

# 37. SPURENWORKSHOP



*in Verbindung mit*

**Deutsche Gesellschaft für Rechtsmedizin**

*sowie der*

**Spurenkommission**

der gemeinsamen Kommission rechtsmedizinischer  
und kriminaltechnischer Institute

## 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



**INSTITUT FÜR RECHTSMEDIZIN**  
**Justus-Liebig-Universität Gießen**

Frank Heidorn  
Fachabstammungsgutachter DGAB  
Frankfurter Str. 58  
D-35392 Gießen

Telefon 0641/99 414 27  
Fax 0641/99 414 49  
[Frank.Heidorn@forens.med.uni-giessen.de](mailto:Frank.Heidorn@forens.med.uni-giessen.de)

Liebe Kolleginnen und Kollegen,

wir freuen uns, Sie anlässlich des 37. Spurenworkshops nach Gießen an die Justus-Liebig-Universität einladen zu dürfen.

Verkehrsgünstig in der Mitte Deutschlands gelegen, blickt Gießen auf eine lange Tradition als Ort der Lehre und der Wissenschaft. Die Universität Gießen gehört zu den alten Hohen Schulen des deutschen Sprachgebiets und wurde 1607 von Landgraf Ludwig V. von Hessen-Darmstadt als lutherische Hochschule gegründet, nachdem die gesamt-hessische Philipps-Universität in Marburg durch den neuen Landesherren zu einem Konfessionswechsel zum Calvinismus gezwungen wurde.

Nach dem 2. Weltkrieg wurde die Ludwigs-Universität („Ludoviciana“) umbenannt in Justus-Liebig-Universität und ist heute die zweitgrößte Volluniversität in Hessen. Die Berufung des 21-jährigen Chemikers Justus Liebig 1824 als außerordentlicher Professor für Chemie und Pharmazie an die Ludwigs-Universität - auf Empfehlung Alexander von Humboldts - kennzeichnet den Beginn einer neuen Ära in den Naturwissenschaften, nicht nur in Gießen. Junge, vielversprechende Wissenschaftler bewirkten neue Impulse in ihren jeweiligen Wissensgebieten, so auch der Physiker Wilhelm Conrad Röntgen, der von 1879-1888 ordentlicher Professor an der Ludwigs-Universität war und hier in Gießen 1923 seine letzte Ruhestätte fand. Er entdeckte die nach ihm benannten Röntgenstrahlen, wofür er 1901 den ersten Nobelpreis für Physik erhielt.

Wir tagen demnach in einem traditionsreichen Institut, wenn wir uns zu den wissenschaftlichen Vorträgen und der Präsentation der Ringversuche des 37. Spurenworkshops im Hörsaalgebäude der Physik auf dem Campus der Naturwissenschaften Seltersberg der Justus-Liebig-Universität Gießen zusammenfinden.

Ganz im Sinne des Chemikers Liebig wäre auch der repräsentative Neubau der Chemie, welcher sich in direkter Nachbarschaft zur Physik befindet. Dieser bietet am Donnerstag und Freitagvormittag Räumlichkeiten für Fortbildungen und Anwenderseminare.

Für das Get-Together am Donnerstagabend ist das Gießener Mathematikum vorgesehen, welches uns mit Mathematik zum Anfassen und auch zum Experimentieren einlädt. Die Abendveranstaltung am Freitag findet in der Kongresshalle am Ludwigsplatz statt.

Auf Ihre Teilnahme freuen wir uns sehr und danken insbesondere den Vortragenden für ihren Einsatz.

**Reinhard Dettmeyer**

**Frank Heidorn**

*im Namen der Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter des Instituts für Rechtsmedizin*



Donnerstag, 16.02.2017

vormittags



## Forensische Biostatistik

eine Fortbildungsveranstaltung der Spurenkommission

09:30 - 13:00 Uhr

Neubau Chemie (Seminarraum C103)



## YHRD-Workshop

eine Fortbildungsveranstaltung der  
Charité—Universitätsmedizin Berlin

09:30 - 13:00 Uhr

Neubau Chemie (Hörsaal C2)

nachmittags

14:00-18:00 Uhr

## Sitzung der Spurenkommission

Institut für Rechtsmedizin Gießen



## Einführung in probabilistische Verfahren

eine Fortbildungsveranstaltung der Spurenkommission

14:00—17:00 Uhr

Neubau Chemie (Seminarraum C103)



## EMPOP-Workshop

Forensische mitochondriale DNA Analyse

Eine Fortbildung der Gerichtlichen Medizin Innsbruck

14:00—17:00 Uhr

Neubau Chemie (Seminarraum C105)



## Bestimmung von Körpersekreten und Gewe- bespezifität unter Berücksichtigung von RNA- und DNA-Verfahren

eine Fortbildungsveranstaltung der ISFG

14:00—17:00 Uhr

Neubau Chemie (Hörsaal C2)

Donnerstag, 16.02.2017



**Forensic DNA Technology**

14:00 - 17:00 Uhr

Neubau Chemie (Hörsaal C5a)

Kontakt: [Caroline.Reddick@thermofisher.com](mailto:Caroline.Reddick@thermofisher.com)

Freitag, 17.02.2017



**User Meeting**

9:00 - 12:00 Uhr

Hörsaalgebäude der Physik (Hörsaal I)

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



**Brunch-Seminar**

9:00 - 12:00 Uhr

Neubau Chemie (Hörsaal C1)

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



**User Meeting**

9:00 - 12:00 Uhr

Neubau Chemie (Hörsaal C2)

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



**User Meeting**

9:00 - 12:00 Uhr

Neubau Chemie (Hörsaal C103)

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

**Freitag, 17.02.2017**

09:00-12:00 Uhr	<b>Sitzung der Spurenkommission</b> Institut für Rechtsmedizin Gießen
ab 12:00 Uhr	<b>Begrüßungsimbiss</b> <span style="float: right;"><b>Hörsaalgebäude Physik</b></span>
12:30-13:15 Uhr	<b>Treffen der deutschsprachigen Arbeitsgruppe der ISFG</b> <span style="float: right;"><b>Hörsaal IV</b></span>
<b>Zeit</b>	<b>Grußworte</b> <span style="float: right;"><b>Großer Hörsaal I</b></span>
13:30 Uhr	<p>Prof. Dr. med. Dr. jur. R. Dettmeyer <i>Direktor des Instituts für Rechtsmedizin Gießen</i></p> <p>Prof. Dr. med. W. Weidner <i>Dekan der Medizinischen Fakultät der Justus Liebig Universität Gießen</i></p> <p>Prof. Dr. med. T. Bajanowski <i>Präsident der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin</i></p> <p>Prof. Dr. rer. nat. P. Schneider <i>Vorsitzender der Spurenkommission der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin</i></p>
14:00 Uhr	<b>Gastvortrag</b> Rechtliche Anforderungen der DNA-Feststellung - aktueller Stand und Ausblick <i>Prof. Dr. jur. B. Kretschmer</i>
<b>Wissenschaftliches Programm</b>	
	<b>Vorsitz:</b> Harald Schneider und Richard Zehner
14:20 Uhr	Optimierung von STR-Profilen aus einzelnen, telogenen Haaren <i>Sarah Aurora Heß, Richard Jäger (Rheinbach)</i>
14:32 Uhr	Wider die Elemente! - Nachweisbarkeit von DNA-Profilen in Wasch- und Brandversuchen. <i>Oliver Krebs, Anke Klein, Carolin Edler, Nadine Griem, Christa Augustin (Hamburg)</i>
14:44 Uhr	Vergleichende DNA-Untersuchung von Skelettelementen an Schädelknochen <i>G. Kulstein und P. Wiegand (Ulm)</i>
14:56 Uhr	STRoe deer: ein neuer Multiplex zur Genotypisierung von Rehen <i>Nadja V. Morf, A. Kratzer (Zürich)</i>
15:08 Uhr	<b>Kaffeepause</b>

**Freitag, 17.02.2017**

Zeit	Vorträge
	<b>Vorsitz:</b> Anja Klann und Lutz Roewer
15:40 Uhr	Blutspurenmuster - Verteilungsanalyse auf Flugdienstsonderbekleidung der deutschen Luftwaffe <i>Michael J. Schwerer, Matthias Graw, Martin M. Schulz (Fürstenfeldbruck, München)</i>
16:52 Uhr	Unklarer zellulärer Ursprung eines DNA-Profiles – ein Fallbeispiel <i>Kristina Schwender, Hannah Holtkötter, Kristina Schulze Johann, Sabrina Banken, Marianne Schürenkamp, Ulla Sibbing, Heidi Pfeiffer, Marielle Vennemann (Münster)</i>
16:04 Uhr	Analyse differentieller miRNA-Expression zur Identifikation forensisch relevanter Organgewebe <i>Eva Sauer, Antje Extra, Philipp Cachée, Cornelius Courts (Kiel, Michendorf)</i>
16:16 Uhr	Entwicklung eines robusten Multiplex-Assays zur Identifizierung forensisch relevanter Körperflüssigkeiten mittels methylierungssensitiver SBE-Analyse <i>H. Holtkötter, K. Schulze Johann, K. Schwender, L. Dennany, S. Banken, M. Schürenkamp, U. Sibbing, H. Pfeiffer, M. Vennemann (Münster)</i>
16:30 Uhr	<b>Kaffeepause</b>
16:50 Uhr	Erste Ergebnisse zu dem Ringversuch der Spurenkommission zur Auswertung von Mischspuren <i>K. Anslinger, V. Weirich, R. Fimmers, P. Schneider (München, Rampe, Bonn, Köln)</i>
17:05–18:30 Uhr	Ergebnisse der GEDNP-Ringversuche 52 und 53 <i>Carsten Hohoff, Karin Schnöink, Bernd Brinkmann, (Münster)</i>
<b>19:30 Uhr</b> (Einlass 19:00 Uhr)	<b>Abendveranstaltung in der Kongresshalle Gießen</b>

**Samstag, 18.02.2017**

**Hörsaalgebäude Physik**

Zeit	Vorträge	Hörsaal I
	<b>Vorsitz:</b> Katja Anslinger und Volker Weirich	
09:30 Uhr	Detect only the answers that matter: Introducing the new Applied Biosystems™ NGM Detect™ PCR Amplification Kit <i>Anke Kruger, Gottfried Weichhold, Philipp Habermeier, Thomas Simon, Laura Pelleymounter (Darmstadt)</i>	
09:42 Uhr	Entwicklung eines neuen robusten qPCR-Assays zur Quantitäts- und Qualitätsbestimmung humaner DNA in forensischen Proben <i>Miroslav Vraneš, Stefan Cornelius, Sven Bellert, Mario Scherer, Michael Bussmann, Anke Prochnow, Ralf Peist (Hilden)</i>	
09:54 Uhr	Komplexe Mischspurenanalyse – kontinuierlich einfach <i>Frank Götz, Holger Schönborn (Dresden)</i>	
10:08 Uhr	The interpretation of complex DNA profiles using STRmix <i>Adam R McCarthy (UK)</i>	
10:20 Uhr	Verwendung semi-kontinuierlicher Verfahren zur Bewertung komplexer DNA-Profile <i>Marielle Vennemann, Kristina Schwender, Hannah Holtkötter, Kristina Schulze Johann, Sabrina Banken, Marianne Schürenkamp, Ulla Sibbing, Heidi Pfeiffer (Münster)</i>	
10:32 Uhr	<b>Kaffeepause</b>	



**Samstag, 18.02.2017**

Zeit	Vorträge
	<b>Vorsitz:</b> Walter Parson und Marielle Vennemann
11:00 Uhr	Aus Drei mach Zwei <i>D. von Máriássy, B. Bayer, K. Anslinger (München)</i>
11:12 Uhr	Haplotyp spezifische Extraktion: Eine wertvolle Option zur Trennung von mitochondrialen DNA Mischungen <i>J. Zander, L. Roewer, M. Nagy (Berlin)</i>
11:24 Uhr	Erste Ergebnisse des DNaseqEx-Projekts aus Berlin – Informationsgewinn durch MPS? <i>S. Köcher, S. Willuweit, M. Nagy, L. Roewer (Berlin)</i>
11:40 Uhr	<b>Lunch</b>
	<b>Vorsitz:</b> Uta Immel und Sabine Lutz-Bonengel
12:30 Uhr	Next-Generation Sequencing für die forensische Genetik: Entwicklung und Evaluation eines 17-plex PCR-Kits <i>Sebastian Ganschow, Céline Pfeifer, Peter Wiegand, Carsten Tiemann (Bad Salzuflen, Ulm)</i>
12:42 Uhr	Massive Parallel Sequencing zur Bestimmung des chronologischen Alters eines Individuums <i>Jana Naue, Marloes van der Zwalm, Peter Henneman, Pernette J. Verschure, Ate Kloosterman (Amsterdam, Den Haag, Niederlande)</i>
12:54 Uhr	Forensic application of microbiome profiling <i>Lisa-Marie Link, Jens Söchtig, Irmgard Riedmaier-Sprenzel, Burkhard Rolf (Ebersberg)</i>
13:06 Uhr	<b>Schlussworte</b>
	<b>Abschiedskaffee</b>

## Optimierung von STR-Profilen aus einzelnen, telogenen Haaren

Sarah Aurora Heß, Richard Jäger, Hochschule Bonn-Rhein-Sieg, Fachbereich Angewandte Naturwissenschaften, Forensische Biologie, von-Liebig Str. 20, 533359 Rheinbach

**Die am häufigsten gefundenen Spurentypen sind einzelne telogene Haare, die oft nicht für forensische DNA-Typisierungen genutzt werden, da die geringe Menge und Integrität ihrer nukleären DNA meist in unvollständigen Profilen resultiert. Um Einzelhaare zu identifizieren, die erfolgreich typisiert werden können, wurde eine hochsensitive Real-Time (RT)-PCR-basierte Methode entwickelt, mit der simultan sowohl der Grad der DNA-Degradation als auch der DNA-Gesamtmenge bestimmt werden kann. Durch die Anwendung dieser Methode auf Einzelhaare ist es uns gelungen, eine Korrelation zwischen DNA-Quantität und DNA-Integrität von menschlichen telogenen Haaren zu beschreiben.**

Die Methode basiert auf einem ca. 400-mal im menschlichen Genom vorkommenden multi-copy-Lokus. Zur Quantifizierung dient dabei ein kurzes (67 bp) Amplikon, während die Integrität der DNA mittels eines großen Amplikons (362 bp) ermittelt wird, das anfällig für DNA-Degradation ist. Das Verfahren wurde mittels unterschiedlich lange DNaseI-verdauter HeLa-DNA validiert. Das kurze Amplikon zeigte sich von Degradation weitgehend unbeeinflusst und dient daher als Maß für die DNA-Menge. Erwartungsgemäß nahmen die Ct-Werte des großen Amplikons mit ansteigender Dauer des Verdaus zu; es wird daher genutzt, um die Integrität der DNA zu ermitteln. Mittels der Ct-Werte wird ein D-Wert ermittelt, der ein Maß der DNA-Integrität darstellt. Hierbei gelingt die Quantifizierung selbst noch bei 1 pg DNA.

Die RT-PCR-Methode wurde nachfolgend auf DNA aus humanen Haaren angewandt. Telogene Einzelhaare ohne anhaftendes Gewebe erbrachten bis zu 1 ng DNA bei D-Werten von  $\leq 0,1$ . Bei solchen D-Werten kommt es in hohem Maße zu Locus- und Allel-Drop-Outs. Dagegen lieferten telogene Einzelhaare mit anhaftendem Gewebe Ausbeuten bis von zu 55 ng DNA und D-Werte zwischen 0,2–0,1, die eine STR-Analytik noch sinnvoll erscheinen lassen.

Die STR-Analysen bestätigten daher, dass umso weniger Allele korrekt zugeordnet werden können, je kleiner der D-Wert ist. Somit ist der D-Wert ein kostengünstiges Maß, um zu entscheiden, ob eine STR-Typisierung partiell degradierter DNA-Proben auch bei sehr geringen DNA-Mengen noch sinnvoll ist.

## **Wider die Elemente!**

### **- Nachweisbarkeit von DNA-Profilen in Wasch- und Brandversuchen.**

Oliver Krebs , Anke Klein , Carolin Edler , Nadine Griem , Christa Augustin  
Institut für Rechtsmedizin Hamburg

DNA ist ein stabiles und widerstandsfähiges Molekül, aber auch dieser Resilienz sind Grenzen gesetzt. Wo liegen diese Grenzen? Wasser und Feuer sind die größten Feinde des forensischen Molekulargenetikers. Ob ein Täter nun die blutbefleckte Kleidung bereits gewaschen hat oder zur Spurenvernichtung ein Feuer gelegt wurde - verwertbare DNA-Spuren erwartet man eher nicht. Aber wie wahrscheinlich ist es tatsächlich, in solchen Fällen DNA zu finden?

Im Rahmen von zwei Bachelorarbeiten in Zusammenarbeit mit der Polizeiakademie Hamburg wurden folgende Fragestellungen bearbeitet:

Wie gut lassen sich Blutspuren aus Kleidungsstücken auswaschen? Dazu wurden sowohl Hand- und Maschinenwäsche, als auch unterschiedliche Gewebe, Waschmittel und Waschttemperaturen miteinander verglichen.

Wie stark wird DNA durch thermische Einwirkung zerstört? Für die Bearbeitung dieser Fragestellung wurden typische Tatwerkzeuge (Schraubendreher, Messer, etc.) bzw. Oberflächen (Kacheln, Glas, etc.) mit Blut präpariert und in einem Brandsimulationscontainer der Feuerwehrrakademie Hamburg Temperaturen von 300°C, 700°C und 1000°C ausgesetzt.

Nach den Versuchsreihen wurden zuerst Luminoluntersuchungen durchgeführt und später von Ausschnitten bzw. Abrieben der Asservate DNA-Analysen. Bei den Waschversuchen war die Luminoluntersuchung bei fast allen Stoffen, Reinigungsmitteln und Temperaturen positiv. Der Nachweis einer hohen Zahl an Allelen war trotz Behandlung mit z.B. Bleiche durchaus möglich.

Bei den Brandversuchen zeigten fast alle Gegenstände unabhängig von der Temperatur positive Luminolreaktionen. Die DNA-Analyse war erfolgreicher als bei den Waschversuchen. DNA-Profile waren an allen Asservaten nachweisbar.

Es zeigt sich somit, dass es lohnenswert sein kann, selbst bei durch Brand in Mitleidenschaft gezogenen oder gewaschenen Asservaten, eine DNA-Analyse durchzuführen und vorher ggf. durch eine Luminolanwendung die Blutantragung zu lokalisieren.

## Vergleichende DNA-Untersuchung von Skelettelementen an Schädelknochen

G. Kulstein und P. Wiegand

Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Ulm, Albert-Einstein-Allee 11, 89081 Ulm  
[galina.kulstein@uniklinik-ulm.de](mailto:galina.kulstein@uniklinik-ulm.de)

Die Bearbeitung von Knochenfunden ist häufig ein schweres Unterfangen, da das zu untersuchende Material in Abhängigkeit von Umweltfaktoren und Liegezeit stark degradiert sein kann. Aufgrund der verhältnismäßig guten DNA-Präservierung werden Oberschenkelknochen und Zähne zur STR-Typisierung favorisiert. Handelt es sich allerdings um singuläre Skelettfunde empfiehlt es sich besonders kompakte und dichte Knochenregionen zur DNA-Untersuchung einzusetzen. Im Rahmen von polizeilichen Ermittlungsarbeiten werden zyklisch Schädelknochen durch Zufallsfunde asserviert. Dem Institut für Rechtsmedizin in Ulm wurde in den Jahren 2010 bis 2015 jährlich mindestens einer solcher Zufallsfunde zur Begutachtung zwecks Identifizierung übergeben. Schädelknochen setzen sich aus verschiedenen Elementen – dem Os frontale, Os sphenoidale, Os parietale, Os temporale und Os occipitale – zusammen. Das Os temporale beinhaltet das Felsenbein, die Pars petrosa, den robustesten Knochen im menschlichen Skelett, der sich durch seine geschützte Lage gut zur DNA-Untersuchung eignen dürfte.

Im Rahmen einer vergleichenden Examinierung am vorhandenen Schädelkollektiv wurde das Potential einzelner Skelettelemente, unter besonderer Berücksichtigung der Pars petrosa, des Felsenbeins, für die DNA-Untersuchung evaluiert.

Die Knochelemente wurden mit Hilfe eines optimierten Arbeitsablaufs bearbeitet: dieser erstreckt sich von einer zielgerichteten Anarbeitungs- und Extraktionsphase bis hin zur sensitiven STR-Typisierung.

Die Ergebnisse bestätigen das Potential des Felsenbeins zur DNA-Untersuchung bei singulären Schädelknochen, da im Großteil der Fälle im Vergleich zu anderen untersuchten Elementen (darunter auch Zähne und Oberschenkelknochen) mitteilungsfähige (Voll)Profile gewonnen werden konnten.

## **STRoe deer: ein neuer Multiplex zur Genotypisierung von Rehen**

Nadja V. Morf, A. Kratzer  
Institut für Rechtsmedizin Zürich, Forensische Genetik,  
Universität Zürich, Zürich, Schweiz

Wie sich in den letzten Jahren gezeigt hat, besteht ein Bedarf an DNA-Analysen bei tierischen Proben. Beispielsweise bei Wilderei, Tierquälerei oder Fahrerflucht nach Wildschäden, ist eine individuelle Typisierung von heimischen (Wild)-Tieren notwendig. Da die Anzahl dieser Fälle trotz steigender Nachfrage nach wie vor gering sind, gibt es kaum validierte Methoden, die den forensischen Richtlinien entsprechen.

Um diesem Bedürfnis nachzukommen, haben wir an unserem Institut ein Projekt gestartet, das darauf ausgerichtet ist, mittels Short Tandem Repeats (STRs) in einem Multiplex Ansatz das DNA-Profil von Wildtieren zu erstellen. In einem ersten Schritt haben wir uns auf Reh-Proben ausgerichtet, um Rehe, basierend auf den ISFG Richtlinien für tierische Analysen, individuell unterscheiden zu können. In unserer STRoe deer Multiplex Reaktion werden 13 Tetranukleotid-Marker sowie zwei geschlechtsspezifische Marker untersucht. Um die Resultate statistisch gewichten zu können, wurden ca. 500 Referenzproben von in der Schweiz lebenden Rehen analysiert.

Die Auswertung dieser Proben hat gezeigt, dass die durchschnittliche Probability of Identity (PI) bei  $3.5 \times 10^{-13}$  liegt und somit eine zufällige Übereinstimmung der DNA-Profile zweier Individuen praktisch ausgeschlossen werden kann. Anhand eines möglichen Fallbeispiels möchten wir Funktionsweise, Resultate und Nutzen unseres Reh-Multiplex veranschaulichen.

## **Blutspurenmuster - Verteilungsanalyse auf Flugdienstsonderbekleidung der deutschen Luftwaffe**

Michael J. Schwerer<sup>1</sup>, Matthias Graw<sup>2</sup>, Martin M. Schulz<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

**Hintergrund:** Die Blutspurenmuster - Verteilungsanalyse kann entscheidend zur Rekonstruktion von kriminellen Handlungen bzw. von Unfallereignissen beitragen. Insbesondere stoß- und fliehkraftbedingte Spritzspuren sind zum Verständnis dynamischer Abläufe informativ. Aufgrund ihrer dynamischen Entstehungsmechanismen und ballistischen Eigenschaften stehen diese Minimalspuren meist in direktem zeitlichem und räumlichem Zusammenhang mit traumatischen Ereignissen. Die Detektion und Dokumentation derartiger Mikrospuren hängt jedoch entscheidend von der Oberflächentextur und den optischen (Reflexions-) Eigenschaften des Spurenträgers ab. Textile Materialien, insbesondere mit dunkler Einfärbung, sind dabei besonders problematisch.

**Methodik:** Zur Klärung der Frage, wie Blutspuren auf Flugdienstsonderbekleidung der Luftwaffe umfassend und sicher dargestellt werden können wurden auf entsprechenden Uniformteilen im Labor artifizielle Spurenbilder aus 100 µl Vollblut erzeugt. Diese wurden zunächst bei Normalbeleuchtung (NB) in Augenschein genommen. Anschließend erfolgte eine ergänzende Begutachtung im Nahinfrarotbereich (NIR, ca. 800 – 1200 nm) bzw. nahe dem Ultraviolettbereich (NUV, ca. 400 nm).

**Ergebnisse:** Unabhängig vom textilen Grundmaterial war auf dunkelblau eingefärbten Uniformteilen mit Licht im NIR-Wellenlängenbereich eine deutlich verbesserte Erfassung sowohl groß- als auch kleinfleckiger Blutantragungen im Vergleich zur NB zu verzeichnen. Licht im NUV-Bereich führte hingegen zu keiner Verbesserung der Spurenvizualisierung bei diesen Uniformteilen. Blutantragungen auf schwarz gefärbtem Leder, etwa des Gürtels, waren mit keinem der getesteten Verfahren sicher darstellbar. Auf der Pilotenjacke aus grauem Leder bzw. grüner Kunstfaser war die Kontrastverstärkung zwischen Blutspur und umgebendem Textil durch Licht von ca. 400 nm Wellenlänge den Ergebnissen im NIR-Bereich überlegen. Auf den grau bzw. grün eingefärbten Kunstfasergeweben des Fliegeroveralls war, augenscheinlich aufgrund der textilen Grundstruktur, in allen optischen Bereichen ein nur gering kontrastiertes Spurenbild zu beobachten. Im NIR-Bereich bestand dabei zudem die Gefahr einer Maskierung feiner Spuren durch Kontrastminderung.

**Zusammenfassung:** Eine umfassende und sichere Darstellung von Blutspurenbildern auf Fliegersonderbekleidung der Luftwaffe erfordert zwingend die Hinzuziehung optischer Spezialverfahren im NIR-/ NUV-Wellenlängenbereich.

## **Unklarer zellulärer Ursprung eines DNA-Profiles – ein Fallbeispiel**

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

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

In einem Fall des sexuellen Missbrauchs eines achtjährigen Jungen wurden unserem Institut diverse Kleidungsstücke und Abstriche des Geschädigten sowie des Beschuldigten zur Analyse übergeben.

Abstriche des perianalen Bereichs des Geschädigten zeigten ein stark ausgeprägtes DNA-Profil, das mit dem Profil des Tatverdächtigen übereinstimmte. Sämtliche Analysen zum Nachweis von Körperflüssigkeiten verliefen negativ, so dass sich kein Hinweis auf das Vorliegen von Ejakulat, Blut oder Speichel ergab.

Um sich der Frage nach dem zellulären Ursprung dieses DNA-Profiles zu nähern, wurden diverse Überlegungen angestellt und Versuchsreihen durchgeführt, deren Ergebnisse vorgestellt und diskutiert werden sollen.

## **Analyse differentieller miRNA-Expression zur Identifikation forensisch relevanter Organgewebe**

Eva Sauer<sup>1</sup>, Antje Extra<sup>1</sup>, Philipp Cachée<sup>2</sup>, Cornelius Courts<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Rechtsmedizin, Universität Schleswig-Holstein Kiel, Arnold-Heller-Straße 12, 24105 Kiel, Deutschland

<sup>2</sup>Sachverständigenbüro Cachée, Saarmunder Straße 3A, 14552 Michendorf, Deutschland

Die Identifikation von Organgeweben in biologischem Spurenmaterial kann einen bedeutenden Beitrag zur Rekonstruktion schwerer Straftaten darstellen, beispielsweise, indem durch Nachweis differentieller Verteilung humanen Organgewebes auf einer Messerklinge die Einstichtiefe und damit Schwere und Gefährlichkeit der Verletzung angezeigt und zugleich die Waffe in Verbindung mit einer spezifischen Wunde einer geschädigten Person gebracht wird. Andere mögliche Szenarien umfassen Schusswaffendelikte unter Beteiligung mehrerer Schützen und Feuerwaffen – hierbei kann die RNA-basierte Identifikation von Organgeweben aus Rückschleuderspuren an/in Waffen und Tatorten Hinweise z.B. darauf erbringen, aus welcher Waffe der tödliche Schuss abgegeben wurde.

Aufbauend auf einer evidenzbasierten Normalisierungsstrategie für mittels quantitativer PCR gemessene miRNA-Expressionsdaten werden in unserer Arbeit eine Reihe organspezifischer miRNA- Marker vorgestellt. Die Vorauswahl geeigneter miRNA-Kandidaten erfolgte anhand eines die miRBase in der v.18 abbildenden MicroArray-Screenings, sowie umfassender Literaturrecherche. Ausgehend von einem ausführlichen Selektions- und Validierungsprozess wurde eine möglichst reduzierte und anwendungsnahe Strategie entwickelt, um die forensisch relevanten Organe Lunge, Leber, Hirn, Niere, Skelettmuskel, Herzmuskel sowie Haut zu identifizieren. Die Anwendung der binären und multinomialen logistischen Regression zur eindeutigen Klassifizierung der erhaltenen Werte gewährleistet dabei eine objektive Identifizierung der Organe. Die Eignung der erarbeiteten Strategie wurde anschließend an verschiedenen forensisch-realistischen Proben, darunter aus experimentellen Messerstichen und Beschüssen, erprobt.



## **Entwicklung eines robusten Multiplex- Assays zur Identifizierung forensisch relevanter Körperflüssigkeiten mittels methylierungssensitiver SBE-Analyse**

H. Holtkötter, K. Schulze Johann, K. Schwender, L. Dennany, S. Banken, M. Schürenkamp, U. Sibbing, H. Pfeiffer, M. Vennemann

*Institut für Rechtsmedizin, Westfälische Wilhelms-Universität Münster, Münster, Deutschland*

Eine Form der epigenetischen Veränderung, die in Zusammenhang mit Zelldifferenzierung und Zellproliferation steht, ist die DNA-Methylierung. Es wird angenommen, dass DNA-Methylierung gewebespezifisch ist und sogenannte DNA-Methylierungsmuster daher als Marker für die Identifikation von Geweben und Körperflüssigkeiten genutzt werden können. Diese „tissue-specific differentially methylated regions“ (tDMRs) weisen je nach Gewebetyp unterschiedliche Methylierungsgrade auf. Für unsere Studie wurden insgesamt 12 tDMRs zur Erstellung von DNA-Methylierungsprofilen aus relevanter Literatur ausgewählt. Darunter Marker zur Identifikation von venösem Blut, Speichel, Menstruationsblut und Ejakulat. Im Singleplex-Assay wurden diese Marker auf Spezifität, Reproduzierbarkeit und Relevanz getestet, um ausschließlich aussagekräftige Marker in einem Multiplex-Assay zur Analyse des Methylierungslevels mittels single base extension (SBE)-Methode zu kombinieren. Das entwickelte Multiplex-Assay und die Anwendung werden in diesem Vortrag vorgestellt und diskutiert.

## **Detect only the answers that matter: Introducing the new Applied Biosystems™ NGM Detect™ PCR Amplification Kit**

Anke Kruger\*, Gottfried Weichhold\*, Philipp Habermeier\*, Thomas Simon\*,  
Laura Pellemounter (\*Thermo Fisher Scientific)

The new Applied Biosystems™ NGM Detect™ PCR Amplification Kit allows you to get more out of less. It is specifically designed for compatibility with European database requirements with positioning of markers with the highest representation in databases to be prioritized to enhance recovery of searchable information from casework samples. This is achieved by the use of 6-dye technology and by minimizing the size of highly discriminating markers such as SE33 in the sub-350bp range to support confident interpretation of challenging samples like mixtures and even degraded samples.

This kit provides an alternate configuration to the well-established Applied Biosystems™ NGM SElect™ PCR Amplification Kit. With loci in common but different primer sequences and marker positions, the combination of both kits enables you to maximize information recovery even from the most difficult casework samples.

An improved master mix formulation coupled with a capacity for higher sample volume input provides superior sensitivity.

Further enhancements like the inclusion of an additional Y-marker for sex confirmation as well as an integrated quality control system give you the highest possible confidence in your results.

## **Entwicklung eines neuen robusten qPCR-Assays zur Quantitäts- und Qualitätsbestimmung humaner DNA in forensischen Proben**

Miroslav Vraneš, Stefan Cornelius, Sven Bellert, Mario Scherer, Michael Busmann, Anke Prochnow und Ralf Peist  
QIAGEN GmbH, Hilden, Deutschland

Die DNA-Quantifizierung stellt den ersten Arbeitsschritt in der forensischen DNA-Profilierung dar und ist der STR-Analyse vorgeschaltet. Humane DNA, die aus verschiedenen forensischen Proben isoliert wird kann mit Inhibitoren kontaminiert oder degradiert sein. Die STR-PCR-Analyse an sich stellt ein komplexes Multiplex-PCR-System dar, welches auf einen bestimmten DNA-Mengenbereich bzw. eine Mindest-DNA-Qualität angewiesen ist, um verlässliche und akkurate Ergebnisse zu liefern. Daher sollte die DNA-Quantifizierung nicht nur als Arbeitsschritt zur Bestimmung der DNA-Konzentration verstanden werden, sondern auch zur Qualitätssicherung genutzt werden, um ein aussagekräftiges STR-Profil zu erstellen.

QIAGEN präsentiert Daten des neuen Investigator Quantiplex Pro Kits, das nicht nur den männlichen DNA-Anteil am humanen Gesamt-DNA-Anteil bestimmen kann, sondern auch gleichzeitig die DNA-Integrität überprüft und die Anwesenheit von potentiellen PCR-Inhibitoren in der forensischen Probe anzeigt.

Das Kit basiert auf einer neuen „Fast-Cycling“ PCR-Chemie und ermöglicht eine schnelle, robuste und präzise DNA-Quantifizierung. Darüber hinaus ist eine Quantifizierung selbst kleinster Mengen männlicher DNA in Spuren mit hohem Anteil an weiblicher DNA gewährleistet. Die neuentwickelte Interne PCR-Kontrolle ist durch eine verbesserte Korrelation zu den STR-Ergebnissen gekennzeichnet. Die hohe Sensitivität, schnelle und robuste Quantifizierung mit dem neuen Investigator Quantiplex Pro ermöglicht eine reduzierte Anzahl an wiederholten Analysen, einen minimierten Arbeitsaufwand und einen effizienteren Arbeitsablauf im Labor.

## **Komplexe Mischspurenanalyse – kontinuierlich einfach**

Frank Götz, Holger Schönborn  
Qualitytype GmbH, Dresden, Deutschland

Die Analyse komplexer Mischspuren ist auch heute noch eine der schwierigsten Aufgaben für Gutachter. Zur biostatistischen Bewertung der Mischspuren werden heute verschiedenste Modelle und Werkzeuge eingesetzt. Besonders das vollständig-kontinuierliche Mischspurenmodell zeigt hier ein großes Potential zur Analyse komplexer Mischspuren. Beim Übergang vom binären, über das halb-kontinuierliche bis hin zum vollständig-kontinuierlichen Modell, kann die Aussagekraft des Likelihood Ratio deutlich gesteigert werden.

Im Rahmen unserer Forschung und Weiterentwicklung der Software GenoProof Mixture haben wir verschiedene Ansätze zur Umsetzung eines kontinuierlichen Mischspurenmodells verfolgt. Im Mittelpunkt unserer Entwicklung stand die Gewichtung der Wahrscheinlichkeiten der möglichen Genotypkonstellationen.

Die von uns umgesetzte Methode ermöglicht unter Verwendung einer Markov-Chain-Monte-Carlo-Simulation eine Wichtung aller möglichen Genotypkonstellationen, mit denen eine untersuchte Mischspur erklärt werden kann. Sie berücksichtigt eine Vielzahl von Parametern wie z.B. Peakhöhen, Stutter und Allel Drop-in/Drop-out Ereignisse, um möglichst gute Ergebnisse zu liefern. Die entwickelten Algorithmen wurden zudem optimiert, um eine möglichst schnelle Berechnung auch auf Standardcomputern zu ermöglichen.

Zum besseren Verständnis der jeweils durchgeführten Analyse wurden zusätzlich graphische Werkzeuge entwickelt, die eine transparente Übersicht über den Einfluss der jeweiligen Parameter liefern und so die Erklärung der jeweiligen Ergebnisse erleichtern.

An Hand von Beispielen, die mit unseren Forschungspartnern durchgeführten Validierungsstudien, zeigen wir die praktische Nutzung dieser Mischspurenauswertung.

## **The interpretation of complex DNA profiles using STRmix**

Adam R McCarthy  
STRmix™, UK

For many years the value of a probabilistic approach to complex DNA profiles has been known. The more powerful methods account for peak heights, forward and backward stutter and are a strong advance in power and objectivity.

Using peak heights it is necessary to estimate a complex integral and the only mathematically sustainable methods identified to date are based on MCMC or brute force integration. The appearance of practical implementations of such methods has initiated a change in North America, Britain and Ireland, and parts of Europe.

To demonstrate reliability of such methods large scale calibration of the likelihood ratios is required. We present here an outline of such calibrations and some emerging developments such as importance sampling to enable large false donor tests on a per case basis.

## **Verwendung semi-kontinuierlicher Verfahren zur Bewertung komplexer DNA-Profile**

Marielle Vennemann, Kristina Schwender, Hannah Holtkötter, Kristina Schulze Johann, Sabrina Banken, Marianne Schürenkamp, Ulla Sibbing, Heidi Pfeiffer  
Institut für Rechtsmedizin, Universität Münster, Röntgenstr. 23, 48149 Münster

Semi-kontinuierliche Rechenverfahren sind in der Lage, stochastische Ereignisse wie Drop-out und Drop-in zu berücksichtigen und erlauben somit eine Berechnung des Likelihood-Quotienten auch an schwierigem Spurenmaterial.

Anhand mehrerer Beispiele aus der Fallarbeit sollen die Möglichkeiten und Grenzen des Verfahrens aufgezeigt werden. Zudem sollen die notwendigen Rahmenbedingungen für die Benutzung probabilistischer Methoden kritisch diskutiert werden.

## **Aus Drei mach Zwei**

D. von Máriašsy, B. Bayer, K. Anslinger

Institut für Rechtsmedizin der Ludwig-Maximilians-Universität München

Im Rahmen eines Sexualdelikts wurde bei der Geschädigten unter anderem ein Abrieb von einem Hautdefekt am Oberschenkel gefertigt. Bei der Genotypisierung konnte eine Merkmal-mischung aus den DNA-Merkmalen der Geschädigten und mindestens zwei weiteren Perso-nen festgestellt werden. Die anschließende Untersuchung eines Mundschleimhautabstriches des Tatverdächtigen, der eine Knochenmarktransplantation erhalten hatte, ergab eine Merk-malmischung aus Empfänger- und Spendermerkmalen.

Ein Abgleich der beiden Profile erbrachte, dass sich die Merkmal-mischung der Spur vollstän-dig durch die DNA-Merkmale der Geschädigten und den Empfänger- und Spendermerkmalen des Tatverdächtigen erklärt ließ. Da am Abrieb vom Hautdefekt keine Blutantragungen fest-stellbar waren, wurde vom Tatverdächtigen, neben weiteren Vergleichsproben auch ein Abrieb von einer Handinnenfläche untersucht. Auch hier zeigte sich bei der Genotypisierung eine Merkmal-mischung aus Empfänger- und Spendermerkmalen. Eine Erklärung hierfür könnten neu, aus Monozyten des Spenderknochenmarks proliferierte, Langerhans Zellen liefern. Um diese These zu prüfen wird nun eine Studie durchgeführt, bei der verschiedene Hautabriebe von Personen, die eine Stammzell- bzw. eine Knochenmarktransplantation erhalten haben, untersucht werden.

## Haplotyp spezifische Extraktion: Eine wertvolle Option zur Trennung von mitochondrialen DNA Mischungen

J. Zander, L. Roewer, M. Nagy

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

Die Untersuchung biologischen Materials, welches von mehr als einer Person stammt, stellt in der forensischen Fallarbeit eine besondere Herausforderung dar, da dies oft zu einem schwer interpretierbaren Mischprofil führt. Problematisch, aber dennoch lösbar, sind Mischspuren mit extrem unterschiedlichen Anteilen der einzelnen Komponenten in der autosomalen STR-Analyse, da eine deutliche Hauptkomponente erkennbar und ableitbar ist. Unlösbar wird es jedoch, wenn es sich hierbei um mitochondriale DNA-Mischprofile handelt, unabhängig davon in welchem Verhältnis die jeweiligen Komponenten stehen. Demnach ist ein Abgleich des mitochondrialen Identifizierungsmusters zum Zwecke der Ermittlung einer gemeinsamen maternalen Linie mit Mischprofilen absolut nicht möglich.

Aus diesem Grund hätte eine Aufschlüsselung der Haplotypen einen entscheidenden Einfluss auf die Aussagekraft der Ergebnisse. Dieses Problem kann mithilfe der haplotypspezifischen Extraktion (HSE), einer Technologie, die von Dapprich et al. (2007) [1] entwickelt wurde, gelöst werden. Nagy et al. (2007) [2] wandten diese Methode bereits in spezifischen Regionen des Haupthistokompatibilitätskomplexes an und Rothe et al. (2012) [3] erweiterten die Anwendung auf das Y-Chromosom zur Trennung von männlichen Mischspuren. Basierend auf diesen Erfahrungen versuchten wir den Ansatz der haplotypspezifischen Extraktion auf ein neues Feld der molekularbiologischen Analysen – der Trennung von mitochondrialen DNA-Mischungen – zu adaptieren.

[1] Dapprich J, Magira E, Samonte MA, Rosenman K, Monos D, Identification of a novel HLA-DPB1 allele (DPB1\*1902) by haplotype-specific extraction and nucleotide sequencing, *Tissue Antigens* 69 (2007): 282–284.

[2] Nagy, M., Entz, P., Otremba, P., Schoenemann, C., Murphy, N., and Dapprich, J., Haplotype-specific extraction: a universal method to resolve ambiguous genotypes and detect new alleles — demonstrated on HLA-B., *Tissue Antigens* 69 (2007) 176.

[3] J. Rothe, N.E. Watkins Jr., M. Nagy, New prediction model for probe specificity in an allele-specific extension reaction for haplotype-specific extraction (HSE) of Y chromosome mixtures, *PLoS One*, 7 (2012), p. e45955



## Erste Ergebnisse des DNaseqEx-Projekts aus Berlin – Informationsgewinn durch MPS?

S. Köcher, S. Willuweit, M. Nagy, L. Roewer

Abteilung Forensische Genetik, Institut für Rechtsmedizin, Charité – Universitätsmedizin Berlin  
Das von der EU finanzierte Projekt DNaseqEx analysiert die Nutzbarkeit von *Massively Parallel Sequencing* (MPS) für die Forensische Genetik. Zu diesem Zweck werden verschiedene Kits auf den Sequenzierplattformen MiSeq FGx (Illumina) und Ion S5 (Thermo Fisher Scientific) von den Kooperationspartnern National Institute of Toxicology and Forensic Science (Madrid, Spain), Abteilung Forensische Genetik des Instituts für Rechtsmedizin der Charité (Berlin, Deutschland), Institut für Gerichtliche Medizin der Medizinischen Universität Innsbruck (Österreich) und dem Institute of Applied Genetics at the University of North Texas Health Science Center (Fort Worth, USA) getestet. Hier werden erste Ergebnisse des Berliner Instituts vorgestellt, welche mit dem MiSeq FGx gewonnen wurden. In Berlin fand zunächst das ForenSeq DNA Signature Prep Kit (Illumina) Anwendung, um Familien-, Mischungs-, Konkordanz- und Verdünnungsstudien durchzuführen.

Diese Ergebnisse ermöglichen uns erste Einschätzungen hinsichtlich des Informationsgewinnes der neuen Technologie für die Forensik. Zusätzlich werden kritische Punkte des Anwenderprotokolls diskutiert.

## Next-Generation Sequencing für die forensische Genetik: Entwicklung und Evaluation eines 17-plex PCR-Kits

Sebastian Ganschow<sup>1</sup>, Céline Pfeifer<sup>2</sup>, Peter Wiegand<sup>2</sup>, Carsten Tiemann<sup>1</sup>

<sup>1</sup> LABCON-OWL GmbH, Bad Salzuflen

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

Im Bereich der forensischen Genetik hat die Hochdurchsatz-Sequenzierung (Next-Generation Sequencing, NGS) in mehreren Studien ihr Potenzial als ergänzende oder alternative Methode zur Kapillarelektrophorese unter Beweis gestellt. Mit NGS lassen sich eine Vielzahl von STR-Systemen (Short Tandem Repeats) parallel untersuchen und Sequenzvarianten in isometrischen Allelen aufdecken, wodurch erheblich mehr Unterscheidungsmerkmale in die Typisierung einbezogen werden können. Anhand von DNA-Barcodes ist es möglich, mehrere Proben in einem Sequenzierlauf zu poolen, um die Kosten einer Analyse zu reduzieren.

In Anlehnung an das *European Standard Set* wurde ein 17-plex-PCR-Kit mit 16 STR-Markern einschließlich SE33 sowie Amelogenin entwickelt. Durch intelligentes Primer-Engineering und *in-silico*-Simulation der Experimente entstand auf eine effiziente und kostengünstige Weise ein hochspezifisches Primer-Set für die Typisierung auf dem Illumina MiSeq. Die Optimierung der PCR-Bedingungen *in vitro* verfolgte das Ziel einer balancierten Amplifikation aller Systeme in einem einzelnen Reaktionsansatz. Unter Verwendung einer High-Fidelity-Polymerase konnte die Stutter-Bildung um bis zu 70% reduziert werden.

Die Auswertung erfolgte über eine eigenständig entwickelte Software mit intuitiv zu bedienender, nutzerfreundlicher Oberfläche. Der Funktionsumfang umfasst ein automatisches Allel-Calling und die Unterscheidung von biologischen Allelen gegenüber Stutter. Im Ergebnisreport sind Allele und Stutter sowohl grafisch als auch sequenzbasiert anschaulich dargestellt. Anhand von standardisierten Proben wurden Kit und Software charakterisiert. Die Analyse von Sequenzvarianten in Allelen gleicher Länge erwies sich als hilfreich für die Mischspuren-Interpretation. Zukünftig soll das vorgestellte Kit bei Bedarf mit ergänzenden Marker-Modulen erweiterbar sein.

## **Massive Parallel Sequencing zur Bestimmung des chronologischen Alters eines Individuums**

Jana Naue<sup>1</sup>, Marloes van der Zwalm<sup>1</sup>, Peter Henneman<sup>2</sup>, Pernette J. Verschure<sup>1</sup>, Ate Kloosterman<sup>3,4</sup>

1 Swammerdam Institute for Life Sciences, University of Amsterdam, Amsterdam, Niederlande

2 Department of Clinical Genetics, Amsterdam Medical Center, Amsterdam, Niederlande

3 Netherlands Forensic Institute, Ministry of Security and Justice, Den Haag, Niederlande

4 Institute for Biodiversity and Ecosystem Dynamics, University of Amsterdam, Niederlande

Innerhalb der letzten Jahre hat sich gezeigt, dass die Analyse epigenetischer Modifikationen, wie z.B. die DNA-Methylierung, zusätzliche Informationen zur Aufklärung von Straftaten liefern kann. Die wichtigsten Beispiele hierfür sind die Feststellung der Art des Gewebes bzw. der Körperflüssigkeit, sowie die Bestimmung des chronologischen Alters eines Individuums.

Die Auswahl einer geeigneten Methode zur Analyse des DNA-Methylierungsmusters hat entscheidenden Einfluss auf die qualitative bzw. quantitative Interpretation und die Beurteilung der Analysequalität.

Im Rahmen unserer Studie wurden altersabhängige DNA-Methylierungsmarker mithilfe von öffentlich verfügbaren 450K Microarray Daten identifiziert. 15 der gefundenen Marker sowie ein altersunabhängiger Kontroll-Marker wurden in einem ersten Schritt an 200 Blutproben (Alter 18-69 Jahre) evaluiert. Es hat sich gezeigt, dass das Massive Parallel Sequencing (MPS) der Marker eine gute Methode zur Quantifizierung der DNA Methylierung und zur Überprüfung der Analysequalität darstellt. Des Weiteren liefert die Auswertung benachbarter Methylierungsstellen u.U. weitere wertvolle Informationen für die Altersbestimmung.

In der Präsentation werden die bisherigen Ergebnisse zur Evaluation von altersabhängigen Markern vorgestellt. Zudem soll ein kurzer Überblick über die Möglichkeiten und Grenzen verschiedener Methoden auf dem Gebiet der DNA-Methylierungsanalyse die Auswahl der geeigneten Methode erleichtern.

## Forensic application of microbiome profiling

Lisa-Marie Link<sup>1</sup>, Jens Söchtig<sup>2</sup>, Irmgard Riedmaier-Sprenzel<sup>2</sup>, Burkhard Rolf<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Eurofins Medigenomix Forensik GmbH

<sup>2</sup>Eurofins Medigenomix GmbH

Anzinger Str. 7a

D-85560 Ebersberg

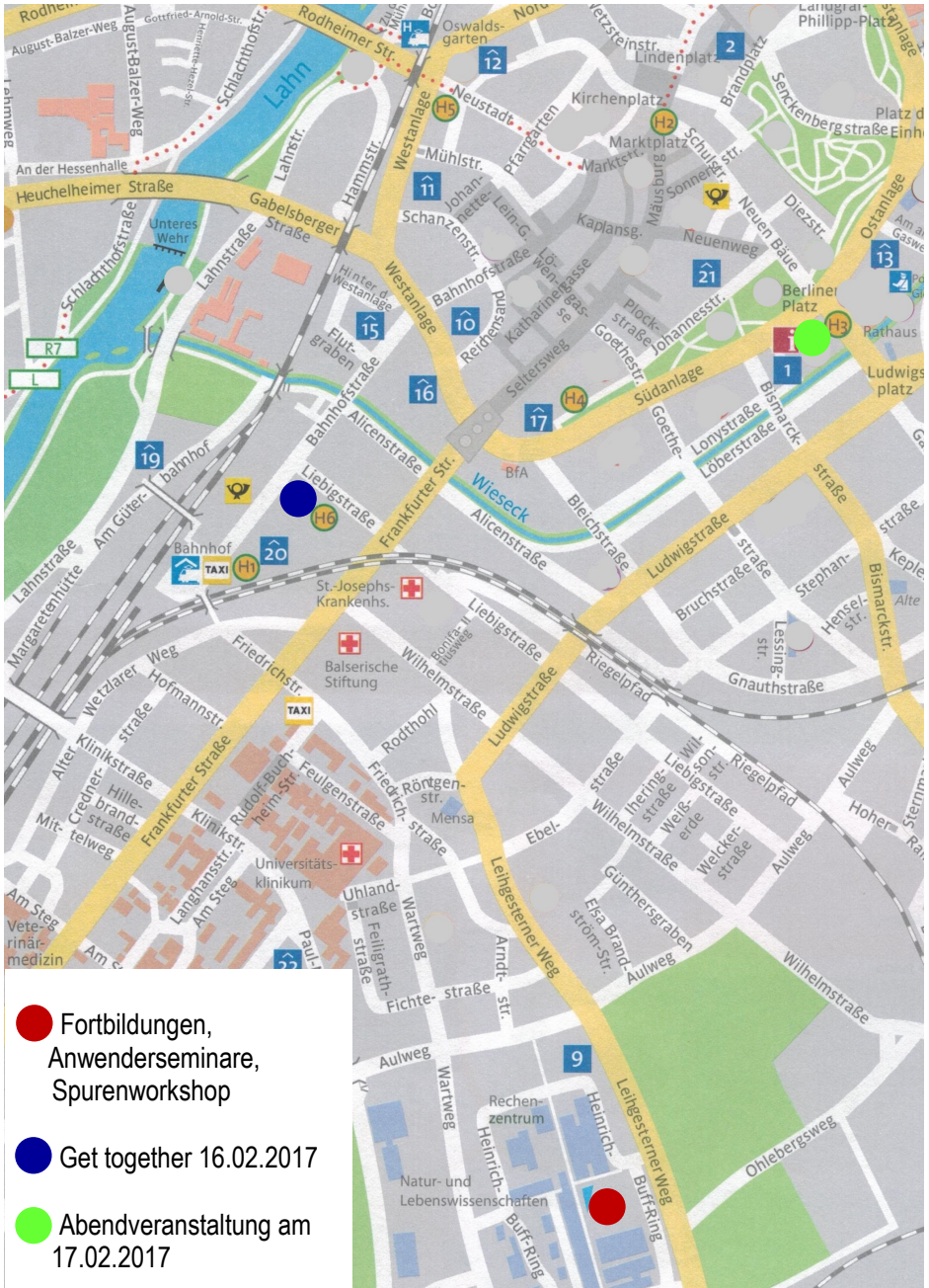
Germany

The microbiome is defined as the collective genomes of the microbes that live inside and on the human body. In a forensic context, this is the collective genomes of the microbes that are present in a stain sample. Investigating such samples with human specific STR-markers ignores the information that might be present in this part of the extracted DNA. A forensic application could either use this for (additional) identification of the stain donor or for the investigation of the source level of a stain. We investigated the microbiomes of skin, mouth, nose and vaginal swabs from a set of volunteers by V4 16S ribosomal RNA massive parallel sequencing. Results of this study show the great diversity of the microflora. The species observed by us in the various sample types overlap to some extent. Potential applications of the data are discussed.



Notizen







## Rahmenprogramm

Liebe Kolleginnen und Kollegen, denjenigen, die am Donnerstag schon etwas früher in Gießen anreisen und am Nachmittag nicht in Fachfortbildungen eingebunden sind, möchten wir eine Veranstaltung von 16 – 18 Uhr im Liebig-Museum – benachbart zum Mathematikum – ans Herz legen. Herr Theophel, Experimentator im Liebig-Museum, wird uns mit seiner Experimentalvorlesung im Originalhörsaal das Wirken Justus Liebig's als Chemiker und forensischer Toxikologe (s. hierzu Archiv für Kriminologie 238: 16-24 (2016)) in seiner Zeit in Gießen (1824 - 1852) nicht nur theoretisch nahebringen. Anschließend folgt eine Führung durch die Laborräume, die in der ersten Hälfte des 19. Jahrhunderts Mittelpunkt der chemischen Welt und eine Keimzelle waren, aus der viele nationale und internationale Forscher hervorgingen.



Von den ersten 60 verliehenen Nobelpreisen für Chemie gingen 44 an Wissenschaftler aus der Schule von Liebig. Wenn Sie sich in eine für die Naturwissenschaften bedeutende Zeit versetzen lassen wollen, in der man zum einen spontane Selbstentzündungen von Leichen für möglich hielt, auf der anderen Seite schon Mineraldünger für die Landwirtschaft entwickelte und dort einsetzte, dann möchten wir Sie hierzu herzlich einladen. Der Eintrittspreis beträgt 4 €. Wer verbindlich zusagen kann und möchte, den bitten wir, dies kurz per email an [Frank.Heidorn@forens.med.uni-giessen.de](mailto:Frank.Heidorn@forens.med.uni-giessen.de) mitzuteilen; ansonsten treffen wir uns um 16 Uhr am seitlichen Eingang zum Museum.

<http://www.liebig-museum.de/>

Donnerstag, 16.02.2017



Beim traditionellen **Get-Together am Donnerstagabend** sind wir Gäste an einem genauso untraditionellen wie beeindruckenden Ort, dem weltweit ersten Mathematik-Erlebnismuseum, dem Gießener Mathematikum.

Mit über 170 Installationen wie Kugelbahnen, Leonardo-Brücke oder schwebende Bälle lädt das vielfach preisgekrönte Mathematikum ein zum Mitmachen, zum Knobeln, zum Spielen. Der Initiator, Prof. Dr. Albrecht Beutelspacher, wurde für sein Werk mehrfach ausgezeichnet, u.a. mit dem Hessischen Verdienstorden.

Liebigstraße 8, 35390 Gießen

Infos zum Mathematikum finden Sie unter [www.mathematikum.de](http://www.mathematikum.de)

Zum mathematischen Erlebnis der besonderen Art reichen wir allerlei Köstlichkeiten und eine breite Getränkeauswahl ab 19:00 Uhr

Wir freuen uns auf Sie und einen faszinierenden Abend!

Wir bitten um vorherige Anmeldung und hierbei um einen Unkostenbeitrag von 20 € für Eintritt und Buffet (Getränke werden individuell abgerechnet).

**Freitag, 17.02.2017**

19:30 Uhr **Abendveranstaltung** (Einlass ab 19:00)



Kongresshalle Gießen, Berliner Platz 2

Bushaltestelle rechts (östl.) v. Campusgelände: Linie 10 (Naturwissenschaften) von/nach Bahnhof über Frankfurter Str. (Institut f. Rechtsmedizin)

Bushaltestelle links (westl.) v. Campusgelände: Linie 3/13 (Zahnklinik) von/nach Stadtmitte (Marktplatz, Berliner Platz (Kongresshalle), Liebig-Schule (Best Western Hotel). Achtung! Nur die Linie 3 fährt geradeaus weiter zum Schwarzacker (Zugang zum Campus am Neubau Chemie); Linie 13 biegt ab!

# Herzlichen Dank für Ihre Unterstützung

abf diagnostics GmbH  
coloprint GmbH  
Galantos Genetics GmbH  
HAMILTON Company

illumina®

KISKER BIOTECH GmbH & Co. KG  
MACHEREY-NAGEL GmbH & Co. KG  
Menarini Silicon Biosystems

und ... SERATEC GmbH



OPTIMAL SYSTEMS  
PROMEGA GmbH



Qualitype GmbH  
STRmix™, UK  
Thermo Fisher Scientific

Stand bei Drucklegung



Spectrum  
CE SYSTEM

Discover the CE you've  
been missing

[promega.com/Spectrum](http://promega.com/Spectrum)

