



UNIVERSITÄT  
DUISBURG  
ESSEN

*Offen im Denken*

Institut für Rechtsmedizin  
des Universitätsklinikums Essen



# 36. SPURENWORKSHOP

*in Verbindung mit der*

**Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin**

*sowie der*

**Spurenkommission**

der gemeinsamen Kommission

rechtsmedizinischer und kriminaltechnischer Institute

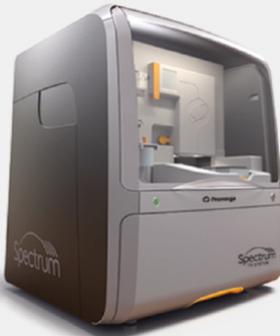


Essen, 18.-20. Februar 2016

[www.spurenworkshop.de](http://www.spurenworkshop.de)



## A new CE is on the way.



We are excited to announce the Spectrum CE System -  
a new choice for forensic and paternity labs.  
Arriving 2016.



### Join the Spectrum Community.

[www.promega.de/spectrum](http://www.promega.de/spectrum)

### Ansprechpartner vor Ort:



**RIEGGER - KONGRESSMANAGEMENT**

Im Grün 4  
D-79252 Stegen b. Freiburg  
Telefon: +49 (0)7661/99 0 37  
Mobil: +49 (0)160/552 552 0  
[riegger@r-km.de](mailto:riegger@r-km.de), [www.r-km.de](http://www.r-km.de)

### Öffnungszeiten Kongressbüro:

Freitag, 19.02.2016 11 - 18:30 Uhr  
Samstag, 20.02.2016 8:30 - 14:30 Uhr



UNIVERSITÄT  
DUISBURG  
ESSEN

*Offen im Denken*

### Institut für Rechtsmedizin Essen

Hufelandstraße 55  
45147 Essen

Telefon 0201/723-3600

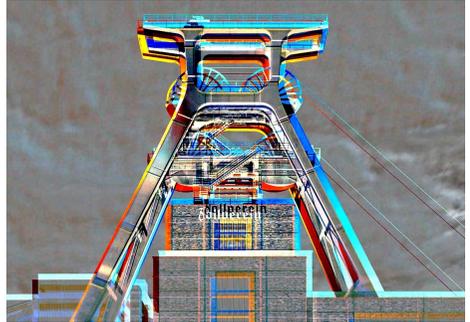
-3601 oder -3623

[rechtsmedizin@uk-essen.de](mailto:rechtsmedizin@uk-essen.de)

[www.uk-essen.de/rechtsmedizin](http://www.uk-essen.de/rechtsmedizin)

Liebe Kolleginnen und Kollegen,

anlässlich des 36. Spurenworkshops der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin und der gemeinsamen Spurenkommission der rechtsmedizinischen und kriminaltechnischen Institute begrüßen wir Sie herzlich in Essen.



Da die Hörsaalkapazitäten am Universitätsklinikum nicht ausreichen, sind wir mit dieser Veranstaltung Gäste der Universität Duisburg-Essen, so treffen wir uns auf dem Universitätscampus in Essen. Am Donnerstag und Freitag finden die Anwenderseminare und der Statistik-Workshop im Hörsaalgebäude auf dem Universitätscampus in Essen statt. Zum eigentlichen Spurenworkshop mit seinen wissenschaftlichen Vorträgen, der Analyse der Ringversuche und seiner begleitenden Industrieausstellung treffen wir uns nur wenige Schritte entfernt im Auditorium Maximum der Universität.

Selbstverständlich können Sie sich wie auch in den vergangenen Jahren auf das Rahmenprogramm freuen. Beim traditionellen „Get together“ am Abend des 18.02.2016 in der Gaststätte Sausalitos und auch beim Gesellschaftsabend am 19.02.2016 in den Weststadthallen werden Sie Gelegenheit haben, sich zu beruflichen oder auch privaten Themen auszutauschen, alte Freundschaften zu pflegen oder neue zu knüpfen.

Die Weststadthalle ist ein Teil des ehemaligen Krupp'schen Stahlwerkes und bietet heute zahlreichen wissenschaftlichen und kulturellen Veranstaltungen mit ihrer Industriearchitektur einen interessanten Veranstaltungsort.

Die Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter des Essener Instituts für Rechtsmedizin freuen sich auf Ihren Besuch.

Prof. Dr. rer. nat. Micaela Poetsch

Prof. Dr. med. Thomas Bajanowski

# Anwendertreffen 2016

Donnerstag, 18.02.2016



## Forensische Biostatistik

eine Fortbildungsveranstaltung der Spurenkommission

9:30 - 11:00 und 11:20 - 13:00 Uhr

Hörsaal S05 T00 B83 (Teilnahmegebühr: 55 EUR / Person)



## Forensic DNA Technology

14:00 - 17:30 Uhr

Hörsaal S05 T00 B32

Kontakt: [Kathleen.Polten@LifeTech.com](mailto:Kathleen.Polten@LifeTech.com)

13:00 - 18:00 Uhr

## Sitzung der Spurenkommission

Institut für Rechtsmedizin Essen

Freitag, 19.02.2016



## User Meeting

9:00 - 12:00 Uhr

Hörsaal S05 T00 B32

Kontakt: [Nicole.Siffing@Promega.com](mailto:Nicole.Siffing@Promega.com)



## Brunch-Seminar

9:00 - 12:00 Uhr

Hörsaal S05 T00 B71

Kontakt: [Anke.Prochnow@qiagen.com](mailto:Anke.Prochnow@qiagen.com)



## User Meeting

9:00 - 12:00 Uhr

Hörsaal S05 T00 B83

Kontakt: [PValk@illumina.com](mailto:PValk@illumina.com)



## User Meeting

9:00 - 12:00 Uhr

Seminarraum S05 R03 H20

Kontakt: [Ulrike.Schacker@galantos.de](mailto:Ulrike.Schacker@galantos.de)



## Einführung in probabilistische Verfahren

9:00 - 13:00 Uhr

Seminarraum S05 R03 B94 (Gebühr 70 EUR / Person)

Kontakt: [uta.immel@uk-halle.de](mailto:uta.immel@uk-halle.de)

	<b>Freitag, 19.02.2016</b>	
08:00-12:00 Uhr	<b>Sitzung der Spurenkommission</b> Institut für Rechtsmedizin Essen	
<b>Zeit</b>	<b>Grußworte</b>	Auditorium Maximum
14:00 Uhr	<p>Prof. Dr. med. T. Bajanowski <i>Direktor des Instituts für Rechtsmedizin Essen und Präsident der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin</i></p> <p>OStA W. Müggendorf <i>Leitender Oberstaatsanwalt der StA Essen</i></p> <p>Prof. Dr. med. J. Buer <i>Dekan der Medizinischen Fakultät der Universität Duisburg-Essen</i></p> <p>Prof. Dr. rer. nat. P. Schneider <i>Vorsitzender der Spurenkommission der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin</i></p>	
	<b>Wissenschaftliches Programm</b>	
	<b>Vorsitz:</b> Uta Immel und Sabine Lutz-Bonengel	
14:30 Uhr	<p>Massively Parallel Sequencing of forensic STRs: Considerations of the DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG) on minimal nomenclature requirements <i>W. Parson, D. Ballard, B. Budowle, J. Butler, D. Hares, K. Gettings, P. Gill, L. Gusmão, J. Irwin, J. King, P. de Knijff, N. Morling, M. Prinz, P. M. Schneider, C. Van Neste, S. Willuweit, C. Phillips</i></p>	
15:00 Uhr	<p>Altersbestimmung eines Individuums auf Basis der DNA Methylierung und Nutzung des Random Forest Regressionsmodells <i>J. Naue, L. Rijlaarsdam-Hoekstra, H. Hoesloot, A. Kloosterman, P. Verschure (Amsterdam, Den Haag)</i></p>	
15:10 Uhr	<p>Tissue-Specific-Methylation-Pattern in der Fallarbeit <i>J. Teschner, P. Otremba, M. Nagy (Berlin)</i></p>	
15:20 Uhr	<p>Vier für fünf: miRNA-basierte Identifizierung fünf forensisch relevanter Körperflüssigkeiten auf Grundlage empirischer qPCR-Daten-Normalisierung <i>E. Sauer, A.-K. Reinke, C. Courts (Kiel, Bonn)</i></p>	
15:30 Uhr	<b>Kaffeepause</b>	

**Freitag, 19.02.2016**

Zeit	Vorträge
	<b>Vorsitz:</b> Cornelius Courts und Marielle Vennemann
16:00 Uhr	Analyse degradierter Routineproben mit Power Quant™ Kit von Promega <i>U.-D. Immel, C. Proff, R. Lessig (Halle, Wiesbaden)</i>
16:10 Uhr	Diskordanz im Penta E: ein strangspezifisches Offladder-Allel <i>H. Felske-Zech, C. Gruber, F. Heidorn (Gießen)</i>
16:20 Uhr	Diagnosestellung des Ertrinkens mittels Real-time PCR - erste Ergebnisse unter Einschluss von Fäulnisleichen bei Verwendung von <i>Aeromonas</i> - bzw. Diatomeen- Zielsequenzen <i>M.J. Schwerer, M. Graw, O. Peschel (Fürstfeldbruck, München)</i>
16:30 Uhr	Molekulargenetische Untersuchungen von Biss- und Rissverletzungen bei Wild- und Nutztieren <i>N. von Wurmb-Schwark, J.-H. Modrow, A. Hoffmann, T. Schwark (Hamburg, Graz)</i>
16:40 Uhr	Vergleichende Untersuchung fäulnisveränderter post-mortem Proben mittels „Rapid DNA“ und konventioneller Analyse <i>C. Proff, S. Witt, R. Lessig, U.-D. Immel, I. Bastisch (Wiesbaden, Hamburg, Halle)</i>
16:50 Uhr	Spectrum CE System: Das neue 8 Farben-Kapillarelektrophorese-Instrument für die STR-Analyse <i>B. Loffeld (Mannheim)</i>
17-18:30 Uhr	<b>Ergebnisse der GEDNAP-Ringversuche 50 und 51</b> <u>Carsten Hohoff</u> , Katrin Schnöink, Bernd Brinkmann Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster
<b>19:30 Uhr</b> (Einlass 19:00 Uhr)	<b>Abendveranstaltung in der Weststadthalle Essen</b>

**Samstag, 20.02.2016**

Zeit	Vorträge	Auditorium Maximum
	<b>Vorsitz:</b> Jeanett Edelmann und Katja Anslinger	
09:30 Uhr	Reproduzierbarkeit von experimentellem Backspatter im Waffenlauf <i>C. Schyma, J. Brünig, M. Grabmüller, C. Courts (Bern, Bonn)</i>	
09:40 Uhr	Wie weit spritzt es? – Zur Auswirkung von Schussdistanz und Waffentyp auf die simultane Analyse von DNA und RNA aus Backspatter <i>M. Grabmüller, P. Cachée, C. Courts (Bonn, Kiel)</i>	
09:50 Uhr	RNA/DNA Ko-Analyse an gealterten Spurensicherungsfolien von Händen der Opfer tödlicher Schussverletzungen <i>M. Grabmüller, C. Schyma, T. Eichhorst, C. Courts (Bonn, Bern, Kiel)</i>	
10:00 Uhr	Backspatter - Biologische Spuren in Waffenläufen - der neue GunSwab C1 <i>P. Cachee (Düsseldorf)</i>	
10:10 Uhr	Hautkontaktsuren und 10 Jahre Spurencharakterisierung <i>U. Schacker, C. Schneider (Mainz)</i>	
10:20 Uhr	Kontamination von biologischem Spurenmaterial – Zahlen und Fakten aus 15 Jahren <i>I. Pickrahn, G. Kreindl, E. Müller, B. Dunkelmann, W. Zahrer, J. Cemper-Kiesslich, F. Neuhuber (Salzburg)</i>	
10:30 Uhr	Anwendung der hochauflösenden Schmelzkurvenanalyse (HRM) zur Identifizierung forensisch relevanter Fliegenarten ( <i>Brachycera</i> ) <i>A. Geiß, B.K. Zajac, J. Amendt, M.A. Verhoff, R. Zehner (Frankfurt am Main)</i>	
10:40 Uhr	Zigarettenrauch und der plötzliche Säuglingstod: Veränderungen im Methylierungsmuster des Gens <i>GF11</i> <i>K. Schwender, H. Holtkötter, K. Schulze Johann, M. Schürenkamp, U. Sibbing, H. Pfeiffer, M. Vennemann (Münster)</i>	
10.50 Uhr	Massive Parallel Sequencing – nützliches Werkzeug für die forensische DNA-Analyse <i>G. Weichhold, P. Habermeier, T. Simon, A. Kruger (Darmstadt)</i>	
11:00 Uhr	<b>Kaffeepause</b>	

**Samstag, 20.02.2016**

Zeit	Vorträge
	<b>Vorsitz:</b> Nicole von Wurmb-Schwark und Richard Zehner
11:45 Uhr	Validierung einer kombinierten autosomalen / Y-chromosomalen STR- Analyse zur Typisierung biologischer Spuren bei Sexualstraftaten <i>J. Purps, M. Geppert, M. Nagy, L. Roewer (Berlin)</i>
11:55 Uhr	Autosomal versus Y-chromosomal: Doppelt hält besser! <i>B. Dunkelmann, E. Müller, G. Kreindl, I. Pickrahn, W. Zahrer, J. Cemper-Kiesslich, F. Neuhuber (Salzburg)</i>
12:05 Uhr	Next Generation Sequencing zur Untersuchung von Mutationen des mitochondrialen Genoms <i>B. Rolf, K. Koop, M. Eduardoff, C. Strob, W. Parson (Ebersberg, Innsbruck)</i>
12:15 Uhr	<i>This cell has a crime story to tell!</i> - Sortierung von Einzel-Zellen aus Mischgeweben auf der Basis von Semikonduktor-Technologie zur Auflösung genetischer Mischprofile <i>H.P. Arnold, Fontana, C. Rapone, G. Bregola, R. Aversa, R. Lanzellotto, G. Medoro, N. Manaresi, P. Vittorioso, A. Berti (Rom)</i>
12:25 Uhr	Smart Police – Smart Lab <i>F. Götz (Dresden)</i>
12:35 Uhr	Technologien und Anwendungen 2016 - was kommt, was bleibt, was ändert sich? <i>A. Prochnow, M. Bussmann, M. Scherer (Hilden)</i>
12:45 Uhr	Entwicklung und Validierung eines Targeted Next Generation Sequenzierungs-Amplicon-Panels für die Forensische Genanalyse <i>O. Goldenberg, E. Guzman, J. Varlaro, K. Stephens, C.L. Holt (München)</i>
12:55 Uhr	<b>Schlussworte</b>
13.10 Uhr	<b>Abschiedsimbiss</b>

## **Massively Parallel Sequencing of forensic STRs: Considerations of the DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG) on minimal nomenclature requirements**

Walther Parson\*, David Ballard, Bruce Budowle, John Butler, Douglas Hares, Katherine Gettings, Peter Gill, Leonor Gusmão, Jodi Irwin, Jonathan King, Peter de Knijff, Niels Morling, Mechthild Prinz, Peter M. Schneider, Christophe Van Neste, Sascha Willuweit, Christopher Phillips

The DNA commission of the International Society of Forensic Genetics (ISFG) is reviewing factors that need to be considered ahead of the adoption by the forensic community to sequence short tandem repeat (STR) markers by massively parallel sequencing (MPS) technologies. MPS produces sequence data that provide a much more detailed description of the repeat allele structure of an STR and variants that may reside in the flanking areas of the repeat region. When an STR contains a complex arrangement of repeat motifs the level of genetic polymorphism revealed by the sequence data can increase substantially. Therefore, there is a pressing need to produce an agreed framework for describing complex sequences that enable comparison with currently used repeat allele nomenclature derived from conventional capillary electrophoresis (CE) systems. As repeat structures can be complex and include substitutions, Indels, variable tandem repeat arrangements of multiple nucleotide motifs, and flanking region SNPs, established CE allele descriptions must be supplemented by a new system of STR allele nomenclature, which retains backward compatibility with the CE data that currently populate national DNA databases. We discuss the variant annotation and sequence comparison framework that a minimal sequence nomenclature system must seek to adopt in order to maintain the simplest description of complex repeat sequence structures. This system must be easy to use and interpret by the DNA specialist; based on a universally accessible genome assembly; and in place before the uptake of MPS by the forensic community starts to generate sequence data on a large scale.

## **Altersbestimmung eines Individuums auf Basis der DNA Methylierung und Nutzung des Random Forest Regressionsmodells**

Jana Naue<sup>1</sup>, Laura Rijlaarsdam-Hoekstra<sup>1</sup>, Huub Hoesloot<sup>1,2</sup>, Ate Kloosterman<sup>3,4</sup>,  
Pernette Verschure<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Swammerdam Institute for Life Sciences, University of Amsterdam

<sup>2</sup> Netherlands Institute for Systems Biology, University of Amsterdam

<sup>3</sup> Netherlands Forensic Institute, Ministry of Security and Justice, Den Haag

<sup>4</sup> Institute for Biodiversity and Ecosystem Dynamics, University of Amsterdam

In den letzten Jahrzehnten wurden die Möglichkeiten der DNA-Analyse für die forensische Fallarbeit tiefgründig untersucht und wichtige STR- und SNP-Marker etabliert. Sensitive und akkurate Methoden für die Detektion wurden entwickelt und erlauben nun die Analyse kleinster Mengen an DNA, um ein genetisches Profil zu erhalten. In den letzten Jahren hat sich gezeigt, dass auch die Analyse epigenetischer Modifikationen der DNA, insbesondere der Methylierung (DNAm) von Cytosinen in CpG-Dinukleotiden, weitere relevante Informationen für die Fallarbeit liefern kann. Diese chemische Modifizierung führt zu einem zell-spezifischen und stabilen Genexpressionsmuster. Des Weiteren stellt es aber auch ein flexibles System dar, welches sich u. a. mit dem Alter und durch externe Einflüsse verändert.

Eine erste Anwendung dieser Erkenntnisse stellt die Identifizierung des Gewebsursprunges anhand von gewebspezifischen Methylierungsmustern (tDMR) dar. Desweiteren hat sich aber gezeigt, dass sich die Methylierung einzelner spezifischer Position mit dem Alter verändert, so dass diese genutzt werden können, um das Alter eines Individuums einzugrenzen.

Eine akkurate Auswahl geeigneter Marker für die Altersbestimmung, sowie die experimentelle Methodik zur Bestimmung der DNA Methylierung sind ausschlaggebend, um verlässliche Aussagen treffen zu können.

Innerhalb des vorgestellten Forschungsprojektes soll ein forensisch geeignetes Markersystem zur Altersbestimmung entwickelt werden. Erste Ergebnisse auf Basis des nicht-parametrischen Machine Learning Algorithmus Random Forest und öffentlich zugänglicher Methylierungsmuster von Blut sollen vorgestellt werden. Des Weiteren werden die Möglichkeiten und Schwierigkeiten der DNA Methylierungsanalyse aufgezeigt.

## **Tissue-Specific-Methylation-Pattern in der Fallarbeit**

Jessica Teschner, Petra Otremba, Marion Nagy

Institut für Rechtsmedizin, Charité-Universitätsmedizin Berlin

In den meisten Sexualstraftaten ist Sperma das am häufigsten untersuchte Sekret. In unserem Labor haben wir eine alternative Methode etabliert, welche im Gegensatz zu immunologischen Assays auf DNA-Untersuchungen basiert, bei der ein methylierungs-sensitives Restriktionsenzym verwendet wird. Das hier vorgestellte Tissue-Specific-Methylation-Pattern (TSMP) Assay ermöglicht eine Differenzierung von Sperma und nicht-Sperma haltigen Proben anhand der isolierten DNA. In vorangegangenen Studien optimierten wir in unserem Labor die bereits publizierte Methode von Wasserstrom et al. und fanden neue Marker, von denen einer hier vorgestellt werden soll.

Dieser neue und die bereits etablierten Marker wurden in einer Multiplex kombiniert eingesetzt, und zur Anpassung des Assays an Proben mit geringer DNA-Konzentration wurde eine PCR-Optimierung durchgeführt. Um die Methode weiter zu validieren, wurden in der Routine Sexualdelikte parallel zu der Standardmethode RSID (Galantos), auch mit der neu etablierten TSMP Methode analysiert. Dies diente uns zur Überprüfung der Sensitivität und Funktionalität in der Fallarbeit. Hierbei zeigte sich, dass unausgeglichene Sekretmischungen ein großes Problem darstellen. Wir führten Untersuchungen an Mischungsreihen durch, um das Detektionslimit für die Nebenkomponekte zu bestimmen. Die hier vorgestellte Studie soll die Vor- und Nachteile von TSMP in der Fallarbeit zeigen und einen Ausblick auf eine Anwendung mit Multiplex-STRs Systemen geben.

## **Vier für fünf: miRNA-basierte Identifizierung fünf forensisch relevanter Körperflüssigkeiten auf Grundlage empirischer qPCR-Daten-Normalisierung**

Eva Sauer<sup>1</sup>, A.-K. Reinke<sup>2</sup>, Cornelius Courts<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Schleswig-Holstein, Kiel

<sup>2</sup> Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Bonn

Seit 2003 werden verschiedene molekularbiologische Methoden zur Identifizierung forensisch relevanter Körperflüssigkeiten als Alternative zu veralteten chemischen und immunologischen Verfahren erforscht. Ein Fokus liegt dabei auf der Detektion spezifisch exprimierter RNA, wobei die forensische Analyse von miRNAs einige Vorteile gegenüber der Untersuchung von mRNAs aufweist, unter anderem, da jene aufgrund ihrer geringen Größe thermodynamisch stabiler und damit resistenter gegen Degradation sind.

Aufbauend auf eine evidenzbasierte Normalisierungsstrategie für mittels quantitativer PCR gemessene miRNA-Expressionsdaten wird eine Reihe körperflüssigkeitsspezifischer miRNA-Marker vorgestellt. Die Vorauswahl geeigneter miRNA-Kandidaten erfolgte anhand eines die miRBase in der v.18 abbildenden MicroArray-Experiments, sowie umfassender Literaturrecherche. Ausgehend von einem ausführlichen Selektions- und Validierungsprozess wurde eine möglichst reduzierte und anwendungsnahe Strategie entwickelt, um die fünf forensisch relevanten Körperflüssigkeiten venöses Blut, Speichel, Sperma, Vaginalsekret und Menstruationsblut mit nur vier miRNAs anhand eines Entscheidungsbaumes zu identifizieren. Die Anwendung der Diskriminierungsanalyse zur eindeutigen Klassifizierung der erhaltenen Werte gewährleistet dabei eine objektive Identifizierung der Körperflüssigkeiten. Die erarbeitete Strategie wurde anschließend an verblindeten sowie gealterten Proben überprüft und auf sexualdelikttypische Mischspuren angewendet.

## **Analyse degradierter Routineproben mit Power Quant™ Kit von Promega**

Uta-Dorothee Immel<sup>1</sup>, Carsten Proff<sup>2</sup>, Rüdiger Lessig<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Rechtsmedizin, Martin-Luther-Universität Halle

<sup>2</sup>Bundeskriminalamt, KT31-Humansouren, Wiesbaden

Für die Identifizierung von unbekannt Personen ist oft eine molekulargenetische Untersuchung das Mittel der Wahl. In der Regel handelt es sich um Verstorbene, welche einen entsprechenden Grad der Autolyse erreicht haben, die eine Verwendung von üblichen Ausgangsmaterialien nicht mehr erlaubt bzw. in das weitere Prozessieren erschwert.

Der Power Quant™ Kit von Promega beinhaltet einen Degradations-/Qualitätsindikator, der einen Hinweis auf den Degradierungsgrad der untersuchten Probe ermöglichen soll. Daraus wiederum kann entsprechend das weitere Verfahren zur Analyse der Probe angepasst werden.

Es wurden für eine erste Studie degradierte Gewebeproben von Leichen verschiedener Liegezeit mittels des PowerQuant Kit untersucht und Vergleiche zu den bisherigen Routineuntersuchungen gezogen.

Die Untersuchungen und Ergebnisse der Studie werden vorgestellt.

## **Diskordanz im Penta E: ein strangspezifisches Offladder-Allel**

Heike Felske-Zech, Christin Gruber, Frank Heidorn

Institut für Rechtsmedizin der Justus-Liebig-Universität Gießen

Diskordanzen in STR-Systemen bei der Verwendung unterschiedlicher Multiplex Kits sind eine seltenes, jedoch immer wieder zu beobachtendes Ereignis.

Zumeist können Punktmutationen als ursächlich identifiziert werden. Deletionen oder Insertionen in den flankierenden Regionen des repetitiven Bereichs verändern die Amplikonlänge und können bei unterschiedlich platzierten Primern zu einer abweichenden Benennung von Allelen führen. Innerhalb der Primerbindungsstellen bedingt ein einzelner Basenaustausch unter Umständen den Ausfall eines Allels. Die ersten umfangreichen Daten von Anwendern der NGS Technologie in der Forensik zeigen, dass Punktmutationen rund um die STR-Systeme häufiger nachweisbar sind als zuvor angenommen.

Bei Anwendung des Kits PowerPlex® 21 in der Abstammungsdiagnostik wurde von uns mehrfach ein Offladder-Allel im System Penta E detektiert, welches sich mit dem Kit PowerPlex®16 nicht verifizieren ließ. Die Sequenzierung zeigte keine Deletion oder Insertion vor und hinter dem repetitiven Bereich.

Es konnte jedoch ein einzelner Basenaustausch, eine Transition, als ursächlich für das abweichende Laufverhalten identifiziert werden - erstaunlicherweise ein strangspezifisches Phänomen.

## Diagnosestellung des Ertrinkens mittels Real-time PCR - erste Ergebnisse unter Einschluss von Fäulnisleichen bei Verwendung von *Aeromonas*- bzw. Diatomeen-Zielsequenzen

Michael J. Schwerer<sup>1</sup>, Matthias Graw<sup>2</sup>, Oliver Peschel<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Zentrum für Luft- und Raumfahrtmedizin der Luftwaffe, Fürstenfeldbruck

<sup>2</sup>Institut für Rechtsmedizin der Ludwig-Maximilians-Universität, München

Die Diagnosestellung des Ertrinkens ist – insbesondere bei Leichenauffindungen in den Sommermonaten – rein aufgrund von Obduktionsbefunden und feingeweblicher Untersuchungen oftmals nicht verlässlich möglich. Kann mittels molekularpathologischer Untersuchungen in derartigen Fällen ein Ertrinkungstod diagnostiziert werden?

Elf Leichenauffindungen in Freigewässern, die im Sommer 2015 im Münchner Institut obduziert wurden, gelangten zur Auswertung. Formalin-fixierte Organasservate der Lungen sowie innerer Organe wurden aufgearbeitet, die DNA aus diesen Geweben sowie aus asserviertem Blut extrahiert. Eine Sonden-gestützte Multiplex-Real-time PCR erfasste Zielsequenzen von *Aeromonas hydrophilia* bzw. *Aeromonas salmonicida* wie von Uchiyama [1] beschrieben. Eine getrennte Untersuchung nach Nguyen [2] erfasste das SSU rRNA-Zielgen von Süßwasserdiatomeen. Die Leichenfäulnis wurde orientierend in a) fehlend, b) beginnend und c) fortgeschritten eingeteilt.

In sechs von elf Fällen war am Lungengewebe kein Nachweis der untersuchten Zielsequenzen von *Aeromonas* bzw. von Süßwasserdiatomeen zu führen. Diese negativen Fälle umfassten ausschließlich Leichenauffindungen im Wasser ohne Ertrinkungszeichen. Vier der fünf Fälle mit positivem Zielsequenz-Nachweis im Lungengewebe boten eine Positivität auch im Oberschenkelvenenblut. Nur in einem dieser Fälle war zudem ein positiver Nachweis in Gewebe (Niere) zu führen. Vier positive Fälle umfassten Leichen ohne Fäulniszeichen (gesamt n=6), ein positiver Fall einen fortgeschrittenen Fäulniszustand (gesamt n=2).

Molekularpathologische Untersuchungen mit Nachweis von Zielsequenzen aus Gewässerkeimen wie *Aeromonas* bzw. Süßwasserdiatomeen in Lungen und peripherem Blutkreislauf können die Verdachtsdiagnose eines Ertrinkens aus Obduktionsbefunden erhärten bzw. bei fortgeschrittenen Fäulnisveränderungen in einem Teil der Fälle ermöglichen.

[1] Uchiyama T et al. Forensic Science International 2012;222:11-26

[2] Nguyen TNM et al. J Microbiol Methods 2011;84:33-40

## **Molekulargenetische Untersuchungen von Biss- und Rissverletzungen bei Wild- und Nutztieren**

Nicole von Wurmb-Schwarck<sup>1,2</sup>, Jan-Hendrik Modrow<sup>1,2</sup>, Annika Hoffmann<sup>2</sup>,  
Thorsten Schwarck<sup>3,4</sup>

<sup>1</sup>ForGen, Forensische Genetik am Institut für Hämatopathologie, Hamburg

<sup>2</sup>ForSciX GmbH Hamburg

<sup>3</sup>Ludwig-Bolzmann-Institut für Forensische Bildgebung, Graz

<sup>4</sup>Institut für Gerichtliche Medizin, Medizinische Universität Graz

Die Begutachtung von Bissverletzungen ist eine typische Aufgabe in der rechtsmedizinischen Praxis. Hier geht es zum einen um die Beurteilung, ob es sich überhaupt um einen Biss handelt, zum anderen um die Feststellung, wie die Verletzung entstanden ist (Bissverletzung durch einen Erwachsenen oder durch ein Kind in Abgrenzung zu einem Tierbiss). Dies kann - unter entsprechenden Voraussetzungen - beispielsweise über einen Gebissabgleich und/oder über eine molekulargenetische Analyse der an der Wunde befindlichen Speichelantragungen geschehen.

Derartige Untersuchungen sind nicht nur auf betroffene Menschen beschränkt; auch Tiere, insbesondere Nutztiere, können von zumeist Wildtieren angegriffen und verletzt oder getötet werden. Die Identifizierung des „Angreifers“ ist in solchen Fällen beispielsweise für eine Schadenersatzzahlung relevant - insbesondere dann, wenn der Schaden durch einen Wolf (*Canis lupus*) verursacht worden sein kann.

Die Zahl der Wölfe in Deutschland nimmt zu und mit der Zahl dieser Raubtiere steigt auch die Anzahl der gerissenen (Nutz-)Tiere. Durch Paarung z.B. verwilderter Haushunde mit Wölfen entstehen zudem Hybride, die dem Wolf phänotypisch und im Verhalten ähneln.

Wir berichten von der molekulargenetischen Untersuchung gerissener Nutztiere zur Klärung der Frage, ob das jeweilige Nutztier von einem wildernden Hund oder einen Wolf getötet wurde. Die Methodik wird erläutert und die Untersuchungsergebnisse werden vorgestellt.

## **Vergleichende Untersuchung fäulnisveränderter post-mortem Proben mittels „Rapid DNA“ und konventioneller Analyse**

Carsten Proff<sup>1</sup>, Sebastian Witt<sup>2</sup>, Ruediger Lessig<sup>3</sup>, Uta-Dorothee Immel<sup>3</sup>, Ingo Bastisch<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Bundeskriminalamt, KT31-Humanspuren, Wiesbaden

<sup>2</sup>Landeskriminalamt Hamburg

<sup>3</sup>Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Halle

Die Rapid DNA-Analyse von Speichel- und Blutproben sowie von einfachen Spuren ist mittlerweile eine anerkannte Routinemethode. Die kurze Analysezeit von 90 Minuten und die Mobilität von Rapid DNA-Geräten ist auch für die Nutzung bei Katastrophenszenarien interessant. Dies gilt insbesondere für schlecht zugängliche Orte und Länder, in denen die Infrastruktur für die DNA-Analyse nicht oder nur begrenzt gegeben ist.

Für die Studie wurden degradierte Gewebeproben von Leichen längerer Liegezeit in einer Vergleichsstudie mit dem RapidHIT™ Instrument (IntegenX) und der herkömmlichen DNA-Analyse untersucht. Dazu wurden insgesamt 112 Proben von 12 Leichen entnommen, deren Liegezeit bis zu mehrere Monate betrug und die deutliche Zeichen fortgeschrittener Fäulnis aufwiesen. Soweit möglich wurden pro Leichnam zwei Probensets von Blase, Gallenblase, Knochenmark und Muskulatur entnommen. Ein Probenset wurde anschließend mittels GlobalFiler® (Life Technologies) mit dem RapidHIT™ Instrument typisiert, das Zweite mittels automatisierter ChargeSwitch® Extraktion und PCR (GlobalFiler®) nach Alu-rtPCR-Quantifizierung.

Die Rapid DNA-Analyse verschiedener degradierter Gewebeproben zeigte überwiegend gute Ergebnisse. Die Studie verdeutlicht, dass diese Typisierungsstrategie für die Bearbeitung problematischer Probenarten geeignet ist, auch wenn die herkömmliche DNA-Analyse insgesamt die bessere Datenqualität aufwies. Die Präsentation umfasst neben den Ergebnissen der Studie zu den verschiedenen Gewebetypen und Leichenliegezeiten die Möglichkeiten und Grenzen des Rapid DNA-Analyseansatzes. Zudem werden Empfehlungen zur Prozessierung problematischer Proben auf dem RapidHIT™ und deren Auswertung gegeben.

## **Spectrum CE System: Das neue 8 Farben-Kapillarelektrophorese-Instrument für die STR-Analyse**

Burkhard Loffeld

Promega GmbH, Mannheim

Promega wird mit dem Spectrum CE System ein Kapillarelektrophorese-Instrument auf den Markt bringen, mit dem sich die Arbeitsabläufe von STR Analysen effizienter gestalten lassen. Die erweiterte Multiplexfähigkeit unterstützt die nächste Generation der 8-Farbstoff PowerPlex® STR Systeme und ermöglicht dadurch nicht nur die Amplifikation von einer höheren Anzahl an Loci pro Probe, sondern auch die Analyse bekannter Datenbank-Marker als mini-STRs. Neben neuen STR-Systemen können alle bekannten STR-Kits mit dem Spectrum CE System genutzt werden.

Das Spectrum CE System erlaubt eine hohe Flexibilität beim zeitlichen Ablauf der Analysen. Bis zu vier Platten können auch während des Elektrophoresevorgangs beliebig eingesetzt oder ausgetauscht und deren Injektionsreihenfolge jederzeit verändert werden. Dadurch lassen sich die Effizienz und der Probendurchsatz im Labor deutlich erhöhen.

Alle Verbrauchsmaterialien für das Spectrum CE System werden im „Ready-to-use“-und „Auto-Tracking“-Format angeboten und garantieren somit einen optimalen Analyseablauf.

Mit dem Instrument wird es eine neue anwenderfreundliche HID-Analyse-Software geben, die neue Funktionen und eine schnellere Bewertung der Proben beinhalten wird. Um mit dem Spectrum CE System im Labor sicher arbeiten zu können, werden verschiedene Service- und Validierungspakete erhältlich sein.

## Reproduzierbarkeit von experimentellem Backspatter im Waffenlauf

Christian Schyma<sup>1</sup>, J Brünig<sup>1</sup>, Melanie Grabmüller<sup>2</sup>, Cornelius Courts<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Institut für Rechtsmedizin der Universität Bern

<sup>2</sup>Institut für Rechtsmedizin der Universität Bonn

Im Rahmen eines vom Schweizer Nationalfond und der Deutschen Forschungsgemeinschaft geförderten Projektes zur Entstehung von Backspatter im Waffenlauf wurde die experimentelle Reproduzierbarkeit solcher Spuren beim absoluten Nahschuss untersucht.

Sog. Messwürfel von 12 cm Kantenlänge wurden aus 10%iger Gelatine so hergestellt, dass ein dünner Folienbeutel (5 cm x 5 cm) mit den Komponenten Acrylfarbe (2 ml), Bariumsulfat (1 ml) und Humanblut (2 ml) durch ein saugendes Haushaltstuch abgedeckt fest in die Beschusseite des Gelatinewürfels integriert war. Es wurden zwei baugleiche Pistolen im Kaliber 7,65 mm Browning, geladen mit Vollmantelmunition, verwendet. Die Kontaktschüsse erfolgten bei 4°C Gelatinetemperatur. Nach jedem Schuss wurde eine Endoskopie des Waffenlaufes durchgeführt. Mit DNA-freien Watteträgern wurden wie folgt Abriebe gewonnen: je einmal trocken und einmal feucht aus der vorderen Laufhälfte und ein entsprechendes Paar vom Patronenlager aus von der hinteren Laufhälfte. Danach wurde die Waffe jeweils mechanisch gereinigt und mit DNA-Exitus behandelt. Der DNA-Gehalt wurde mittels quantitativer PCR bestimmt.

Bei sechs durchgeführten Schüssen zeigte sich endoskopisch ein gleichartiges Antragsmuster im Waffenlauf mit abnehmender Intensität von der Waffenmündung zum Patronenlager. Die DNA-Konzentration belief sich im vorderen Laufabschnitt von 7 bis 23 ng/µl (erster Abrieb) resp. 2 bis 7 ng/µl (zweiter Abrieb). Im hinteren Laufabschnitt war in allen Fällen profilierbares DNA-Material vorhanden. Die Schwankungsbreite hinsichtlich Menge und Konzentration war jedoch erheblich grösser (0.02 bis 5 ng/µl). Dabei enthielt der zweite Abrieb meist mehr DNA als der erste. In jedem Fall fand sich entsprechend dem makroskopischen Bild ein deutliches Konzentrationsgefälle von vorn nach hinten.

Die Ergebnisse sprechen dafür, auch in realen Fällen die Strategie der „Double Swab“-Spurensicherung mit je einem feuchten und einem trockenen Abrieb anzuwenden.

## **Wie weit spritzt es? – Zur Auswirkung von Schussdistanz und Waffentyp auf die simultane Analyse von DNA und RNA aus Backspatter**

Melanie Grabmüller<sup>1</sup>, Philipp Cachée<sup>2</sup>, Cornelius Courts<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Institut für Rechtsmedizin, Universität Bonn

<sup>2</sup> Sachverständigenbüro Cachée, Seddiner See

<sup>3</sup> Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Schleswig-Holstein, Kiel

Wenn ein biologisches Ziel von einem Feuerwaffenprojektil getroffen wird, werden Spritzer von Blut und Gewebe aus der Eintrittswunde hinaus und gegen die Schussbahn in Richtung der Waffe zurückgeschleudert. Diese Erscheinung wird als „Backspatter“ bezeichnet, und wenn rückspritzendes Material bis zur Waffe gelangt, kann es sich an inneren Oberflächen der Waffe absetzen, konsolidieren und von dort gesichert werden.

Es wurde bereits aufgezeigt, dass molekulargenetische Untersuchungen von Backspatter bei aufgesetzten oder Schüssen aus nächster Nähe entscheidend zur Identifikation der Opfer und zur Rekonstruktion von Straftaten unter Verwendung von Feuerwaffen beitragen können. Es war bisher jedoch nicht bekannt, bis zu welcher Schussdistanz Spuren von Backspatter an inneren Oberflächen von Schusswaffen auffindbar sind und welchen Einfluss Art und Kaliber der Waffe auf bestimmte Aspekte des Backspatters haben (z.B. Reichweite, Menge und Verteilung).

Hier stellen wir die Ergebnisse einer Studie vor, worin der Effekt verschiedener Kombinationen von Schussdistanzen und Waffenarten und –kaliber auf die Analysierbarkeit ko-extrahierter RNA und DNA aus Proben von Backspatter untersucht wurde, die von inneren und äußeren Oberflächen von Waffen gesammelt wurden, mit welchen zuvor experimentelle Beschüsse auf standardisierte ballistische Modelle vorgenommen worden waren.

Wir demonstrieren die limitierende Auswirkung von Schussdistanz und Waffentyp auf die Ausbeute von Nukleinsäuren aus Backspatterspuren und die Erfolgsquote bei forensischem DNA-Profilung und RNA-basierter Identifikation von Körperflüssigkeiten und Organgeweben bei experimentellen Beschüssen.

## **RNA/DNA Ko-Analyse an gealterten Spurensicherungsfolien von Händen der Opfer tödlicher Schussverletzungen**

Melanie Grabmüller<sup>1</sup>, Christian Schyma<sup>2</sup>, Tim Eichhorst<sup>1</sup>, Cornelius Courts<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Institut für Rechtsmedizin, Universität Bonn

<sup>2</sup>Institut für Rechtsmedizin, Universität Bern

<sup>3</sup>Institut für Rechtsmedizin, Universität Schleswig-Holstein, Kiel

Bei der Klärung von Fällen von Tod durch Schussverletzungen ist es von immenser Bedeutung, zwischen Tötungsdelikt, Suizid und Unfall zu differenzieren. Hierfür ist besonders wichtig, dass bei der Spurensicherung am Tatort geeignete Mittel und Methoden zur Asservierung biologischen Materials ausgewählt werden, welches entscheidende Anhaltspunkte zur Rekonstruktion des Tathergangs erbringen kann.

In der forensischen Fallarbeit werden unterschiedliche Verfahren zur Sicherung und zum Nachweis biologischer Spuren (Schmauch (GSRs = gunshot residues) oder Backspatter) an den Händen bzw. der Hand des Schützen eingesetzt. Die Spurensicherung kann mittels steriler Baumwolltupfer, Klebeband, der Polyvinylalkoholmethode (nach Merkel und Mailänder, 1993) oder Spurensicherungsfolien durchgeführt werden. Entscheidend für die Auswahl des bestgeeigneten Verfahrens ist es, die DNA-Ausbeute zu maximieren.

Das nach einer tödlichen Schussverletzung mittels Spurensicherungsfolien von der Hand / den Händen gesammelte Spurenmaterial kann neben morphologischen Befunden zu Fingerabdrücken, Haaren und Faserspuren auch Anhaltspunkte zu Minimalspuren wie Epithelzellen oder Backspatter liefern, die mittels der Klebefolien „konserviert“ werden und Rückschlüsse auf Tatbeteiligte ermöglichen können. Hierbei werden die ganze Hand oder einzelne Partien der Finger so abgeklebt, dass eine topographische Zuordnung der gesicherten Partikel möglich ist. Wir berichten von der RNA/DNA Ko-Analyse gealterter Spurensicherungsfolien von den Händen der Opfer tödlicher Schussverletzungen. Wir zeigen, dass es möglich ist, gesichertes biologisches Material von bis zu 20 Jahre alten Klebefolien zu analysieren. Die Ausbeute und Qualität der aus denselben Proben ko-extrahierten Nukleinsäuren war nicht ausreichend für die Erstellung von DNA-Profilen jedoch für die Detektion blutspezifischer miRNA. Unsere Befunde belegen, dass dieses Verfahren der Sicherung von Schuss Spuren an der Hand Schwächen im Gegensatz zu einer anderen Methode aufweist.

## **Backspatter - Biologische Spuren in Waffenläufen - der neue GunSwab C1**

Phillip Cachée

coloprint GmbH, Düsseldorf

GunSwab C1 – ist eine forensische Vorrichtung zur Aufnahme und Sammlung von biologischen Spuren in Waffenläufen und Waffenteilen auf Grundlage des zugehörigen Verfahrens nach Cachée.

Die aktuelle Forschung der Rechtsmedizin zum Thema Backspatter (=Rückschleuderspuren) hat ergeben, dass biologisches Material des Opfers bis in das Innere der Waffe zurückgeschleudert wird und dort anhaftet oder festbrennt.

Aktuell in Anwendung befindliche hochsensitive Analyseverfahren machen es möglich, selbst bei Nachschüssen oder nach dem Reinigen des spurenbehafteten Laufes Nukleinsäuren gerichtsverwertbar auszuwerten. DNA Profile konnten sowohl bei experimentellen als auch bei realen Schüssen auf biologische Ziele erstellt werden, selbst bei 10 Jahre gelagerten Waffen. Dieses biologische Material, wie beispielsweise Körpergewebsteilchen und Blut, kann sowohl DNA als auch RNA beinhalten. Das Spurenmaterial dient forensisch dazu, die Waffe eindeutig der Tat und dem Opfer zuzuordnen zu können.

Eine so behandelte Waffe kann auf Grund von mit GunSwab C1 gesicherten Spuren bestenfalls einer Tat (u.a. ColdCase) zugeordnet werden, in welcher die untersuchte Waffe bislang unbekannt war.

Eine lückenlose GunSwab C1 Behandlung jeder Waffe, welche polizeilich in Erscheinung tritt, trägt durch den Abgleich mit strafbehördlichen DNA Datenbanken positiv zur Aufklärung von Verbrechenstatbeständen und der Reduktion von Waffengebräuchen, auf Grund eines gesteigerten Entdeckungsrisikos, bei.

Der GunSwab C1 wurde vom Sachverständigen für Waffen und Munition, Philipp Cachée, entwickelt. Herr Cachée ist Mitglied und Ballistiker des Forschungsteams um den forensischen Genetiker Dr. Cornelius Courts zum Thema Backspatter.

## **Wer schreibt mir denn? – Hautkontaktspuren auf Druckerpapier**

Ulrike Schacker, Cora Schneider

Galantos Genetics GmbH, Mainz

Die hohe Sensitivität heutiger STR-Analysen ermöglicht es DNA-Profile aus nur wenigen Zellen zu erstellen. Zu solchen sogenannten Minimal- oder Touch-DNA Spuren gehören auch die Antragungen von Hautzellen auf Briefpapier. Für die Sicherung solcher Spuren sind ebenso vielfältige Methoden (Swabs, Klebebänder, Rasierklingentechnik, Vacuum-Absaugen, ES-DA-Lite) beschrieben wie für deren Bearbeitung. Es werden Fälle aus der Spurenbearbeitung dargestellt und zwei Spurensicherungsmethoden verglichen.

## **10 Jahre Gednap –Teilnahme an der Spurencharakterisierung mittels immunchromatographischer Nachweisverfahren.**

Aufgetretene diskrepante Ergebnisse werden vorgestellt. Einige alte Rückstellproben wurden nochmals analysiert und es kann gezeigt werden, dass auch 10 Jahre alte Proben mit dem RSID-Semen und dem RSID-Saliva Test korrekt charakterisiert werden.

## **Kontamination von biologischem Spurenmaterial – Zahlen und Fakten aus 15 Jahren**

Ines Pickrahn, Gabriele Kreindl, Eva Müller, Bettina Dunkelmann, Waltraud Zahrer,  
Jan Cemper-Kiesslich, Franz Neuhuber

Fachbereich Gerichtsmedizin, Universität Salzburg

Mit der zunehmenden Sensitivität von DNA Amplifizierungs- und STR Analyse-Kits steigt gleichzeitig auch die Chance, selbst geringe Kontaminationen von Spurenmaterial zu detektieren. Doch nicht nur die Analysen selbst haben sich verbessert, sondern auch die Möglichkeiten, um Kontaminationen von Spurenmaterial als solche zu erkennen. Um die österreichweite Kontaminationsrate abschätzen zu können, haben wir unsere Studie von 2010 fortgesetzt, in welcher die Anzahl der detektierten Kontaminationen der Gesamtzahl der analysierten Spuren in unserem Labor gegenübergestellt wurde. In diesem Vortrag sollen die Ergebnisse präsentiert und zudem veranschaulicht werden, wie wichtig Referenzprofile – insbesondere von Exekutivbeamten – sind und wie Datenbank-unterstützte Profilabgleiche vor allem bei Mischprofilen die Erkennung von Kontaminationen erleichtern können.

## **Anwendung der hochauflösenden Schmelzkurvenanalyse (HRM) zur Identifizierung forensisch relevanter Fliegenarten (*Brachycera*)**

Annika Geiß, Barbara K. Zajac, Jens Amendt, Marcel A. Verhoff, Richard Zehner

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

Die Artbestimmung der an Leichnamen oder Leichenfundorten asservierten Insekten, insbesondere Fliegen, sowie deren Larval- und Pupalstadien, stellt eine wichtige Aufgabe in der forensischen Entomologie dar. Hinsichtlich der Berechnung des minimalen post-mortalen Intervalls ( $PMI_{\min}$ ), der Hauptaufgabe dieses biologischen Fachgebiets, ist die Kenntnis der artspezifischen Entwicklungsdauer ausschlaggebend.

Bisher erfolgt die Artbestimmung morphologisch oder molekularbiologisch durch die Sequenzierung charakteristischer DNA-Abschnitte.

Eine potentielle kostengünstige und schnelle Alternative zur Artidentifizierung, stellt die hochauflösende Schmelzkurvenanalyse (HRM) dar. Das Prinzip dieses Verfahrens ist die Ermittlung der spezifischen Schmelztemperatur eines DNA-Fragments. Die Temperatur, bei der ein DNA-Doppelstrang denaturiert, ist theoretisch von der Länge und der Zusammensetzung der Basenabfolge des Fragments abhängig und variiert somit bei genetisch divergierenden Spezies.

Im Rahmen der vorzustellenden Forschungsarbeit wurden Schmelzkurvenanalysen von 33 verschiedenen Spezies aus den 7 forensisch relevanten Fliegenfamilien *Calliphoridae*, *Fanniidae*, *Piophilidae*, *Phoridae*, *Muscidae*, *Sarcophagidae* und *Drosophilidae* durchgeführt. Es wurden zwei mitochondriale (COI2, S9) und ein nukleärer Marker (28S) verwendet, um Amplikons zu erzeugen, deren Schmelztemperaturen miteinander verglichen werden können. Die jeweiligen Sequenzen wurden zudem aligniert und ein auf Anzahl und Position der vorhandenen Sequenzvariationen basierender Wert (Differenzindex) berechnet. Dieser wurde mit den Schmelzkurven und Schmelztemperaturen der entsprechenden Art verglichen.

Darüber hinaus wurden sämtliche erhobenen Daten mittels Varianzanalyse (ANOVA) untersucht und auf ihre Signifikanz überprüft.

## **Zigarettenrauch und der plötzliche Säuglingstod: Veränderungen im Methylierungsmuster des Gens *GF11***

Kristina Schwender, Hannah Holtkötter, Kristina Schulze Johann, Marianne Schürenkamp, Ulla Sibbing, Heidi Pfeiffer, Marielle Vennemann

Institut für Rechtsmedizin, Universität Münster

Rauchen der Mutter während der Schwangerschaft gilt seit langem als einer der wichtigsten Risikofaktoren für SIDS. Jedoch ist der genaue Zusammenhang zwischen einem Zigarettenkonsum der Mutter während der Schwangerschaft und dem plötzlichen Säuglingstod weitgehend unklar.

In dieser Arbeit sollte zum ersten Mal der Einfluss von präpartalem Rauchen auf die DNA-Methylierung von SIDS-Kindern bestimmt werden. Im Rahmen der Analyse wurde das Methylierungsmuster einer bestimmten DNA-Region von SIDS-Fällen mit nicht-rauchenden Müttern (n=12) und von SIDS-Fällen mit rauchenden Müttern (n=12) untersucht. Die analysierte Region liegt unmittelbar *upstream* des Promotorbereiches des *Growth Factor Independent 1- (GF11)* Gens, welches für einen Transkriptionsrepressor kodiert, der eine essentielle Funktion in diversen Entwicklungsprozessen hat, insbesondere in der Hämatopoese.

Durch Anwendung der Sanger-Sequenzierung wurde pro Kind der Methylierungsstatus von 159 CpG-Stellen erfolgreich ermittelt. Es zeigte sich eine statistisch teilweise hoch signifikante Hypomethylierung dieser Regionen in den Kindern rauchender Mütter. Insbesondere die Hypomethylierung der Transkriptionsfaktor-Bindestelle und die damit möglicherweise einhergehende Veränderung der Genexpression könnte im Hinblick auf die regulatorische Funktion von *GF11* als Transkriptionsrepressor in der Hämatopoese einen starken Einfluss besitzen.

## **Massive Parallel Sequencing – nützliches Werkzeug für die forensische DNA-Analyse**

Gottfried Weichhold, Philipp Habermeier, Thomas Simon, Anke Kruger

Thermo Fisher Scientific

Mit zunehmender Entwicklung des Massive Parallel Sequencing (MPS) beginnt die forensische Forschung bisherige technologische Hürden hinter sich zu lassen. Mit der Möglichkeit, hunderte Marker parallel zu genotypisieren, werden zukünftig MPS-basierte Assays zunehmend wertvolle Zusatzinformationen liefern. Die gleichzeitige Analyse von SNP Markern, die z.B. Identitäts-, Abstammungs- und/oder Phänotyp-spezifische Aussagen ermöglichen, und STR Markern in einer einzigen Reaktion erhöht die Diskriminierungsstärke gegenüber herkömmlichen STR Kits. Aus ein und derselben DNA-Probe können so weitere nützliche investigative Hinweise erhalten werden, wie z.B. über die Identifizierung von Körperflüssigkeiten.

Thermo Fisher Scientific präsentiert die kommende Plattform für die forensische DNA-Analyse auf Basis der Ion Torrent Technologie: die Ion S5 and Ion S5 XL Next-Generation Sequencing Systeme. Bereits verfügbare Lösungen für die gezielte Sequenzierung forensisch relevanter Marker auf Basis der AmpliSeq Technologie werden vorgestellt, sowie erste Schritte zur Integration eines MPS-basierten Arbeitsablaufs in die forensische DNA-Untersuchung aufgezeigt.

## **Validierung einer kombinierten autosomalen / Y-chromosomalen STR- Analyse zur Typisierung biologischer Spuren bei Sexualstraftaten**

Josephine Purps, Maria Geppert, Marion Nagy, Lutz Roewer

Institut für Rechtsmedizin, Charité-Universitätsmedizin Berlin

Die am besten geeignete Vorgehensweise bei der DNA Analyse von biologischen Spuren aus Sexualstraftaten ist immer wieder Gegenstand heißer Diskussionen. Viele Labore nutzen diverse DNA/materialverbrauchende Voruntersuchungen wie Mikroskopie, Quantifizierung, differentielle Lyse und autosomales STR Screening, um die Anwesenheit einer männlichen Komponente in einer (Misch-)Spur überhaupt erst nachzuweisen, um dann bei Indikation gegebenenfalls eine Y-chromosomale Analyse anzuschließen. Doch die Tatsache, dass die männliche Komponente häufig als äußerst geringe Beimischung in einem Überschuss an weiblicher DNA vorliegt und mit dem Phänomen der präferentiellen Amplifikation der Hauptkomponente einhergeht, erschwert bei dieser Spurenart, besonders wenn es sich um Kontaktsuren handelt, die Detektion des Täterprofils. Dies gilt insbesondere in Fällen der sexuellen Nötigung, die häufig ohne Ejakulation verläuft.

Unser Labor untersucht jährlich in Kooperation mit dem Berliner LKA etliche Spuren aus Sexualstraftaten, so dass uns für eine großangelegte retrospektive Studie genügend auswertbares Material zur Verfügung stand, um den Informationsgewinn einer simultanen autosomalen und Y-chromosomalen STR Analyse herauszustellen, und zwar unabhängig von diversen Voruntersuchungen. Hierbei wurden insgesamt 287 Fälle mit insgesamt 2077 Spuren, mehrheitlich Kontaktsuren, begutachtet und ausgewertet. Die Untersuchungen zeigten einen bemerkenswerten Informationsgewinn der Y-STR Analyse in Fällen, in denen autosomal keine oder nur eine geringe männliche Beimischung erkennbar war. Mit Hilfe der Y-STR Analyse konnten zusätzlich zu den informativen autosomalen Profilen in weiteren 21% der Fälle vollständige männliche Einzelprofile generiert werden. Die Detektionswahrscheinlichkeit mehrerer männlicher Spurenleger in einer Spur ist mittels Y-STRs ca. 3x höher verglichen mit der autosomalen STR Analyse. Die Studie zeigt, dass ohne Y-chromosomale STR-Analyse beweiserebliche DNA-Profile übersehen werden können und so für einen Abgleich nicht zur Verfügung stehen.

## **Autosomal versus Y-chromosomal: Doppelt hält besser!**

Bettina Dunkelmann, Eva Müller, Gabriele Kreindl, Ines Pickrahn, Waltraud Zahrer, Jan Cemper-Kiesslich, Franz Neuhuber

Fachbereich Gerichtsmedizin, Universität Salzburg

Y-STR Marker stellen bei der Analyse von biologischen Spuren, in denen eine Mischung aus weiblichem und männlichem Spurenmaterial erwartet werden kann, ein wertvolles Hilfsmittel dar. Es hat sich insbesondere bei Sexualdelikten gezeigt, dass trotz negativer Vortests auf Sperma und obwohl im geschlechtsspezifischen Merkmalsystem Amelogenin kein Anzeichen einer männlichen Komponente erkennbar ist, häufig vollständige Y-chromosomale DNA-Profile erstellt werden können.

Bei einer beträchtlichen Anzahl von sexuellen Übergriffen wurde ein Spurenverursacher einzig durch die Analyse Y-chromosomaler Marker identifiziert. Basierend auf diesen Erkenntnissen wurde im Jahr 2012 die österreichische nationale DNA-Datenbank um Y-STRs erweitert, wobei das primäre Ziel das Erkennen von seriellen Sexualdelikten ist.

In unserem Labor wurde nach erfolgreicher Validierung im Jahr 2014 der AmpFISTR® Yfiler® Kit (Thermo Fisher Scientific) durch den Yfiler® Plus Kit (Thermo Fisher Scientific) ersetzt. Der Einsatz des Yfiler® Plus Kit ermöglicht uns aufgrund der größeren Anzahl von Markern zufällige Übereinstimmungen zu reduzieren. Außerdem erhöht sich durch die im Kit enthaltenen schnell mutierenden Y-STRs die Wahrscheinlichkeit, nahe männliche Verwandte unterscheiden zu können.

Beruhend auf diesen Erfahrungen lautet unsere Botschaft für die Fallarbeit: Wann immer eine Mischung aus männlichem und weiblichem Spurenmaterial erwartet wird, sollten autosomale und Y-chromosomale Analysen kombiniert werden. Die Anzahl an erfolgreichen Untersuchungen kann dadurch beträchtlich gesteigert werden.

## **Validierung einer kombinierten autosomalen / Y-chromosomalen STR- Analyse zur Typisierung biologischer Spuren bei Sexualstraftaten**

Josephine Purps, Maria Geppert, Marion Nagy, Lutz Roewer

Institut für Rechtsmedizin, Charité-Universitätsmedizin Berlin

Die am besten geeignete Vorgehensweise bei der DNA Analyse von biologischen Spuren aus Sexualstraftaten ist immer wieder Gegenstand heißer Diskussionen. Viele Labore nutzen diverse DNA/materialverbrauchende Voruntersuchungen wie Mikroskopie, Quantifizierung, differentielle Lyse und autosomales STR Screening, um die Anwesenheit einer männlichen Komponente in einer (Misch-)Spur überhaupt erst nachzuweisen, um dann bei Indikation gegebenenfalls eine Y-chromosomale Analyse anzuschließen. Doch die Tatsache, dass die männliche Komponente häufig als äußerst geringe Beimischung in einem Überschuss an weiblicher DNA vorliegt und mit dem Phänomen der präferentiellen Amplifikation der Hauptkomponente einhergeht, erschwert bei dieser Spurenart, besonders wenn es sich um Kontaktsuren handelt, die Detektion des Täterprofils. Dies gilt insbesondere in Fällen der sexuellen Nötigung, die häufig ohne Ejakulation verläuft.

Unser Labor untersucht jährlich in Kooperation mit dem Berliner LKA etliche Spuren aus Sexualstraftaten, so dass uns für eine großangelegte retrospektive Studie genügend auswertbares Material zur Verfügung stand, um den Informationsgewinn einer simultanen autosomalen und Y-chromosomalen STR Analyse herauszustellen, und zwar unabhängig von diversen Voruntersuchungen. Hierbei wurden insgesamt 287 Fälle mit insgesamt 2077 Spuren, mehrheitlich Kontaktsuren, begutachtet und ausgewertet. Die Untersuchungen zeigten einen bemerkenswerten Informationsgewinn der Y-STR Analyse in Fällen, in denen autosomal keine oder nur eine geringe männliche Beimischung erkennbar war. Mit Hilfe der Y-STR Analyse konnten zusätzlich zu den informativen autosomalen Profilen in weiteren 21% der Fälle vollständige männliche Einzelprofile generiert werden. Die Detektionswahrscheinlichkeit mehrerer männlicher Spurenleger in einer Spur ist mittels Y-STRs ca. 3x höher verglichen mit der autosomalen STR Analyse. Die Studie zeigt, dass ohne Y-chromosomale STR-Analyse beweiserebliche DNA-Profile übersehen werden können und so für einen Abgleich nicht zur Verfügung stehen.

## ***This cell has a crime story to tell! - Sortierung von Einzel-Zellen aus Mischgeweben auf der Basis von Semikonduktor-Technologie zur Auflösung genetischer Mischprofile***

H.P. Arnold<sup>1</sup>, Fontana<sup>1</sup>, C. Rapone<sup>2</sup>, G. Bregola<sup>1</sup>, R. Aversa<sup>3</sup>, R. Lanzellotto<sup>1</sup>, G. Medoro<sup>1</sup>, N. Manaresi<sup>1</sup>, P. Vittorioso<sup>3</sup>, A. Berti<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Silicon Biosystems S.p.A    <sup>2</sup> Reparto Investigazioni Scientifiche Carabinieri R.I.S.

<sup>3</sup> Dipartimento di Biologia e Biotecnologie "C. Darwin", Sapienza Università di Roma

Mischspuren sind in der forensischen Analytik schon immer beobachtet worden, haben aber aufgrund verbesserter Analysetechniken und gesteigerten Probenaufkommens eine zunehmende Bedeutung erfahren. Wir stellen hier das DEPArray™ System vor, das auf der Basis digitaler Sortierung von Zellen über einen Semikonduktor-Chip via Di-Elektrophorese (DEP), Mischspuren auf zellulärer Ebene nach Gewebetypen und Einzelzellen auftrennt. Es wird gezeigt, wie mit dem DEPArray™ System aus Mischspuren 100% reine Zell-Populationen oder definierte Einzelzellen für die genetische Analyse gewonnen werden können.

Evaluierungsstudien wurden zunächst mit nachgestellten Proben durchgeführt. Zur Herstellung dieses simulierten Beweismaterials wurden wenige Mikroliter unterschiedlicher Körperflüssigkeiten wie peripheres Blut, Samenflüssigkeit und Speichel verschiedener Individuen gemischt und zur Trocknung auf verschiedene Trägermaterialien in variierenden Mengen aufgebracht. Nach Lagerung bis zu 42 Tagen wurden die Mischungen vom Trägermaterial eluiert, mit geeigneten Fluoreszenz-markierten Antikörpern nach Herkunftsgeweben markiert und in das DEPArray™ System geladen. Die Zellen wurden mikroskopisch analysiert und in Pools nach Gewebetypus oder als Einzelzellen isoliert und mit dem AmpFISTR®NGM Select Kit genetisch charakterisiert.

In einem zweiten Ansatz wurden archivierte Proben aus einem tatsächlichen Sexualdelikt eingesetzt (trans-zervikaler Abstrich, Bekleidung des Opfers). In dieser Studie wurden mit dem DEPArray™ System Spermien aus der Mischprobe isoliert und ein genetisches Profil an diesen erstellt.

Alle Studien erbrachten positive Resultate und zeigten, dass mit dem DEPArray™ System Mischproben auf zellulärer Ebene nach Kriterien wie Gewebeherkunft oder in Einzelzellen sortiert werden können. So war es möglich, Mischspuren in Einzelprofile von hoher Aussagekraft aufzulösen.

## Smart Police – Smart Lab

Frank Götz

Qualitytype GmbH, Dresden

Im Zeitalter steigender Fallzahlen und sich ändernder Bedrohungslagen ist ein schneller und reibungsloser Datenaustausch ein wichtiger Bestandteil moderner Infrastruktur. Die klassische Übersendung von Untersuchungsanträgen und Gutachten auf Papier ist nicht mehr zeitgemäß. Um diesen Anforderungen gerecht zu werden, muss ein bidirektionaler und medienbruchfreier Datenaustausch von der Ermittlungsbehörde zur Untersuchungsstelle ermöglicht werden.

Der Vortrag stellt ein Projekt aus dem Bundesland Niedersachsen vor, das zum Ziel hatte, den Datenaustausch erheblich zu vereinfachen und zu beschleunigen. In enger Zusammenarbeit mit der Zentralen Polizeidirektion Niedersachsen (ZPD NI) wurde die Schnittstelle umgesetzt. NIVADIS ist das Vorgangsbearbeitungssystem (VBS) für die Polizei Niedersachsen. Im Rahmen des Integrationsprojektes wurde das Landespolizeisystem NIVADIS direkt mit Fallverwaltung und LIMS des Kriminaltechnischen Instituts im LKA Niedersachsen verbunden. Es wird gezeigt, wie der Informationsfluss in beide Richtungen funktioniert und welche Vorteile sich bezüglich der Qualitätssicherung und Bearbeitungsgeschwindigkeit hieraus ergeben. Abschließend wird noch ein Ausblick auf zukünftige Anbindungen weiterer systemkritischer Systeme wie z.B. die DNA Analysedatei gegeben.

## Technologien und Anwendungen 2016 - was kommt, was bleibt, was ändert sich?

A. Prochnow, M. Bussmann, M. Scherer

QIAGEN GmbH, Hilden, Germany

Der Forensikbereich ist im Umbruch. Neue, zukunftsweisende Technologien und immer mehr Anwendungen der molekularbiologischen Analytik für die humane Identifizierung gehen einher mit einem erhöhten Probendurchsatz, steigenden Qualitätsanforderungen und einem erhöhten Preisdruck. Dementsprechend ändert sich auch die Anforderung an forensischer Labore, eine immer größere Anzahl und Vielzahl von Spuren zu untersuchen, um mehr Informationen aus weniger Material in kürzerer Zeit zu gewinnen. Um diesen Bedarf gerecht zu werden, bietet QIAGEN ein breites Portfolio an Verbrauchskemikalien, Instrumenten und Serviceleistungen an, um die vom Markt geforderten Anwendungen und Applikationen zu unterstützen.

Der Vortrag gibt Einblick in QIAGEN's neuste Entwicklungen zu folgenden Themen:

Automatisierte DNA-Probenaufreinigung, Normalisierung und (q)PCR Set-up durch die neuste Software HID 1.0.0 des QIASymphony SP/AS Instruments

Vorteil und Nutzen des Quality Sensors, einer internen Performancekontrolle für die vereinfachte Interpretation von STR Ergebnissen von kritischem Spurenmaterial

Einführung des ISO18385 Produktionsstandards

Übersicht zu QIAGEN's NGS Portfolio für die humane Identifizierung

Neben Daten aus der internen Validierung anhand verschiedener simulierter Spurentypen und den Vorteilen der Produkte für die Routineanwendung in der forensischen Fallarbeit werden Kundendaten aus externen Evaluierungen und Validierungen gezeigt.

## Entwicklung und Validierung eines Targeted Next Generation Sequenzierungs-Amplicon-Panels für die Forensische Genanalyse

Oliver Goldenberg<sup>1</sup>, E. Guzman<sup>2</sup>, J. Varlaro<sup>2</sup>, K. Stephens<sup>2</sup>, and C.L. Holt<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Illumina GmbH, München

<sup>2</sup>Illumina, San Diego

Sequencing (NGS) by Synthesis (SBS) ermöglicht es, das gesamte humane Genom binnen eines Tages zu sequenzieren. Einfacher, aber hocheffektiv können Forensiker alternativ auf eine gezielte Sequenzierung von PCR Produkten zurückgreifen. Durch das Sequenzieren eines kompakten Satzes forensischer Loci werden Fall- und Datenbankbearbeitung auf jene genomischen Regionen konzentriert, die am besten für die Beantwortung forensischer Fragestellungen geeignet sind. Das reduziert Fragen zum Datenschutz und vereinfacht die Datenanalyse. Da diese Art der Sequenzierung nicht auf eine Größentrennung der Allele angewiesen ist, gibt es keine Limitierung in der Anzahl der zu untersuchenden Zielgene, wodurch ein umfassenderes Ergebnis erzielt wird.

Wir beschreiben die Entwicklung und Validierung eines Targeted Amplicon Panels für die forensische Genanalyse, bestehend aus einer Kombination eines Kerns von allgemeinen Short Tandem Repeat (STR) Markern aus der täglichen Routine mit zusätzlichen forensischen Loci, die zusätzliche Informationen zur Lösung des Falles enthalten können. Eine größtmögliche Anzahl und Typenvielfalt von analysierten Markern für jede Probe bedeutet umfassendere und mehr kritische Informationen für sowohl Standardproben als auch für schwierige Proben mit wenig DNA als Ausgangsmaterial, Proben mit qualitativ schlechter DNA oder auch komplexe Mischproben. Das Targeted Amplicon Panel wird, zur Unterstützung der Ermittlungsarbeit, komplexe Verwandtschaftsanalysen ermöglichen, sowie phänotypische und biogeographische Informationen über die Herkunft von Tätern aufdecken. Es ist zu erwarten, dass dies die Bearbeitung jener bisher unlösbaren Fälle drastisch verbessern wird, bei denen Referenzproben von Tatverdächtigen fehlen. Wir werden den vollständigen Arbeitsablauf, das System und die Datenauswertung vorstellen und Daten aus der Validierung und von Kollaborationsstudien präsentieren, inklusive Reproduzierbarkeit, Sensitivität, realen forensischen Proben und Konkordanz mit der Standardkapillarelektrophorese präsentieren.



Notizen

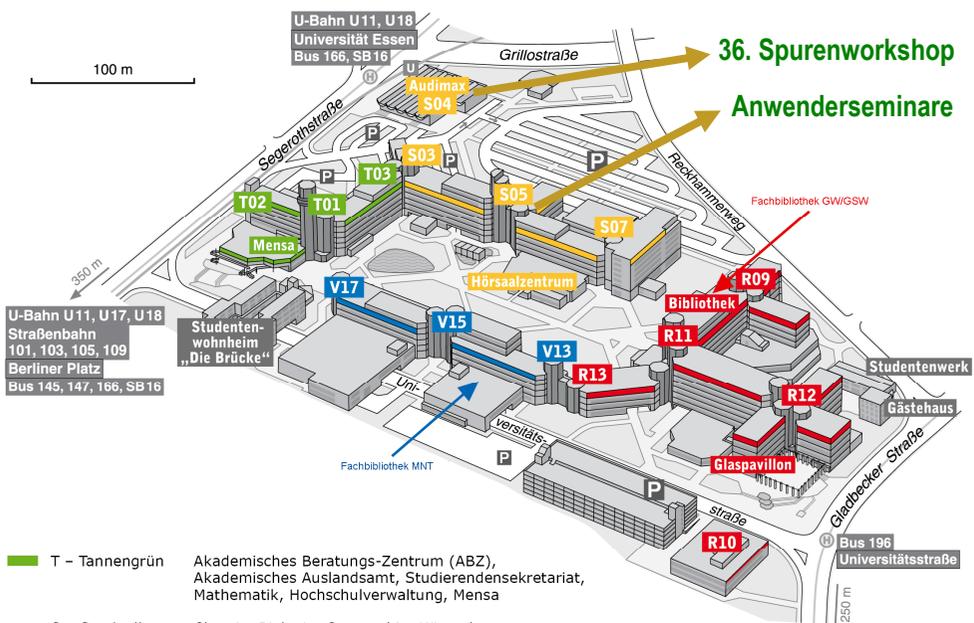
## CAMPUS ESSEN - 36. Spurenworkshop

## CAMPUS ESSEN - Anwenderseminare

Universitätsstraße 2, 45141 Essen

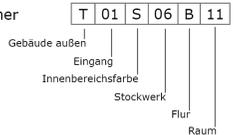
Universitätsstraße 2, 45141 Essen

### CAMPUS ESSEN



- T – Tannengrün Akademisches Beratungs-Zentrum (ABZ), Akademisches Auslandsamt, Studierendensekretariat, Mathematik, Hochschulverwaltung, Mensa
- S – Sandgelb Chemie, Biologie, Geographie, Hörsaalzentrum
- V – Veilchenblau Ingenieurwissenschaften, Geisteswissenschaften
- R – Rot Geisteswissenschaften, Wirtschaftswissenschaften, Bildungswissenschaften, Universitätsbibliothek

Beispiel Raumnummer



**Anreise mit der Bahn ab Hauptbahnhof Essen:**  
 Vom Hauptbahnhof Essen erreicht man schnell die Universität mit den U-Bahnlinien U11 oder U17.

Get Together

**SAUSALITOS**<sup>®</sup>

Am Markt 1, 45127 Essen  
[www.sausalitos.de/mein-sausalitos/essen.html](http://www.sausalitos.de/mein-sausalitos/essen.html)



**weststadthalle**

**Weststadthalle Essen**

Thea-Leymann-Straße 23  
45127 Essen

[www.weststadt-halle.de/anfahrt.html](http://www.weststadt-halle.de/anfahrt.html)

## You'll always insist on Quality Sensor!

Internal STR performance control



- Detect false negatives
- Detect degradation
- Detect inhibition
- Available in ESS and CODIS expansion formats

Interested? Come and meet us at our booth!

For up-to-date licensing information and product-specific disclaimers, see the respective kit handbook or user manual.

Trademarks: QIAGEN®, Sample to Insight®, Investigator® (QIAGEN Group). © 2016 QIAGEN, all rights reserved.

Ordering [www.qiagen.com/contact](http://www.qiagen.com/contact) | Technical Support [support.qiagen.com](mailto:support.qiagen.com) | Website [www.qiagen.com](http://www.qiagen.com)



Behalten Sie den Überblick

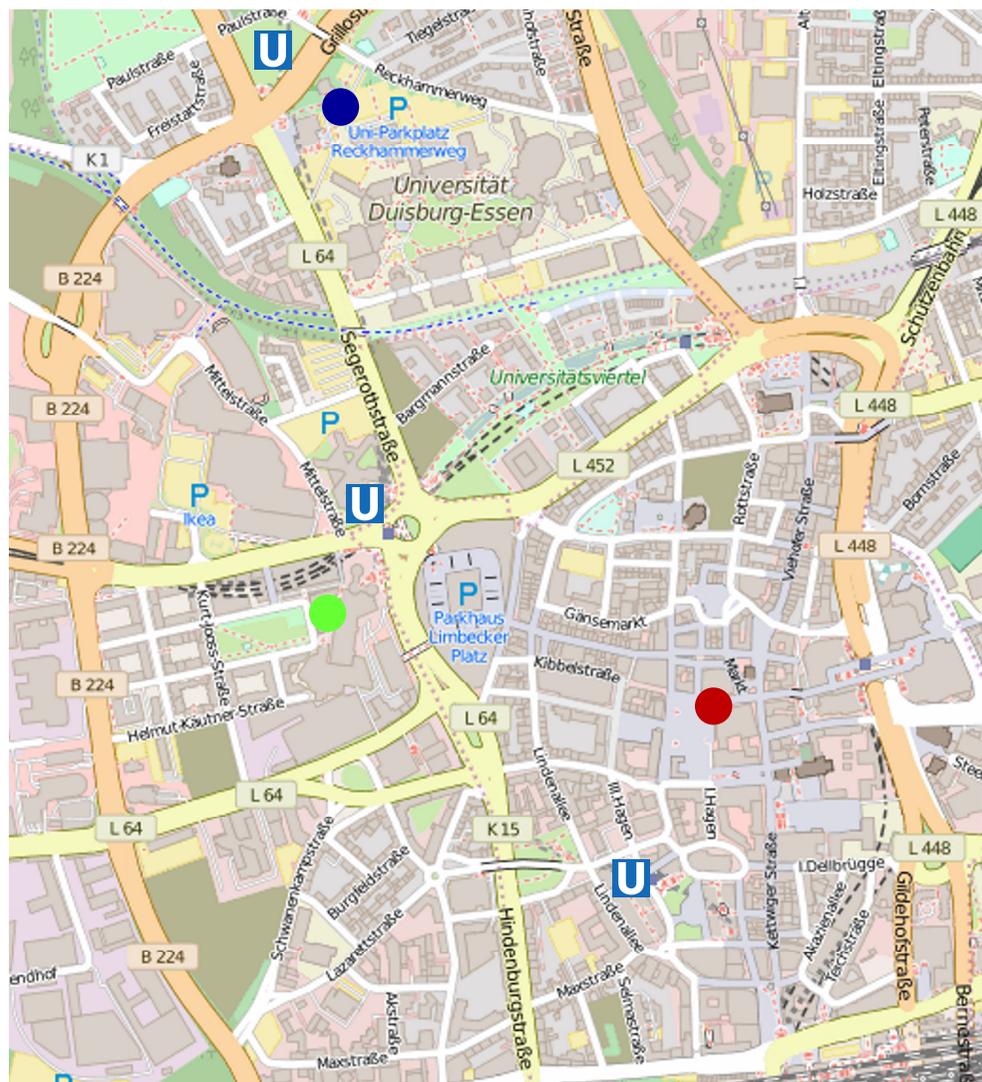
**SAUSALIOS**



**CAMPUS ESSEN**



**weststadthalle**



# Herzlichen Dank für Ihre Unterstützung

abf diagnostics GmbH  
coloprint GmbH  
Galantos Genetics GmbH  
GenXPro GmbH  
HAMILTON Company

**illumina**<sup>®</sup>

I&L Biosystems GmbH  
KISKER BIOTECH GmbH & Co. KG  
MACHEREY-NAGEL GmbH & Co. KG  
MUSCH Studioteknik GmbH



**OPTIMAL SYSTEMS**  
PROMEGA GmbH

Qualitytype GmbH  
SERATEC GmbH



Thermo Fisher Scientific  
Zeichentechnik Herbert Rosenbaum



Stand bei Drucklegung

## Seek truth.

The proof is irrefutable.

Illumina's next-generation DNA-sequencing technology expands the scope of forensic genomics.

Visit booth 3 and discover how to revolutionize your work.

[www.illumina.com/forensicgenomics](http://www.illumina.com/forensicgenomics)

For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures.  
© 2016 Illumina, Inc. All rights reserved. Illumina, and the pumpkin orange color are trademarks of Illumina, Inc. and/or its affiliate(s) in the US and/or other countries.



**illumina**<sup>®</sup>