

Der Vortrag wird die Fortschritte der vergangenen Jahre im Bereich der Sequenzierung von Genomen ausgestorbener Menschformen vorstellen. Im Mittelpunkt steht dabei das Genom des Denisova-Menschen, einem ausgestorbenen Verwandten des Neandertalers, dessen Existenz lediglich durch wenige Funde aus der Denisova-Höhle in Südsibirien belegt ist. Durch die Entwicklung neuer Methoden konnte das Denisova-Genom zu durchschnittlich 30-facher Abdeckung sequenziert werden und liegt somit in einer Qualität vor, die mit der von Genomen moderner Menschen vergleichbar ist. Diese Daten eröffnen neue analytische Möglichkeiten, zum Beispiel die Bestimmung der genetischen Diversität von Denisova-Menschen oder die Abschätzung des Alters des Fossils basierend auf DNA-Sequenzdaten.

Molekulargenetische Typisierungen von Skeletten zur Überprüfung archäologischer Thesen zu zwei Kirchenfunden aus Deutschland

P. v. Grumbkow, L. Georges, J. Mazanec, S. Hummel

Historische Anthropologie und Humanökologie, Universität Göttingen

Die Typisierung von menschlichem Skelettmaterial ist trotz aller Fortschritte in den letzten Jahren noch immer ein aufwendiger Prozess. Dabei stellen Degradierungsphänomene und das hohe Kontaminationsrisiko die größten Hürden für eine erfolgreiche Analyse dar. Spezielle Verfahren und angepasste Kits sowie strenge Maßnahmen zur Senkung des Kontaminationsrisikos sind daher essentiell.

Dass sich der Aufwand auch im nicht-forensischen Kontext dennoch lohnt, zeigen zwei archäologische Beispiele von Kirchenbestattungen aus Deutschland. In der St. Michaelis Kirche in Gammertingen, Baden Württemberg, wurden insgesamt acht Skelette gefunden, die etwa auf das Jahr 1000 n. Chr. datiert worden. In Ibbenbüren, Nordrhein-Westfalen, wurden vier Skelette aus der Barockzeit in der Evangelischen Christuskirche freigelegt. In beiden Fällen wurde eine Familienstruktur postuliert.

Durch Typisierung von autosomalen und Y-STRs sowie mitochondrialer DNA konnte gezeigt werden, dass nur in einem Fall das postulierte Szenario zutrifft. Im anderen Fall konnte keine direkte Verwandtschaft nachgewiesen werden, was die archäologischen Thesen verwarf und eine Neuinterpretation erfordert.

Beide Male wurden durch die genetischen Analysen umfangreiche Erkenntnisse gewonnen, die ermöglichten, die Thesen konkret zu verifizieren bzw. falsifizieren.

Nachweis von DNA in Regurgitaten und Faeces forensisch relevanter Schmeißfliegenarten

G. Kulstein^{1,2}, J. Amendt², R. Zehner²

¹Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Ulm

²Institut für Rechtsmedizin, Klinikum der Goethe Universität, Frankfurt am Main

Schmeißfliegen (*Diptera: Calliphoridae*) können bereits kurz nach dem Tod eines Individuums mit der Leiche assoziiert sein. Körperöffnungen und blutige Wunden eignen sich dabei besonders für die Eiablage und stellen gleichzeitig protein- und nährstoffreiche Nahrungsquellen für die Fliegen dar.

Nach der Nahrungsaufnahme hinterlassen adulte Schmeißfliegen Artefakte, die anhand ihres Entstehungsmechanismus in zwei verschiedene Typen unterteilt werden können. Unmittelbar nach der Aufnahme von Nährflüssigkeit entstehen durch das portionierte Wiederhinaufwürgen durch den stempelartig ausgebildeten Mundapparat runde und symmetrische Abdrücke – Regurgitate genannt. Die zweite Art von Artefakten stellen Faeces dar. Fliegenartefakte weisen in ihrer Form Ähnlichkeit mit Blutspritzern auf und können unter Umständen an Tatorten fälschlicherweise als Spuren interpretiert werden und so zur Erschwerung der Tatortrekonstruktion beitragen.

Bei Tatortszenerarien bei denen die Leiche entfernt wurde oder bei denen auf Grund von Spurenbeseitigung kein anderes biologisches Material zur Verfügung steht, können Fliegenartefakte als alternative Spurenquellen herangezogen werden. Sie können (humane) DNA aus der aufgenommenen Nahrung beinhalten und so zur Identifizierung von tatortrelevanten Personen beitragen.

Die vorliegende Untersuchung soll repräsentativ für die Schmeißfliegenart *Calliphora vicina* zeigen, ob aus Fliegenartefakten typisierbare DNA extrahiert werden kann. Die Versuchsreihe umfasst über 500 verschiedene Abriebe von Artefakten, die nach Fütterung der Fliegen mit frischem und degradiertem Schweineblut sowie Verwesungsflüssigkeit entstanden. Die Analyse erfolgte mit dem porcinen Mikrosatelliten-Marker sw24.

Die Auswirkungen verschiedener Faktoren auf den Typisierungserfolg der Fliegenartefakte wurden durch die Modifizierung der Versuchsparameter überprüft. Dazu wurde die Art der angebotenen Nahrungsquelle (Verwesungsflüssigkeit und Blut) und ebenfalls der Zustand dieser Nahrungsquelle (frisch oder degradiert) abgewandelt. Auch das Intervall zwischen Deposition und der Entnahme der Abriebe, sowie die Unterlagen, auf denen die Generierung der Artefakte erfolgte, wurden variiert.

Die Resultate zeigen, dass sowohl aus Regurgitaten als auch aus Faeces, die aus frischem und aus degradiertem Material generiert wurden, DNA extrahiert und analysiert werden kann. Der DNA-Nachweis gelang bis zu 300 Tage nach der Deposition der Artefakte.

Durch *Calliphora vicina* produzierte Fliegenartefakte stellen also an Tatorten, an denen kein anderes Spurenmaterial mehr zur Verfügung steht, eine mögliche alternative Spurenquelle dar.

Mail: galina.kulstein@uniklinik-ulm.de

Latente Blutspuren! Handsprühflasche vs. CSAIR Kompressor

S. Kaspari

coloprint GmbH, Düsseldorf

Die Komplexität des Themas Visualisierung latenter Blutspuren, die wir in 2012 bereits aufgegriffen haben, ist immer noch allgegenwärtig. „Das Ende von Luminol?!“ war unser Thema im letzten Jahr. Hier ging es im Wesentlichen darum, eine möglichst DNA-schonende Blutspurenfahndungslösung LumiScene vorzustellen und mit anderen, bis dahin bekannten und angewendeten Mitteln und Methoden zu vergleichen.

Aufgrund der Vorteile die nach Versuchen, Testphasen und Anwendungen bei aktuellen Fällen, seitens der Dienststellen, bestätigt wurden hat in vielen Bundesländern bereits ein Umdenken stattgefunden. So arbeiten heute viele zufriedene Anwender erfolgreich mit LumiScene.

Da aber nicht nur der Inhalt einer Blutspurensuchlösung einer möglichen DNA schaden kann sondern auch die aufgebrauchte Menge, ist die Wahl der richtigen Sprühmethode ebenfalls entscheidend und trägt maßgeblich zum Erfolg oder Misserfolg bei.

Der nächste Schritt liegt daher nahe und ein Umdenken lohnt sich auch hier. Anhand von verschiedenen Beispielen und Aufnahmen mit einer High-Speed-Kamera wollen wir Ihnen Vor- und Nachteile verschiedenster Sprühsysteme aufzeigen.

Samplotype i-sep® Extraktionssysteme – Effiziente Probenaufbereitung zur Gewinnung partikelfreier DNA-Lysate in der Gerichtsmedizin

Dr. Helge Schnerr

Biotype Diagnostic GmbH, Dresden

Die Wichtigkeit zur Verbesserung der Qualität und Quantität isolierter DNA aus forensischem Material ist unstrittig. Dabei bildet die Extraktion der genomischen DNA den ersten Schritt, der neben der Auswahl des Spurenmaterials maßgeblich den Erfolg der gesamten Testung bestimmt. Nach Zerstörung der Zellstruktur muss die freigesetzte DNA von den unlöslichen Zellbestandteilen und dem Spurenträger abgetrennt werden, um die DNA weiter aufzureinigen. Die Effizienz der Probenpräparation und die Ausbeute an isolierter DNA lassen sich dadurch optimieren, dass das DNA-Lysat quantitativ gewonnen wird und die manuellen Arbeitsschritte auf ein Minimum reduziert werden. Dies gilt für Standardproben in der Routine ebenso wie für schwierige Proben, z.B. Mischspuren nach Sexualdelikten.

Die vorgestellten Extraktionssysteme zur Isolierung von Nukleinsäuren beruhen auf einem neuentwickelten Konzept, welches die Inkubation mit anschließender Abtrennung der flüssigen Reaktionsprodukte vom Probenträger in einem Reaktionsgefäß ermöglicht. Die Beschaffenheit der jeweiligen Membran erlaubt entweder die einmalige Abtrennung einer Flüssigkeit oder die schrittweise Abtrennung mehrerer Flüssigkeiten; eine wichtige Voraussetzung für die Durchführung der differenziellen Lyse, aber auch der DNA-Gewinnung aus Paraffinproben (FFPE-Material: formalin-fixed, paraffin-embedded). Die Probenpräparation erfolgt dabei in einem geschlossenen System ohne den Transfer des Spurenträgers, ohne zusätzliche Pipettierschritte, ohne Verwechslungsgefahr, aber mit hoher Arbeitssicherheit.

Die präsentierten Ergebnisse zeigen die schnelle und einfache sequentielle Präparation von DNA aus Mischproben, eine zeitsparende DNA-Präparationsmethode aus Paraffinproben und eine Schnellmethode für die DNA-Gewinnung aus Blutspuren für den direkten Einsatz in der DNA-Amplifikation

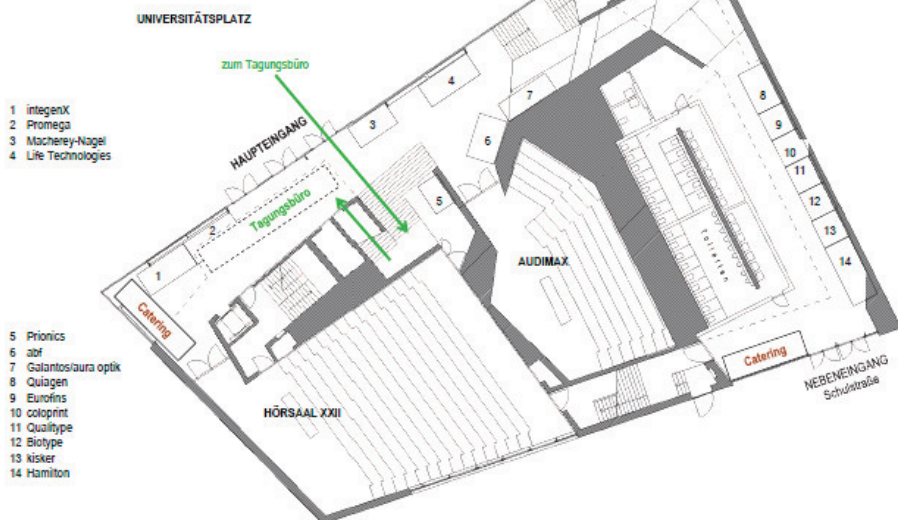
33. Spurenworkshop Halle (Saale)

22.-23. Februar 2013

AUDITORIUM MAXIMUM (AUDIMAX)

Begleitende Industrieausstellung - Skizze

EG



33. Spurenworkshop Halle (Saale)

22.-23. Februar 2013

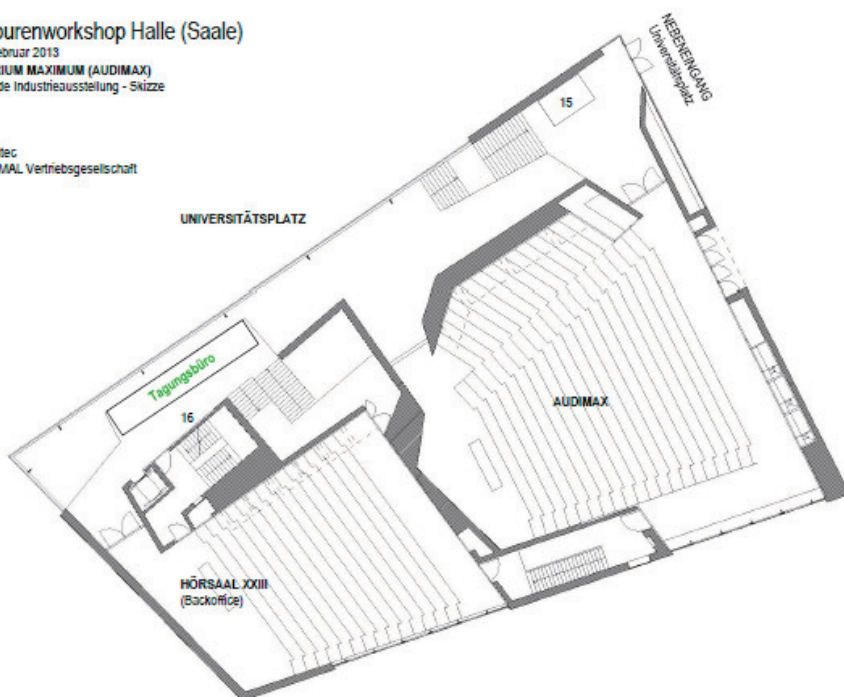
AUDITORIUM MAXIMUM (AUDIMAX)

Begleitende Industrieausstellung - Skizze

1. OG

15 Lumatec

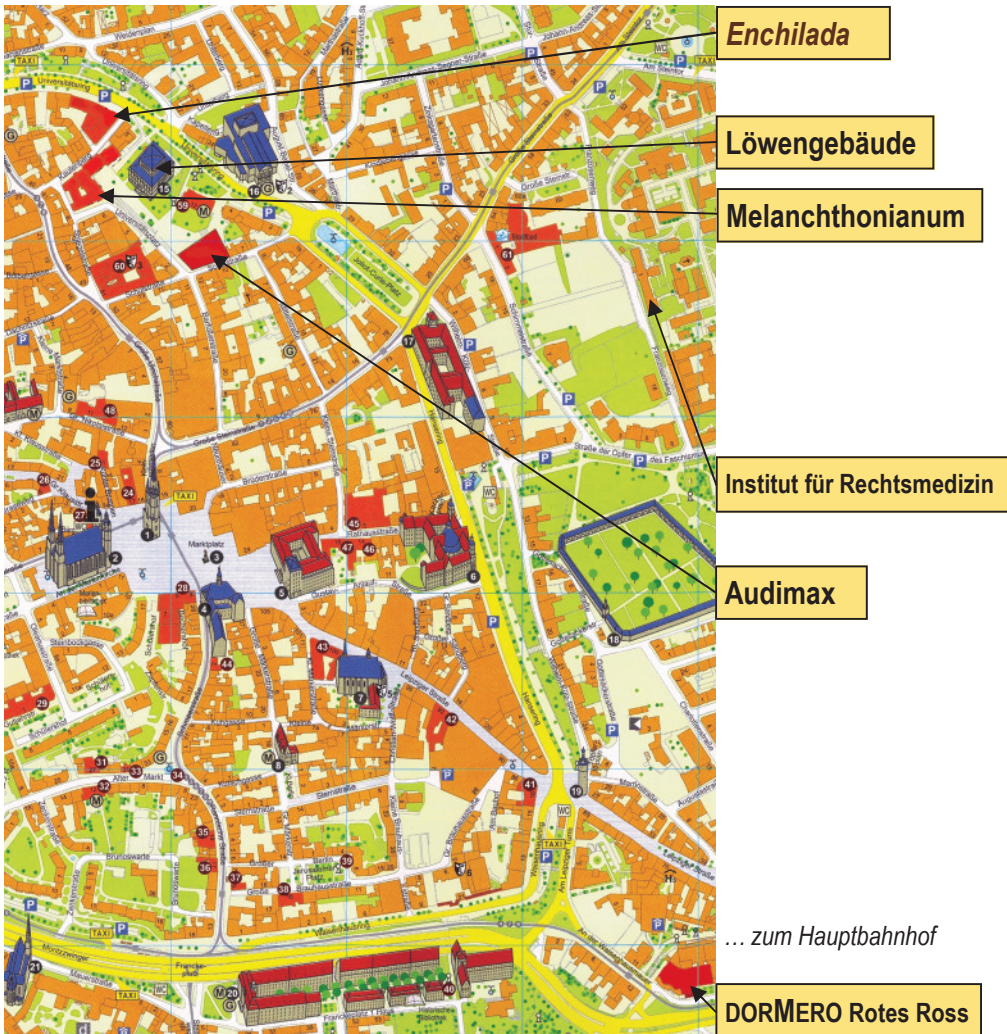
16 OPTIMAL Vertriebsgesellschaft



Die Veranstaltungsorte:

- "Warm Up" - geselliger Abend im *Enchilada* für Selbstzahler (Universitätsring 6)
Anwendertreffen und Hands-on-Kurse - Melanchthoniumum (Universitätsplatz 8/9)
und Löwengebäude (Universitätsplatz 11)
33. Spurenworkshop - Auditorium Maximum (Audimax) - (Universitätsplatz 1)
Abendveranstaltung - DORMERO Rotes Ross (Frankckstraße 1/Leipziger Straße 76)

Das Audimax, Melanchthoniumum, Löwengebäude und das Enchilada liegen eng beieinander.
Die Distanz vom Hauptbahnhof bis zum Audimax meistern Sie zu Fuß in etwa 20 Minuten.
Vom Audimax zum DORMERO benötigen Sie ca. 15 Minuten.



Halle (Saale)

Das Zentrum der Stadt Halle bildet der Markt-
platz mit der Marktkirche, dem Händel-Denkmal
und dem Roten Turm mit seinem schönen
Glockenspiel mit 76 Glocken.

Um sich auf Georg Friedrich Händels Spuren
zu begeben, geht man zum Beispiel in sein
Geburtshaus oder in den Dom. An folgenden
Highlights sollten Sie aber wirklich nicht achtlos
vorüber gehen:



- Leopoldina - Nationale Akademie der Wissenschaften
- August Hermann Francke Stiftung
- Stiftung Moritzburg Kunstmuseum
- Landesmuseum für Vorgeschichte - Himmelscheibe von Nebra
- Stadtgottesacker - Friedhof im Stil italienischer Campo Santi
- Halloren- und Salinen-Museum und der Silberschatz
- Freilichtmuseum Burg Giebichenstein
- Kneipenmeilen finden Sie in der Kleinen Ulrichstraße, der Sternstraße, am
Universitätsring oder nahe der Giebichenstein im „Bermudadreieck“

Ansprechpartner vor Ort



RIEGGER - KONGRESSMANAGEMENT

Im Grün 4
D-79252 Stegen b. Freiburg

Öffnungszeiten Kongressbüro:

Freitag, 22.02.2013 11 - 18:30 Uhr

Samstag, 23.02.2013 8:30 - 14:30 Uhr

Telefon: +49 (0)7661/99 0 37

Mobil: +49 (0)160/552 552 0

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



Universitätsklinikum
Halle (Saale)

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
Medizinische Fakultät
Institut für Rechtsmedizin

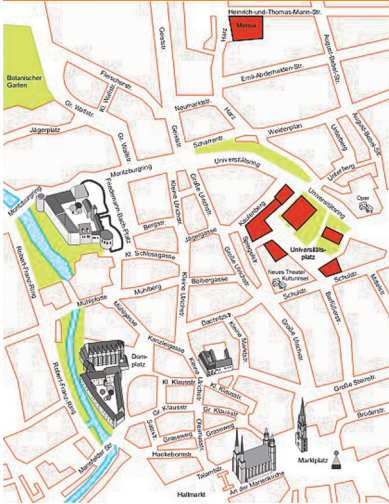
Franzosenweg 1

06097 Halle (Saale)

Telefon: +49(0)345/557-1768

rechtsmedizin@uk-halle.de

Herzlich willkommen in Halle (Saale)



Martin-Luther-Universität
Universitätsplatz
06099 Halle (Saale)

33. Spurenworkshop:
Auditorium Maximum
(Audimax)



- 1 Audimax
- 2 Robertinum
- 3 Löwengebäude
- 4 Thomasianum
- 5 Melanchthonianum
- 6 Juridicum

Usermeetings und Workshops:

Melanchthonianum und
Löwengebäude

Warm-Up: *Enchilada*

Abendveranstaltung:

DORMERO Rotes Ross

Ausführliche Adressen der Veranstaltungen finden Sie auf Seite 30.

Vielen Dank für Ihre Unterstützung:



Forensik



abf diagnostics GmbH

aura optic GmbH

coloprint GmbH

Galantos Genetics GmbH

KISKER BIOTECH GmbH & Co. KG

MACHEREY-NAGEL GmbH & Co. KG

OPTIMAL Vertriebsgesellschaft mbH

Promega GmbH

Qualitytype AG

Sarstedt AG & Co.