



MEDIZINISCHE FAKULTÄT
INSTITUT FÜR RECHTSMEDIZIN



Spurenworkshop

20.-22. Februar 2020

München



in Verbindung mit der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin
und der Spurenkommission, der gemeinsamen Kommission
rechtsmedizinischer und kriminaltechnischer Institute

www.spurenworkshop.de

Begleitende Fachausstellung

Stand bei Drucklegung



Grüß Gott in München!



Liebe Kolleginnen und Kollegen,


wir freuen uns, Euch vom 20. bis 22. Februar 2020 zum 40. Spurenworkshop der DGRM in München begrüßen zu dürfen.

Die bayrische Landeshauptstadt verbindet wie kaum eine andere Tradition und Moderne. Technologiezentren, viele Start-ups und zwei der führenden Universitäten in Europa treffen auf ein buntes Angebot an Kunst und Kultur, aber auch eine große Portion Gemütlichkeit und Feierlaune. Ganz in diesem Sinne wollen wir den 40. Spurenworkshop gestalten.

Die Seminare und Usermeetings am Donnerstag und Freitagvormittag, aber auch der eigentliche Workshop am Freitag und Samstag, werden in den frisch renovierten Tagungsräumen des Holiday Inn am Rosenheimer Platz stattfinden. Das Tagungshotel ist zentral gelegen und verfügt über einen direkten Zugang zur S-Bahn und Tiefgarage. Zu Fuß ist man in nur wenigen Minuten im Herzen von München, wo ein Bummel durch Münchens Einkaufsstraßen oder ein Besuch des Viktualienmarkts locken.

Zünftig bayrisch wird der Gesellschaftsabend am Freitag. Auf dem Nockherberg, wo bereits 1627 Paulaner-Mönche mit der Bierbrauerei begannen und noch heute jedes Jahr zu Beginn der Fastenzeit der traditionelle Starkbieranstich zelebriert wird, wollen wir mit Euch ein paar gesellige Stunden verbringen.

Das Münchner Team freut sich auf Euch!

09:30-13:00 Uhr Forum 12	Forensische Biostatistik <i>R. Fimmers, V. Weirich</i>
09:30-13:00 Uhr Forum 13	Y chromosomale Analyse in der Praxis  Interpretation und Biostatistik mit Hilfe der YHRD Datenbank <i>L. Roewer, S. Willuweit</i>
09:30-13:00 Uhr Forum 14	Einführung in die forensische RNA-Analyse <i>C. Courts</i>
09:30-13:00 Uhr Forum 15	Forensische DNA-Analyse im Strafverfahren und die Rolle des Sachverständigen <i>P. Schneider, M. Vennemann</i>
13:00 Uhr	Mittagsimbiss

14:00-17:00 Uhr Forum 12	ThermoFisher SCIENTIFIC Thermo Fisher Scientific Forensik User-Meeting
14:00-17:00 Uhr Forum 13	Umgang mit DNA-Transfer: in der Fallarbeit, vor Gericht, bei der Forschungsplanung <i>P. Wiegand, C. Courts</i>
14:00-17:00 Uhr Forum 14	Aktueller Stand zu den probabilistischen Verfahren <i>V. Weirich, M. Templin</i>
14:00-18:00 Uhr Forum 15	Sitzung der Spurenkommission
17:10 Uhr Forum 14	UFG-Sitzung
Ab 19 Uhr	Get together im Sausalitos

08:00-12:00 Uhr	Sitzung der Spurenkommission	
09:00-12:00 Uhr Großer Saal	USERMEETING	
09:00-12:00 Uhr Forum 12	USERMEETING Brunchseminar	
09:00-12:00 Uhr Forum 14	Einführung in das vollständig kontinuierliche Verfahren - Softwaregestützte Berechnung von Mischspuren	
09:00-12:00 Uhr Forum 13	USERMEETING	
12:00-12:30 Uhr Forum 12	Mitgliederversammlung der deutschsprachigen AG der ISFG	
12:00 Uhr	Mittagsimbiss	

	40. Spurenworkshop
Grußworte	
13:00-13:40 Uhr Großer Saal	<p>Prof. Dr. med. Matthias Graw <i>Vorstand des Instituts für Rechtsmedizin München, Vizepräsident der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin</i></p> <p>Franz Gierschik <i>Oberstaatsanwalt als Hauptabteilungsleiter, Staatsanwaltschaft München I</i></p> <p>Prof. Dr. rer. nat. Peter Schneider <i>Vorsitzender der Spurenkommission der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin</i></p>
Chair:	Sabine Lutz-Bonengel / Richard Zehner
13:40 Uhr	<p>Caspar Hauser - Reloaded <i>Walther Parson^{1,2}, Christina Strobl¹, Gabriela Huber¹, Cordula Berger¹, Anna König¹, Carsten Hohoff³</i> <i>¹ Institut für Gerichtliche Medizin, Medizinische Universität Innsbruck, Österreich</i> <i>² Forensic Science Program, The Pennsylvania State University, University Park, Pennsylvania, USA</i> <i>³ Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster, Deutschland</i></p>
13:52 Uhr	<p>Eichen sollst Du weichen, Buchen sollst Du suchen? – Molekulargenetische Analyse von Pflanzenmaterial in der forensischen Fallbearbeitung <i>Uwe Schleenbecker¹, Marianne Albert¹, Bibianne Mrohs¹, Eva Cremer², Christina Mengel³, Birgit Ziegenhagen³, Carsten Rüter⁴ Uwe Bolz & Andreas Hellmann¹</i> <i>¹ Bundeskriminalamt, Kriminaltechnisches Institut, KT46</i> <i>² Bayerisches Amt für Waldgenetik, Teisendorf</i> <i>³ Philipps-Universität Marburg, Fachbereich Biologie, Naturschutzbiologie</i> <i>⁴ Landeskriminalamt Baden-Württemberg, Kriminaltechnisches Institut</i> <i>⁵ Polizeipräsidium Ulm Kriminalpolizeidirektion, K 8 / Kriminaltechnik, Ulm</i></p>

<p>14:04 Uhr Großer Saal</p>	<p>Neues von den forensischen DNA-Datenbanken EMPOP und STRidER <i>Martin Bodner¹, Nicole Huber¹, Ingo Bastisch², Arne Dür³ und Walther Parson^{1,4} im Namen des dna.bases Konsortiums</i> ¹Institut für Gerichtliche Medizin, Medizinische Universität Innsbruck, Innsbruck, Österreich ²Bundeskriminalamt, Wiesbaden, Deutschland ³Institut für Mathematik, Universität Innsbruck, Innsbruck, Österreich ⁴Forensic Science Program, The Pennsylvania State University, University Park, PA, USA</p>
<p>14:24 Uhr</p>	<p>Unerwünschte RNA in Waffenläufen – ein Beitrag zur Qualitätssicherung <i>Schyma Christian¹, Brünig Julia¹, Müller Rolf², Zieger Martin¹, Grabmüller Melanie³</i> ¹Institut für Rechtsmedizin der Universität Bern, 3012 Bern, Schweiz ²Kriminaltechnischer Dienst der Kantonspolizei Bern, 3012 Bern, Schweiz ³Institut für Rechtsmedizin der Universität Bonn, 53111 Bonn, Deutschland</p>
<p>14:36 Uhr</p>	<p>Der Schuss ins Blaue – Zur Korrelation von Schussdistanz, Wundprofil und DNA-Ausbeute aus Spuren von Backspatter aus dem Waffeninneren <i>Jan Euteneuer¹, Annica Gosch¹, Philipp Cachée², Cornelius Courts¹</i> ¹ Institut für Rechtsmedizin, Universität Schleswig-Holstein Kiel, Deutschland ² Sachverständigenbüro Cachée Berlin, Germany</p>
<p>14:48 Uhr</p>	<p>Eine Frage der Handhabung? Zur Variabilität der Spurenprofilzusammensetzung an Schusswaffen durch DNA-Transfer in realitätsnahen alternativen Handhabungsszenarien <i>Annica Gosch¹, Jan Euteneuer¹, Johanna Preuß-Wössner, Cornelius Courts¹</i> ¹Institut für Rechtsmedizin, Universität Schleswig-Holstein Kiel, Deutschland</p>
<p>15:00 Uhr</p>	<p>Kaffeepause</p>

Chair:	Walther Parson / Peter Schneider
15:30 Uhr Großer Saal	<p>SEQFORSTRS (Sequencing of Forensic STRs) Project Update</p> <p><i>Christian Sell¹, Jens Teodoridis¹, Angelika Minawi¹, Eva Schultheiss¹, Ingo Bastisch¹, Thorsten Hadrys², Sabrina Achtruth³, Marc Trimborn³, Petra Albrecht⁴, Michaela Gross⁴, Sascha Willuweit⁵, Lutz Roewer⁵, Theresa Gross⁶, Peter Schneider⁶, Walther Parson⁷, Peter Wiegand⁸</i></p> <p><i>¹Bundeskriminalamt Wiesbaden, ²Bayerisches LKA, ³LKA Berlin, ⁴LKA Rheinland-Pfalz, ⁵University Berlin, ⁶University Cologne, ⁷University Innsbruck, ⁸University Ulm</i></p>
15:42 Uhr	<p>NGS und der plötzliche Herztod - Vergleich verschiedener Library Preparation Methoden für die Sequenzierung von heterogenem Probenmaterial</p> <p><i>S. Scheiper-Welling^{1,2}, J. Köffer¹, C. Geisen², M. A. Verhoff¹, S. Kauferstein¹</i></p> <p><i>¹Institut für Rechtsmedizin, Goethe-Universität Frankfurt, Frankfurt/Main, Deutschland</i></p> <p><i>²Institut für Transfusionsmedizin und Immunhämatologie, DRK Blutspendedienst, Abteilung für Molekulare Diagnostik, Universitätsklinikum Frankfurt, Frankfurt/Main, Deutschland</i></p>
15:54 Uhr	<p>Solving the unsolvable? The molecular identi-kit - validation of a custom Ion AmpliSeq Panel combining ancestry and phenotype markers</p> <p><i>M. Diepenbroek, B. Bayer, K. Schwender, R. Schiller, K. Anslinger</i></p> <p><i>Institut für Rechtsmedizin, LMU München</i></p>
16:06 Uhr	<p>Einsatzmöglichkeiten der Rapid DNA-Analyse. Eine Übersicht des Produktportfolios mit aktuellen Ergebnissen und Anwendungsbeispielen</p> <p><i>Stephan Köhnemann¹, Gottfried Weichhold¹, Thomas Simon¹, Daniel Kriegsmann¹, Bettina Markstätter¹, Anke Kruger¹, Philipp Habermeier¹, Heino Teifel¹, Xavier Cristina Pau¹</i></p> <p><i>¹Thermo Fisher Scientific, Darmstadt, Germany</i></p>
16:18- 17:45 Uhr	<p>Ergebnisse der GEDNAP-Ringversuche 58 und 59</p> <p><i>Carsten Hohoff, Robbin Stantscheff, Katrin Schnöink, Bernd Brinkmann</i></p> <p><i>Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster</i></p>
19:00-00:00 Uhr	Gesellschaftsabend im Paulaner auf dem Nockherberg

Chair:	Michael Templin / Sascha Willuweit
09:00 Uhr Großer Saal	Implementierung einer automatischen EPG-Bewertung in einem Routine-Labor <i>Volker Weirich - Landeskriminalamt Mecklenburg-Vorpommern</i>
09:12 Uhr	Statistefix 4.0: Ein Softwareupdate zur erfolgreichen Dekonvolution von Mischspuren? <i>Max Schmidt, Peter Wiegand Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Ulm</i>
09:24 Uhr	DNA-Matching auf einen Klick - Abetter MatchMaker <i>A.M. Pflugbeil; M. Harthun, T. Petzold - qualitype GmbH</i>
09:36 Uhr	Der Einfluss der STR-Typisierungsstrategie auf Likelihood Ratio-Berechnungen <i>Proff, C. Bundeskriminalamt, KT31 DNA-Analytik, Wiesbaden</i>
10:00 Uhr	DNAXs, a software suite for the data management and probabilistic interpretation of DNA profiles <i>Kristy Steensma, Corina Benschop, Christophe Creeten, Patrick Dieltjes, Jerry Hoogenboom, Pauline Hovers, Jeroen de Jong, Alexander L.J. Kneppers, Dennis Kruijs, Vincent van Marion, Jord H.A. Nagel, Heidi van Paassen Raymond Parag, Titia Sijen, Martin Slagter and Klaas Slooten Netherlands Forensic Institute, The Hague, The Netherlands</i>
10:12 Uhr	Identifizierung von stark fäulnisveränderten Leichen - Probleme, Methoden und Forschungsansätze <i>Katharina Helm, Bettina Dunkelmann, Stefan Pittner, Christian Stauffer, Gabriele Kreindl, Tamara Kastinger, Eva Müller, Waltraud Zahrer, Ines Griebner, Jan Cemper-Kiesslich, Fabio Monticelli, Franz Neuhuber IFFB Gerichtsmedizin, Universität Salzburg, Österreich</i>
10:24 Uhr	Vergleichende Analyse von DNA-Extraktionsprozessen zur DNA-basierten Identifizierung von fäulnisveränderten Leichen in der forensischen Routinearbeit <i>Sonja Uerlings, Vanessa Welter, Burkhard Madea, Melanie Grabmüller Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Bonn, Deutschland</i>
10.36 Uhr	Bayrisches Frühstück mit Weißwurst, Leberkäs und mehr

<p>Chair:</p>	<p>Peter Wiegand / Cornelius Courts</p>
<p>11:10 Uhr</p>	<p>Optimierung und Vergleich von multiplex mRNA-basierter Körperflüssigkeitsbestimmung mittels Kapillarelektrophorese (CE) sowie massiver paralleler Sequenzierung (MPS) <i>M. Bamberg¹, G. Kulstein², A. Fürst³, P. Wiegand¹, T. Hadrys³</i> ¹Institut für Rechtsmedizin, Forensische Genetik, Universitätsklinikum Ulm, Deutschland ²Bundeskriminalamt, Wiesbaden, Deutschland ³Bayrisches Landeskriminalamt, Forensische DNA-Analytik, München, Deutschland</p>
<p>11:22 Uhr</p>	<p>Ein maschinelles Lernmodell zur Vorhersage der Herkunft forensisch relevanter Körperflüssigkeiten <i>Diana Iacob, Angelika Fürst, Thorsten Hadrys</i> Bayerisches Landeskriminalamt, Forensische DNA-Analytik, München</p>
<p>11:34 Uhr</p>	<p>Massenspektrometrische Identifizierung von Körperflüssigkeiten für forensische Zwecke <i>Katalin Barkovits¹, Sascha Roocke¹, Jennifer Stepien¹, Stephan Kuhlmann², Annette Dorn³, Katrin Marcus¹</i> ¹Functional Proteomics, Medical Proteome-Center, Ruhr-Universität Bochum, Germany ²Landeskriminalamt Nordrhein-Westfalen, Dez. 52.4 - Serologie, DNA-Analysen, Düsseldorf, Germany ³Bayerisches Landeskriminalamt, Abteilung II Sachgebiet 203 - Forensische DNA-Analytik, München, Germany</p>
<p>11:46 Uhr</p>	<p>Ein neues Phantom? Bericht von einem Serientreffer und einer Phantomjagd. <i>Burkhard Rolf, Anke Heinrich, Eurofins Medigenomix Forensik GmbH</i> <i>Harald Schneider, Hessisches Landeskriminalamt</i> <i>Michael Kraft, Landeskriminalamt Berlin</i> <i>Nils Gerke, Eppendorf AG</i></p>
<p>11:58 Uhr</p>	<p>Ursache und Vermeidung von Kontaminationen durch Allelleiter <i>I. Blank¹, S. Kron¹, A. Lange¹, R. Janscak¹ und I. Schulz¹</i> ¹Institut für Rechtsmedizin der Universität Basel</p>

Abschlussworte	
12:10 Uhr	Prof. Dr. rer. nat. P. Schneider <i>Vorsitzender der Spurenkommission der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin</i>
	Prof. Dr. med. M. Graw <i>Vorstand des Instituts für Rechtsmedizin München, Vizepräsident der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin</i>
anschl.	Lunchbags

Programm:



Caspar Hauser - Reloaded

Walther Parson^{1,2}, Christina Strobl¹, Gabriela Huber¹, Cordula Berger¹, Anna König¹, Carsten Hohoff³

¹ Institut für Gerichtliche Medizin, Medizinische Universität Innsbruck, Österreich

² Forensic Science Program, The Pennsylvania State University, University Park, Pennsylvania, USA

³ Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster, Deutschland

Die Herkunft von Kaspar Hauser, einem Jüngling der 1828 in Nürnberg auftrat, beschäftigt die Wissenschaft. Historiker vermuten, dass er ein entführter Nachkomme des badischen Fürstenhauses war. Eine DNA-Analyse zur Prüfung dieser Vermutung ergab eine Ausschlusskonstellation: die mitochondriale DNA (mtDNA) aus Blutspuren der Unterwäsche, die Hauser bei seiner Ermordung 1833 getragen haben soll, stimmte nicht mit der mtDNA der badischen Linie überein (Weichhold et al 1998). Die Authentizität dieser Proben wurde aber in Frage gestellt und weitere molekulargenetische Analysen angestrebt. Diese wurden u.a. an verschiedenen Haarproben durchgeführt, die mutmaßlich von Kaspar Hauser zu Lebzeiten und nach seinem Tode gesammelt wurden. Diesen Ergebnissen zufolge konnte eine Verwandtschaft mit der badischen Linie nicht ausgeschlossen werden. Allerdings waren die Ergebnisse bruchstückhaft, was auf die minimale Menge und die starke Degradierung der mtDNA in den Haaren zurückgeführt wurde, die mit der damaligen Methodik (Sanger-Sequenzierung) analysiert wurde. Im Rahmen des Vortrags werden die mtDNA Ergebnisse an neu entnommenen Proben dargestellt, die mittels moderner Analytik (Primer Extension Capture Massively Parallel Sequencing) bestimmt wurden.

Weichhold, G. M., J. E. Bark, W. Korte, W. Eisenmenger and K. M. Sullivan (1998). "DNA analysis in the case of Kaspar Hauser." Int J Legal Med 111(6): 287-291.

Eichen sollst Du weichen, Buchen sollst Du suchen? – Molekulargenetische Analyse von Pflanzenmaterial in der forensischen Fallbearbeitung

Uwe Schleenbecker¹, Marianne Albert¹, Bibianne Mrohs¹, Eva Cremer², Christina Mengel³, Birgit Ziegenhagen³, Carsten Rüther⁴, Uwe Bolz & Andreas Hellmann¹

¹Bundeskriminalamt, Kriminaltechnisches Institut, KT46

²Bayerisches Amt für Waldgenetik, Teisendorf

³Philipps-Universität Marburg, Fachbereich Biologie, Naturschutzbiologie

⁴Landeskriminalamt Baden-Württemberg, Kriminaltechnisches Institut, Polizeipräsidium Ulm Kriminalpolizeidirektion, K 8 / Kriminaltechnik, Ulm

Im November 1998 wurde in einem Waldgebiet bei Venlo (Niederlande) die Leiche einer Frau entdeckt. Kriminaltechnische Analysen humaner DNA zeigten, dass unter den Fingernägeln des Opfers sowie an einem Spanngurt, der neben der Leiche gefunden wurde Merkmale des Tatverdächtigen, der auch der Ehemann der Frau war, nachgewiesen wurden. Diese Spuren waren jedoch als berechtigt zu erklären. Er behauptete immer, nie in dem Waldstück bei Venlo gewesen zu sein. wurde Ein Stieleichenblatt, das damals im Kofferraum des Tatverdächtigen gefunden wurde, wurde 2004 zur Analyse an unser Institut überbracht. Nachdem dieses in 6 STR-Systemen typisiert werden konnte, wurden in dem Waldstück bei Venlo von insgesamt 42 Bäumen Vergleichsproben genommen und typisiert. Der Vergleich der Ergebnisse erbrachte einen Treffer mit einem Baum. Der Tatverdächtige wurde 2005, überwiegend aufgrund der Untersuchung des Stieleichenblattes, wegen Totschlags zu 8 Jahren Freiheitsstrafe verurteilt.

Im Mai 2017 wurde in einem See bei Ulm treibend die verpackte Leiche eines 18-Jährigen entdeckt. Beim Auspacken wurden Blätter u.a. der Stieleiche festgestellt. Die 7 Blätter der Stieleiche sowie Vergleichsmaterial von 7 Bäumen wurden zur molekulargenetischen (STR) Analyse übersandt. Die Ergebnisse der Untersuchung zeigten, dass alle Blattspuren aus der Leichenverpackung von einem Baum stammten und die Vergleichsbäume als Spurengerber auszuschließen waren. Daraufhin wurde eine weitere Absuche des großflächigen Geländes durchgeführt. Als Ergebnis wurde Vergleichsmaterial von 6 weiteren Stieleichen übersandt. Fünf der Bäume konnten bei der Analyse ausgeschlossen werden, während der sechste Baum in allen analysierten Systemen gleiche Merkmale aufwies. Somit konnte dieser Baum eindeutig als Spurengerber identifiziert und der Verpackungsort der Leiche festgestellt werden. Der Tatverdächtige wurde 2019 zu lebenslanger Freiheitsstrafe wegen gemeinschaftlichen Mordes verurteilt.

Neues von den forensischen DNA-Datenbanken EMPOP und STRidER

*Martin Bodner¹, Nicole Huber¹, Ingo Bastisch², Arne Dür³ und Walther Parson^{1,4}
im Namen des dna.bases Konsortiums*

¹Institut für Gerichtliche Medizin, Medizinische Universität Innsbruck, Innsbruck, Österreich

²Bundeskriminalamt, Wiesbaden, Deutschland

³Institut für Mathematik, Universität Innsbruck, Innsbruck, Österreich

⁴Forensic Science Program, The Pennsylvania State University, University Park, PA, USA

Das EU-finanzierte internationale Projekt dna.bases (2018-2020) hat die Erweiterung der forensischen DNA-Datenbanken EMPOP (für mitochondriale DNA) und STRidER (für autosomale STRs) ermöglicht.

EMPOP, die *EDNAP mtDNA population database*, wurde im zwanzigsten Jahr des Bestehens wesentlich vergrößert und mit verbesserten Funktionen u.a. zur automatischen Allinierung von mtDNA-Sequenzen und zur Haplogruppen-Bestimmung ausgestattet [1]. STRidER, die *STRs for identity ENFSI reference database*, ist 2016 aus der ENFSI STRbase hervorgegangen und wurde durch neue Loci und weltweite Populationen erweitert. STRidER beherbergt zur Zeit fragmentlängenbasierte STR-Daten, ist aber bereit für die immer häufiger ermittelten STR-Sequenzdaten und arbeitet aktiv an der Entwicklung einer allgemeingültigen forensischen Nomenklatur mit [2]. EMPOP und STRidER führen als Grundlage für hochqualitative Frequenzdatenbanken strenge Qualitätskontrollen von Populationsdatensätzen durch und offerieren diese allen Autor*innen vor einer beabsichtigten Publikation. Die Datenbestände und weitere Funktionalitäten, wie z.B. „mobile“ Versionen der Webseiten, werden kontinuierlich ergänzt und ausgebaut. Die Datenbanken sind unter <https://empop.online> bzw. <https://strider.online> frei zugänglich.

Die in bewährter Weise angebotenen Profil-Frequenzabfragen und weitere relevante neue Anwendungsmöglichkeiten der beiden Online-Plattformen werden anhand konkreter Beispiele präsentiert.

Die Weiterentwicklung von EMPOP und STRidER wurde gefördert durch *European Union 779485-STEFA - ISFP-2016-AG-IBA-ENFSI Steps Towards a European Forensic Science Area; WP7; Empowering Forensic Genetic DNA Databases for the Interpretation of Next Generation Sequencing Profiles (dna.bases); 2018-2020*.

[1] Huber N, Parson W, Dür A (2018). *Next generation database search algorithm for forensic mitogenome analyses*. *Forensic Sci Int Genet.* 37:204-214.

[2] Bodner M, Bastisch I, Butler JM, Fimmers R, Gill P, Gusmão L, Morling N, Phillips C, Prinz M, Schneider PM, Parson W (2016). *Recommendations of the DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG) on quality control of autosomal Short Tandem Repeat allele frequency databasing (STRidER)*. *Forensic Sci Int Genet.* 24:97-102.

Unerwünschte RNA in Waffenläufen – ein Beitrag zur Qualitätssicherung.

Schyma Christian¹, Brünig Julia¹, Müller Rolf², Zieger Martin¹, Grabmüller Melanie³

Institut für Rechtsmedizin der Universität Bern, Schweiz

Kriminaltechnischer Dienst der Kantonspolizei Bern, Schweiz

Institut für Rechtsmedizin der Universität Bonn, Deutschland

Absolute Nahschüsse gegen den Kopf hinterlassen im Waffenlauf zumeist biologische Antragungen, die bei endoskopischer Kontrolle oft unsichtbar sind. Diese latenten Spuren lassen sich mittels PCR identifizieren und dem Opfer zuordnen. Durch DNA-RNA-Co-Extraktion lassen sich auch miRNA nachweisen, die eine Zuordnung zu einem Substrat resp. Gewebe ermöglichen. Sollen experimentell erzeugte Spuren im Waffenlauf auf RNA analysiert werden, muss vor jedem Beschuss die RNA-Freiheit des Waffenlaufes sichergestellt werden.

Mit drei handelsüblichen Faustfeuerwaffen wurden 12 Schüsse gegen sog. Messwürfel mit eingebettetem Farb-Blut-Pad durchgeführt. 2 Schüsse wurden aus kürzerer Distanz, 4 aus nächster Nähe und 6 mit aufgesetzter Waffenmündung abgegeben. Die Waffenläufe wurden endoskopiert und die übliche Spurensicherung durchgeführt. Danach wurden die Waffen entsprechend der publizierten Prozedur für DNA-Freiheit gereinigt [1]. Danach wurden je zwei Abriebe mit befeuchteten DNA-freien Sarstedt-Forensic Swabs gewonnen und parallel in zwei unabhängigen Laboren auf DNA resp. DNA/RNA untersucht.

Die kombinierte intensive mechanische Waffenreinigung mit Ballistol und Verwendung von DNAExitusPlus™ erreichte in allen Fällen, dass keine profilierbare DNA mehr vorhanden war. In 10/12 Proben war jedoch eine RNA-Konzentration messbar: 0.11 – 0.79 ng/µL. In 9/12 Proben war die blutspezifische miRNA miR-451a nachweisbar. Zusammenfassend war kein experimentell kontaminierter Waffenlauf nach Reinigung RNA-frei.

Weitere Untersuchungen zeigten, dass auch eine «professionelle» Waffenreinigung durch den Kriminaltechnischen Dienst zu keiner RNA-Freiheit führte. Erst der systematische Einsatz von 2.6% Natriumhypochlorit nach gründlicher mechanischer Reinigung entfernte die unerwünschten RNA-Reste.

Literatur

[1] Schyma C, Lux C, Madea B, Courts C (2015) The ‘triple contrast’ method in experimental wound ballistics and backspatter analysis. *Int J Legal Med* 129(5):1027–1033

Der Schuss ins Blaue – Zur Korrelation von Schussdistanz, Wundprofil und DNA-Ausbeute aus Spuren von Backspatter aus dem Waffeninneren

Jan Euteneuer¹, Annica Gosch¹, Philipp Cachée², Cornelius Courts¹

¹ Institut für Rechtsmedizin, Universität Schleswig-Holstein Kiel, Deutschland

² Sachverständigenbüro Cachée, Berlin, Germany

In der molekularen Ballistik, welche biologische Spuren, die durch Schüsse auf biologische Ziele entstehen, forensisch-molekularbiologisch untersucht, kommt Rückschleuderspuren („Backspatter“) eine besondere Bedeutung zu: Dieses durch wundballistische Effekte aus der Eintrittswunde zurück in Richtung des Schützen geschleuderte biologische Material kann auch über einige Entfernung an die äußeren und inneren Oberflächen der Waffe gelangen, dort persistieren und als Spur gesichert werden.

Im Rahmen kriminalistischer Ermittlungen sind regelmäßig alternative Hypothesen zum genauen Ablauf von Schusswaffendelikten bzw. Zeugenaussagen anhand einer objektiven Analyse des Spurenbilds zu überprüfen. In diesem Kontext stellt sich die Frage, bis zu welcher Schussdistanz Backspatter an/in einer Schusswaffe zu finden ist und ob eine Korrelation zwischen der Menge an analysierbarem Material und der Entfernung besteht.

In der vorgestellten Studie wurde dieser mögliche Zusammenhang erstmals systematisch überprüft. Mit einer Pistole (Glock 19, 9 mm Luger) sowie einem Revolver (Smith&Wesson .38 Special CTG) wurde in aufsteigender Schussdistanz (0 bis 50 cm) jeweils in Triplikaten auf zuvor etablierte, anatomisch korrekte Schädelmodelle [1] bestehend aus Kunststoff-Knochensimulanz und ballistischer Gelatine dotiert mit einer „double contrast“ Mischung aus Blut und Röntgenkontrastmittel geschossen. Die Probensammlung erfolgte an äußeren und inneren Oberflächen der Waffen.

Die DNA-Ausbeuten variierten stark innerhalb der biologischen Triplikate. Erwartungsgemäß wurden bei Kontaktschüssen mit der Pistole die höchsten DNA-Mengen gemessen, während bei dem Revolver je ein Replikat aus 15, 20 und 30 cm höhere Ausbeuten als 2 der 3 absoluten Nahschüsse erbrachte. Ab 5 cm Distanz trat mindestens ein Replikat mit nicht nachweisbarer oder grenzwertig niedriger DNA-Mengen auf. Bei 50 cm Schussdistanz konnte lediglich in einem Fall ausreichend biologisches Material für eine forensisch-genetische Analyse detektiert werden.

Diese Ergebnisse demonstrieren, dass bei der Interpretation der Menge an Spurenmaterial aus einer Waffe nach einem singulären Nahschussereignis höchste Vorsicht geboten ist. Weder kann aus dem Vorhandensein bestimmter Mengen eine distinkte Entfernung abgeleitet noch durch das Fehlen von quantifizierbarem Backspatter ein Nahschuss ausgeschlossen werden.

[1] Euteneuer, J., Gosch, A., Cachée, P. et al. *Int J Legal Med* (2019) 133: 1839. <https://doi.org/10.1007/s00414-019-02120-2>

Eine Frage der Handhabung?

Zur Variabilität der Spurenprofilzusammensetzung an Schusswaffen durch DNA-Transfer in realitätsnahen alternativen Handhabungsszenarien

Annica Gosch¹, Jan Euteneuer¹, Johanna Preuß-Wössner, Cornelius Courts¹

¹Institut für Rechtsmedizin, Universität Schleswig-Holstein Kiel, Deutschland

Moderne sensitive Methoden ermöglichen die forensisch-genetische Analyse auch geringster Mengen biologischen Materials, wie sie häufig in Hautkontaktspuren zu finden sind. Eine Beurteilung derartiger Spuren und die Einordnung ihrer Entstehung in den Tatkontext erfordert nicht nur die Individualisierung eines oder mehrerer Spurenverursacher, sondern auch eine Betrachtung möglicher Aktivitäten, die zur Deposition des Spurenmaterials auf einer Oberfläche geführt haben können. Aus diesem Grund befasst sich eine stetig wachsende Anzahl an Studien mit der Untersuchung von Deposition, Transfer, Persistenz und Rückgewinnung biologischer Spuren.

Mit Hilfe von DNA-TrAC [1], einer publizierten, frei zugänglichen und durchsuchbaren Zusammenstellung bisher veröffentlichter DNA-Transferstudien, konnten wir feststellen, dass die Zusammensetzung von Hautkontaktspuren an Schusswaffen in Abhängigkeit von zur Deposition führenden Aktivitäten trotz der hohen Relevanz dieses Asservatentyps für die objektive Rekonstruktion von Schusswaffendelikten derzeit nicht ausreichend charakterisiert ist. Aus diesem Grund wurden in der vorliegenden Studie zwei verschiedene Waffentypen in vier unterschiedlichen realitätsnah gestalteten Szenarien gehandhabt, welche plausiblermaßen in einem Gerichtsverfahren als alternative Hypothesen für die Entstehung von Spuren an/auf Schusswaffen vorgebracht werden könnten. Diese beinhalteten die Deposition von Hintergrund-DNA auf den Schusswaffen durch einen Waffenbesitzer gefolgt von vier verschiedenen Schusszenarien ausgeführt von dem Waffenbesitzer selbst (kurzer Waffenkontakt) oder von einem fremden Schützen (kurzer Waffenkontakt, längerer Waffenkontakt, kurzer Waffenkontakt gefolgt von einem Verwischen der Spuren).

In Spuren von verschiedenen Oberflächen der untersuchten Schusswaffen konnte biologisches Material des Schusswaffenbesitzers, des Schützen sowie indirekt transferiertes fremdes Spurenmaterial detektiert werden. Die Spurenprofilzusammensetzungen wiesen eine hohe Variabilität auf, welche auf die Waffenhandhabung, die Probenahmestelle und inter- sowie intraindividuelle Unterschiede zurückgeführt werden konnten.

Die gewonnenen Daten können zur Verbesserung evidenzbasierter Beurteilungen biologischer Spuren an Schusswaffenoberflächen beitragen.

[1] DNA-TrAC: <https://bit.ly/2KFHYAd>

SEQFORSTRS (Sequencing of Forensic STRs) – Project Update

Christian Sell¹, Jens Teodoridis¹, Angelika Minawi¹, Eva Schultheiss¹, Ingo Bastisch¹, Thorsten Hadrys², Sabrina Achtruth³, Marc Trimborn³, Petra Albrecht⁴, Michaela Gross⁴, Sascha Willuweit⁵, Lutz Roewer⁵, Theresa Gross⁶, Peter Schneider⁶, Walther Parson⁷, Peter Wiegand⁸

¹Bundeskriminalamt Wiesbaden, ²Bayerisches LKA, ³LKA Berlin, ⁴LKA Rheinland-Pfalz, ⁵University Berlin, ⁶University Cologne, ⁷University Innsbruck, ⁸University Ulm

Massively Parallel Sequencing (MPS/NGS) hat großes Potenzial die forensische DNA-Analyse zu verbessern. Diverse Publikationen konnten bereits aufzeigen, dass durch die Sequenzierung von STRs der Beweiswert von Mischspuren und degradiertem Spurenmaterial signifikant gesteigert werden kann. Daraus resultiert, dass auch die Anzahl an verwertbaren Proben vor Gericht oder bei Ermittlung durch die Verwendung von MPS/NGS steigt. Innerhalb des EU-geförderten Projekts „SeqforSTRs (Sequencing of Forensic STRs)“ wird diese Technik validiert und ihr zusätzlicher Wert abgeschätzt.

Darauf folgend sollen Hilfestellungen gegeben werden, um diese neue Technik in die forensische Laborroutine zu etablieren. Eine erfolgreiche Anwendung von MPS/NGS setzt eine Validierung der Technologie und somit eine Abschätzung ihrer Richtigkeit, Reproduzierbarkeit und Sensitivität voraus. Weiter muss eine Konkordanz zwischen den unterschiedlichen MPS/NGS Geräten und Kits zu den bestehenden Methoden bestätigt werden. Um eine Grundlage für die frequenzbasierte Likelihood-Berechnung der Sequenzdaten zu bieten, werden entsprechende Populationsdaten benötigt. Diese werden derzeit innerhalb des Projekts basierend auf >800 Referenzproben generiert. Zusätzlich wird durch Versuche mit künstlich degradierten Proben oder Mischungen abgeschätzt, wie die Fähigkeit des MPS/NGS ist, auch mit schwierigem Probenmaterial umzugehen.

Wir präsentieren hier erste Ergebnisse aus „SeqforSTRs“. Sowohl erste Berichte zur Konkordanz zwischen dem MiSeq FGX® System und der Kapillarelektrophorese(CE), als auch erste Frequenzdaten zu sequenzbasierten Allelen werden vorgestellt. Des Weiteren werden direkte Vergleiche zwischen dem MiSeq FGX®, dem Ion Genstudio S5™ und der CE, basierend auf Mischspuren und degradierten Proben angestellt.

Das Projekt SeqforSTRs wird aus Mitteln des Fonds für die innere Sicherheit der Europäischen Union kofinanziert (IZ25-5793-2016-30).

NGS und der plötzliche Herztod - Vergleich verschiedener Library Preparation Methoden für die Sequenzierung von heterogenem Probenmaterial

S. Scheiper-Welling^{1,2}, J. Köffer¹, C. Geisen², M. A. Verhoff¹, S. Kaufenstein¹

¹ Institut für Rechtsmedizin, Goethe-Universität Frankfurt, Frankfurt/Main, Deutschland

² Institut für Transfusionsmedizin und Immunhämatologie, DRK Blutspendedienst, Abteilung für Molekulare Diagnostik, Universitätsklinikum Frankfurt/Main, Deutschland

Das unerwartete Versterben junger, zuvor gesund erscheinender Personen ist immer ein tragisches Ereignis für betroffene Familien. Genetisch bedingte Herzrhythmuskrankungen begründen einen signifikanten Anteil dieser plötzlichen Todesfälle. Eine postmortale Gendiagnostik kann in diesen Fällen zur Klärung der Todesursache beitragen und hinsichtlich der Prävention essentiell für weiterführende Familienuntersuchungen sein. Ebenso ist eine molekulare Diagnostik oftmals von großer Bedeutung für die Behandlung klinisch auffälliger Patienten.

Technische Fortschritte haben das Next-Generation Sequencing (NGS) zu einer verlässlichen Alternative zur Sanger-Sequenzierung entwickelt. In dem Feld zwischen forensischer Genetik und Diagnostik ist der Einsatz der NGS-Technologie jedoch aufgrund des heterogenen Probenmaterials mit Herausforderungen verbunden. Protokolle, wie sie in der Diagnostik verwendet werden, können daher nicht in jedem Fall übertragen werden.

Für die genetische Analyse forensischer sowie diagnostischer Proben mittels NGS wurden hybridisierungsbasierte Library Preparation Technologien der Firma Illumina getestet und miteinander verglichen.

Die Ergebnisse dieser Studie werden vorgestellt und diskutiert.

Solving the unsolvable? The molecular identi-kit - validation of a custom Ion AmpliSeq Panel combining ancestry and phenotype markers

*M. Diepenbroek, B. Bayer, K. Schwender, R. Schiller, K. Anslinger
Institut für Rechtsmedizin, LMU München*

In mid-2018 a new law came into force in Bavaria, authorizing the Bavarian police in special cases, to expand DNA typing with the scope of forensic phenotyping such as eye, hair and skin color, biological age and biogeographic ancestry prediction. A new legislation at the national level came to life in December 2019, entitling the police all over Germany to commission the analysis of only age and phenotype, not bio-ancestry.

In response to those changes, our Institute has begun validating a SNP panel which could shed light on an unknown perpetrator or a victim. A custom Ion AmpliSeq Panel was designed with help from the White Glove team from ThermoFisher Scientific. It is a set of 326 SNPs which includes three groups. The first one consists of 165 autosomal markers associated with ancestry (available commercially as Precision ID Ancestry Panel). It is followed by 41 markers published as HIrisPlex-S Panel which allows for eye, hair and skin color estimation. As an additional set for biogeographic origin prediction, male lineage markers in number of 124 Y-SNPs are included in the panel.

For the validation of the panel 150 swabs from volunteers with various origins were collected (69 males and 83 females). The participants answered questionnaires in which they self-described their ancestry (based on a given geological tree which included parents and grandparents) and their appearance (reference pictures were taken). One male sample was selected for the sensitivity and repeatability study. In order to test the panel on challenging samples, 24 casework samples, coming from human identification cases, were analyzed.

Einsatzmöglichkeiten der Rapid DNA-Analyse. Eine Übersicht des Produktportfolios mit aktuellen Ergebnissen und Anwendungsbeispielen

Stephan Köhnemann¹, Gottfried Weichhold¹, Thomas Simon¹, Daniel Kriegsmann¹, Bettina Markstätter¹, Anke Kruger¹, Philipp Habermeier¹, Heino Teifel¹, Xavier Cristina Pau¹

¹ Thermo Fisher Scientific, Darmstadt, Germany.

Thermo Fisher Scientific bietet zwei Untersuchungsplattformen für die Rapid DNA-Analyse von Short Tandem Repeats (STRs) an, den RapidHit 200 und den RapidHit ID. Beide Plattformen können mit der GlobalFiler Express- oder der NGM SElect-Chemie betrieben werden und auch außerhalb eines forensischen Labores eingesetzt werden.

Während der RapidHit 200 bis zu acht Vergleichs- und Spurenproben in weniger als 2 Stunden analysiert, wird der RapidHit ID mit einer Vergleichs- oder Spurenprobe beladen. Das resultierende DNA-Profil liegt den Experten nach ca. 90 Minuten zur Auswertung vor.

Wir präsentieren interessante Ergebnisse zu unterschiedlichen Probenmaterialien und diskutieren die vielfältigen Einsatzmöglichkeiten der Rapid Technologie. Zudem werden wir die aktuellen Grenzen der Technik ansprechen und Beispiele aufzeigen, wie damit umgegangen werden kann.

Ergebnisse der GEDNAP-Ringversuche 58 und 59

*Carsten Hohoff, Robbin Stantscheff, Katrin Schnöink, Bernd Brinkmann
Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster*

Im Rahmen dieses Beitrags wird die Auswertung der von den GEDNAP-Teilnehmern eingereichten Ergebnisse und Originaldaten für die unterschiedlichen Module (Spurencharakterisierung, autosomale STRs, Y-STRs, X-STRs und mtDNA) hinsichtlich der sechs Referenzproben und acht Spuren der Ringversuche GEDNAP 58 und 59 vorgestellt, ebenso für das Extraktions-Effizienz-Modul sowie die Biostatistik-Module (binär sowie kontinuierlich).

Ein Schwerpunkt liegt in der Darstellung von Fehlern und der Ermittlung ihrer Ursachen, damit sie möglichst zukünftig nicht erneut auftreten.

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

Im Anschluss werden den Teilnehmern die individuellen Auswertungsunterlagen ausgehändigt.

Implementierung einer automatischen EPG-Bewertung in einem Routine-Labor

Volker Weirich - Landeskriminalamt Mecklenburg-Vorpommern

Angesichts des großen Potenzials der verfügbaren vollkontinuierlichen Software-Lösungen wurde ein eigener an den Laborbedarf angepasster Algorithmus entwickelt und in den Workflow implementiert. Erstmals wurde dieser Ansatz auf dem 28. ISFG-Tagung in Prag vorgestellt (<https://doi.org/10.1016/j.fsigs.2019.09.027>).

Mittlerweile liegen die maschinell erstellten Befunde zu einigen Tausend Spuren vor, die zu mehreren Hundert Treffern mit Personen-Datensätzen in der DNA-Analyse-Datei führten.

Im Vortrag wird das Grundprinzip erläutert, ebenso werden die bisherigen Ergebnisse vorgestellt und die aktuell implementierten Funktionalitäten gezeigt. Ausgehend von den beobachteten Unterschieden zwischen den maschinell erzeugten Resultaten und der Bewertung durch Sachverständige werden auch die Ansätze zur weiteren Optimierung der Software-Logik vorgestellt.

Statistefix 4.0: Ein Softwareupdate zur erfolgreichen Dekonvolution von Mischspuren?

Max Schmidt, Peter Wiegand

Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Ulm, Deutschland

Vollkontinuierliche Datenauswertung wird seit einigen Jahren in vielen forensischen Laboren angewendet. Verschiedene Programme, frei verfügbar oder kommerziell erwerbbar, bieten erfolgsversprechende Optionen, forensische Mischspuren umfangreich auszuwerten. Neben der biostatistischen Beurteilung ist die Aufschlüsselung der DNA-Mischspur in ihre einzelnen Spurenverursacher ein wichtiger Bestandteil der vollkontinuierlichen Analyse. Dabei berechnet die angewandte Software Wahrscheinlichkeiten verschiedener Allelkombinationen und Genotypen der möglichen Spurenverursacher. Die Möglichkeit Hauptkomponenten aus DNA-Mischspuren zu differenzieren wird nun auch von der Software Statistefix 4.0 angeboten. Die Rechtsmedizin Ulm, als erstes unabhängiges Labor, präsentiert eine Studie zur Performance. In dieser Studie wurden 2-4 Personen-Mischspuren mit bekannten Spurenverursachern und Spurenanteil experimentell erstellt und ausgewertet. Ferner, werden eigene Erfahrungen mit diesem noch jungen Update berichtet. Diese Mischkonstellationen wurden mit weiteren vollkontinuierlichen Softwarelösungen analysiert, um eine aussagekräftigere Ergebnisbeurteilung durchführen zu können. Zur weiteren Entwicklung von Statistefix 4.0 wird zusätzlich eine parameterabhängige Optimierung vorgestellt.

DNA-Matching auf einen Klick - Abetter MatchMaker

A.M. Pflugbeil; M. Harthun, T. Petzold - qualitytype GmbH

Mit der 2017 in Kraft getretenen Gesetzesänderung des §81h StPO ist nunmehr ein automatisierter Abgleich eines ermittelten DNA-Profiles mit den DNA-Identifizierungsmustern des vorliegenden Spurenmaterials, unter Einbeziehung eines Verwandtschaftsgrades in "gerader Linie" oder in der "Seitenlinie" bis zum dritten Grad, möglich [1]. Bei DNA-Reihenuntersuchungen mit mehreren Hundert Probanden, gestaltet sich dieses Vorhaben allerdings sehr komplex und zeitaufwendig. Hinzu kommt die Tatsache, dass die im Rahmen der Reihenuntersuchung ermittelten DNA-Profile, ohne weitere Erforderlichkeit zur Aufklärung des Sachverhaltes, unverzüglich zu löschen sind und dieser Vorgang zu dokumentieren ist.

Das Expertentool *Abetter MatchMaker* bietet die Möglichkeit eines automatisierten Abgleichs von DNA-Identifizierungsmustern unter Berücksichtigung der gesetzlichen Neuerungen. Ermittelte DNA-Identifizierungsmuster werden mit hinterlegten Mustern auf direkte Übereinstimmungen oder hinsichtlich der Abfrage eines potentiellen verwandtschaftlichen Zusammenhanges geprüft. Dabei beruht die Abfrage auf Grundlage des *Allele-Sharings*. Ebenso ist ein Abgleich von Reinspur-Reinspur, Mischspur-Reinspur / Reinspur-Mischspur als auch Mischspur-Mischspur, nach den Vorgaben der *ENFSI DNA working group 2017*, möglich [2]. Auch bei der Suche nach Vermissten kann *Abetter MatchMaker* den Gutachter unter Berücksichtigung von bekannten und unbekanntem Verwandtschaftsverhältnissen unterstützen.

Der Anwender kann das Analysewerkzeug *Abetter MatchMaker* entweder als *Stand-Alone-Lösung* einsetzen oder als Zusatzmodul zum *AbetterLIMS* verwenden.

Im Vortrag zeigen wir Ihnen, wie sie unsere aktuelle Entwicklung in ihren Analyseworkflow für einen DNA-Abgleich einbinden können.

[1] Bundesanzeigerblatt (Jahrgang 2017) Gesetz zur effektiveren und praxistauglicheren Ausgestaltung des Strafverfahrens. Bundesanzeiger Verlag.

[2] ENFSI DNA Working Group (2017) DNA-Database management review and recommendations. <http://enfsi.eu/wp-content/uploads/2017/09/DNA-databasemanagement-review-and-recommendations-april-2017.pdf> (Abruf: 12/2019)

Der Einfluss der STR-Typisierungsstrategie auf Likelihood Ratio-Berechnungen

Proff, C., Bundeskriminalamt, KT31 DNA-Analytik, Wiesbaden

Semi- und vollkontinuierliche Softwaremodelle zur Likelihood Ratio (LR)-Berechnung finden zunehmend Anwendung und Beachtung. Die gerade in Deutschland eher individuelle Vorgehensweise bei der DNA-Typisierung z.B. hinsichtlich Untersuchungskits und Interpretation wird dabei weniger berücksichtigt. Die steigende Zahl von Sachverständigen dürfte die Variabilität in Berechnungen für DNA-Gutachten erhöht haben. Dies zeigten bereits die beim Spurenworkshop 2017 durch Katja Anslinger in Gießen präsentierten Ergebnisse des Ringversuchs der Spurenkommission zur Auswertung von Mischspuren.

Der Vortrag stellt Profilinterpretation, Typisierung in Duplikaten und Replikaten, die Nutzung unterschiedlicher PCR-Kits, consensus/composite-Ansatz etc. gegenüber und beschreibt den Einfluss auf die Höhe der errechneten Likelihood Ratios. Die Ergebnisse zeigen, dass ein klarer und reproduzierbarer Typisierungs- und Interpretationsansatz für LR-Berechnungen, gerade auch mit neuen Softwaremodellen, essentiell ist.

Empfehlungen zur Harmonisierung und Anpassung der Strategie für den Labor- und Sachverständigenalltag werden präsentiert.

DNAXs, a software suite for the data management and probabilistic interpretation of DNA profiles.

Kristy Steensma, Corina Benschop, Christophe Creeten, Patrick Dieltjes, Jerry Hoogenboom, Pauline Hovers, Jeroen de Jong, Alexander L.J. Kneppers, Dennis Kruijse, Vincent van Marijon, Jord H.A. Nagel, Heidi van Paassen, Raymond Parag, Titia Sijen, Martin Slagter and Klaas Slooten
Netherlands Forensic Institute, The Hague, The Netherlands.

Forensic DNA-profiling has rapidly developed over the years. With a growing number of genetic markers being implemented to increase the discriminating power, the data management, profile interpretation and the comparison of (large) sets of DNA profiles has become more complex, time-consuming and error-prone when performed manually. To cope with this increased complexity of comparative DNA research, an array of different programs and *ad hoc* solutions has been adopted by forensic DNA-researchers, but an all-in-one, integrated solution has not yet progressed.

To that end, the Netherlands Forensic Institute (NFI) has developed a user-friendly software denoted DNAXs which is short for DNAeXpert System. DNAXs allows forensic DNA researchers to manage DNA profiles and case data by viewing graphical representations of electropherograms (epgs) and the epgs themselves, infer the major component(s) in a profile, compare (large) sets of DNA profiles and to compute consensus and composite profiles. The software includes documented Web-APIs to connect DNAXs to up and downstream software programs such as SmartRank, Bonaparte, FDStools and CODIS. Furthermore, DNAXs has implemented the DNASatistX module to calculate weights of evidence, which' algorithm is largely based on the source code of the quantitative probabilistic genotyping system EuroForMix. DNAXs has been implemented and is used in forensic casework at the NFI since December 2017. The DNAXs platform aids forensic casework by providing overview and assisting complex data interpretation and elucidating the decision making process with the potential to increase consistency and accountability, and reducing errors and variability in interpretation.

During the presentation, the available functionalities within DNAXs will be demonstrated though a case example highlighting the integrated NFI workflow and efficiency gain. Insight into the continuous development and improvements of DNAXs will be given as well as the future plans and the upcoming distribution of the software within the forensic community.

Identifizierung von stark fäulnisveränderten Leichen - Probleme, Methoden und Forschungsansätze

Katharina Helm¹, Bettina Dunkelmann, Stefan Pittner, Christian Staufer, Gabriele Kreindl, Tamara Kastinger, Eva Müller, Waltraud Zahrer, Ines Griebner, Jan Cemper-Kiesslich, Fabio Monticelli, Franz Neuhuber

¹IFFB Gerichtsmedizin, Universität Salzburg, Österreich

Nach Auffindung einer Leiche mit stark fortgeschrittenem Verwesungsgrad ist eine erfolgreiche Identifizierung basierend auf morphologischen Merkmalen oft nicht mehr möglich. Um auch bei starker Leichenfäulnis eine forensische Identifizierung durchführen zu können, hat sich eine Genotypisierung mit Hilfe von sogenannten Short Tandem Repeat (STR) Markern durchgesetzt. Ab einem fortgeschrittenen Verwesungsgrad können jedoch Zersetzungsprozesse im Körpergewebe die Stabilität der Mikrosatellitenmarker beeinträchtigen und somit eine erfolgreiche Genotypisierung verhindern. Hier wird in vielen Fällen auf Knochen- oder Zahnmaterial zurückgegriffen, in welchem die Stabilität der STR Marker höher ist und aus denen oft auch nach sehr langen Leichenliegezeiten eine für eine Typisierung geeignete DNA isoliert werden kann. Die Aufarbeitung von Knochen und Zähnen ist jedoch im Vergleich zu Weichteilgeweben sehr zeit- und kostenintensiv. Daher vergleichen wir in unserer aktuellen Studie die Eignung sechs verschiedener Weichteilgewebe bei unterschiedlichen Verwesungsgraden. So wurde bei >30 Einzelfällen der Verwesungsgrad über ein Morphologisches Scoring (Total Body Score, Megyesi et al.) bestimmt und es wurden Abstriche der folgenden Gewebe genommen: Aorta, Harnblase, Hirn, Leber, Muskel und Mundhöhle. Dabei zeigten die verschiedenen Gewebetypen bei variierendem fortgeschrittenen Verwesungsgrad Unterschiede in der STR-Marker Stabilität und folglich der DNA-Profilqualität. Weitere Erkenntnisse über die Eignung von Weichteilgewebe für die forensische Identifizierung sollen in Kooperation mit einem forensischen Friedhof in Amsterdam erlangt werden.

Vergleichende Analyse von DNA-Extraktionsprozessen zur DNA-basierten Identifizierung von fäulnisveränderten Leichen in der forensischen Routinearbeit

*Sonja Uerlings, Vanessa Welter, Burkhard Madea, Melanie Grabmüller
Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Bonn, Deutschland*

Die Identitätsklärung von fäulnisveränderten Leichen ist eine wichtige und mitunter häufige Aufgabe in der forensischen Routinearbeit. Die Identifizierung des Verstorbenen erfolgt in der Regel durch morphologische Merkmale, Fingerabdrücke, körperliche Unterscheidungsmerkmale (wie bspw. Tattoos, Narben und chirurgische Implantate) und/oder einen Zahnstatus. Liegen jedoch keine aktuellen zahnmedizinischen Aufzeichnungen vor oder sind morphologische Merkmale aufgrund der bestehenden Fäulnis des Körpers nicht erkennbar, wird eine DNA-basierte Identifizierung bevorzugt. Zahlreiche Studien haben gezeigt, dass mehrere Weich- und Hartgewebe für die STR-basierte Typisierung verwendbar sind, aber vor allem kann je nach verwendeter Methode der DNA-Extraktionsprozess sehr zeitaufwendig sein.

Um die DNA-Extraktionsmethode für Weich- und Hartgewebeproben zu optimieren, wurde das "DNeasy® Blood & Tissue Kit" (Qiagen) mit dem "SwabSolution™ Kit" (Promega) verglichen. Sieben verschiedene Gewebe (z.B. Gehirn, Aorta, Finger- und Fußnagel) von 20 fäulnisveränderten Leichen wurden mit beiden Methoden extrahiert.

Die erzielten Ergebnisse zeigten, dass die Extraktionsmethode mittels des "SwabSolution™ Kit" häufig zu geringen DNA-Konzentrationsausbeuten, einer hohen DNA-Degradation sowie dem vereinzelt Auftreten von PCR-Inhibitoren in diesen Extrakten führte. Die qualitativen Ergebnisse (STR-Profile) beider Methoden zeigten jedoch keine signifikanten Unterschiede. Trotz der Prävalenz der DNA-Degradation war es möglich, genügend STR-Systeme zu detektieren, die für eine Identifizierung ausreichend sind. Darüber hinaus wird eine zusätzliche Aussage über die Eignung der getesteten Gewebe für die STR-Analyse getroffen.

Optimierung und Vergleich von multiplex mRNA-basierter Körperflüssigkeitsbestimmung mittels Kapillarelektrophorese (CE) sowie massiver paralleler Sequenzierung (MPS)

M. Bamberg¹, G. Kulstein², A. Fürst³, P. Wiegand¹, T. Hadry³

¹ Institut für Rechtsmedizin, Forensische Genetik, Universitätsklinikum Ulm

² Bundeskriminalamt, Wiesbaden

³ Bayerisches Landeskriminalamt, Forensische DNA-Analytik

Die Identifikation von menschlichen Körperflüssigkeiten und Geweben von Spuren ist essentiell für den Sachverhalt von verschiedenen Arten von Verbrechen. Aufgrund der oft ungenauen und fehlerhaften Bestimmung mittels Vortestverfahren wurde in den letzten Jahren vermehrt im Bereich der Körperflüssigkeiten- und Gewebebestimmung geforscht.

Vor allem die mRNA-basierte Genexpressionsanalyse zeigte sich in unterschiedlichen Studien als eine sensitive und spezifische Methode zur Bestimmung von Körperflüssigkeiten/Geweben. Neben den Untersuchungsmethoden der Reversen Transkription (RT) mit Endpunkt-PCR und anschließender Kapillarelektrophorese (RT-CE) und der quantitativen Real Time PCR (RT-qPCR) ist die mRNA-Analyse mit Hilfe von massiver paralleler Sequenzierung (MPS) eine wichtige neue Alternative.

In dieser Studie erfolgte die Optimierung der Methoden der RT-CE- und MPS-basierten Körperflüssigkeitsbestimmung indem mRNA-Assays adaptiert und angepasst wurden. Hierbei wurden die Konzentrationen aller Primer neu aufeinander abgestimmt, sowie nicht sensitive Marker aus dem Multiplex-Ansatz entfernt oder neue spezifische Marker integriert. Auch wurde die RNA-Extraktion und die Probenselektion modifiziert. Zudem wurden die Leistungen der RT-CE- und MPS-basierten Methode anhand der Ergebnisse auf Sensitivität, Spezifität sowie Robustheit verglichen. Für diesen Vergleich wurden forensisch relevante Körperflüssigkeiten/Gewebe wie Blut, Speichel, Vaginalsekret, Menstruationsblut, Sperma und Haut in verschiedenen Konzentrationen und Mischungsverhältnissen untersucht. Zusätzlich wurden routinebezogene Fallproben mit unterschiedlicher Lagerungszeit gesammelt und analysiert.

Wir zeigen die Vor- und Nachteile sowie Grenzen der beider Methoden vergleichend (RT-CE- und MPS; mit unterschiedlicher Anzahl und Zusammensetzung an RNA-Markern) bzgl. Sensitivität, Spezifität und Ergebnisdarstellung/Auswertung für die mRNA-basierte Bestimmung von Körperflüssigkeiten.

Ein maschinelles Lernmodell zur Vorhersage der Herkunft forensisch relevanter Körperflüssigkeiten

Diana Iacob, Angelika Fürst, Thorsten Hadrys
Bayerisches Landeskriminalamt, Forensische DNA-Analytik, München

In den meisten Fällen sind DNA Profile alleine nicht ausreichend, um den genauen Hergang einer Tat beurteilen zu können. Die Identifizierung des zellulären Ursprungs und der Zusammensetzung von Tatortspuren, kann hierbei kontextbezogene Informationen hinsichtlich des Tathergangs liefern. Unser Ansatz zur Identifizierung von Körperflüssigkeiten aus Spuren, kurz als „Body Fluid Identification“ (BFI) bezeichnet, basiert auf einer gezielten mRNA-Sequenzierung mittels „Next Generation Sequencing“ (NGS). Dabei wird ein Multiplex-Panel spezifischer Biomarker verwendet, die den fünf Kategorien forensisch relevanter Körperflüssigkeiten entsprechen: Blut, Speichel, Sperma, Vaginalsekret und Menstruationsblut. Die gezielte mRNA-Sequenzierung mittels NGS bietet sowohl quantitative als auch qualitative Informationen und ist somit eine sehr effiziente BFI Methode. Die aus der Sequenzierung erhaltenen Rohdaten wurden mittels einer von uns erstellten Genexpressionspipeline zum Nachweis der Expressionsniveaus der Biomarker und ihrer Korrelationen mit den Körperflüssigkeiten ausgewertet. Anschließend wurden die resultierenden Expressionsprofile verwendet, um ein Multi-Class Random Forest basiertes maschinelles Lernmodell zu erstellen, welches den zellulären Ursprung und die Zusammensetzung von Einzel- bzw. Mischproben vorhersagt. In diesem von uns entwickelten neuen Ansatz werden probabilistische Informationen in ein maschinelles Lernmodell integriert und gleichzeitig ein hohes Maß an Transparenz für die Vorhersage erreicht.

Massenspektrometrische Identifizierung von Körperflüssigkeiten für forensische Zwecke

Katalin Barkovits¹, Sascha Roocke¹, Jennifer Stepien¹, Stephan Kuhlmann², Annette Dorn³, Katrin Marcus¹

¹ Functional Proteomics, Medical Proteome-Center, Ruhr-Universität Bochum

² Landeskriminalamt Nordrhein-Westfalen, Dez. 52.4 - Serologie, DNA-Analysen, Düsseldorf

³ Bayerisches Landeskriminalamt, Abteilung II Sachgebiet 203 - Forensische DNA-Analytik, München

Die Massenspektrometrie (MS)-basierte Analytik ist eine vielversprechende Alternative für die Identifizierung von biologischen Spuren bei forensischen Untersuchungen. Im Gegensatz zu den etablierten forensischen Vor- und Nachweistests zeichnen sich MS-basierte Analysen durch eine hohe Sensitivität und Spezifität aus und es können in einem Multiplex Ansatz mehrere Testverfahren kombiniert werden. Ziel der Studie war es, einen MS-basierten Workflow für die Identifizierung von Körperflüssigkeiten wie Blut, Speichel, Sperma und Vaginallflüssigkeit für forensische Untersuchungen zu etablieren.

Für die MS-basierte Analyse forensischer Proben wurden verschiedene Probenvorbereitungsstrategien getestet, darunter In-Gel, In-Lösung und FASP-unterstützter Aufschluss. Zur Identifizierung spezifischer Markerproteine wurde eine kombinierte Analyse mittels Data Dependent Acquisition (DDA) und Data Independent Acquisition (DIA) durchgeführt.

Ein Workflow zur LC-MS-basierten Identifizierung von Körperflüssigkeiten wurde entwickelt und verifiziert wobei Blut, Speichel und Sperma mit 100 % eindeutig identifiziert wurde und somit die Anwendbarkeit der LC-MS Methode auf forensische Untersuchung bestätigt. Für die eindeutige Identifizierung von Vaginallflüssigkeit wurde DIA zur Identifizierung von Peptidmarkern eingesetzt. Mit dieser Strategie konnte die Anzahl der identifizierten Proteine und Peptide pro Körperflüssigkeit erhöht und 10 spezifische Peptide für jede Körperflüssigkeit ausgewählt, mit denen eine gezielte LC-MS-Methode mit parallelem Reaktions-Monitoring aufgebaut wird, um eine schnelle, robuste und empfindliche Methode zu entwickeln. Die Methode wurde für die Identifizierung der Proben des GEDNAP-Ringversuches angewendet. Die Ergebnisse zeigen die Möglichkeit, Körperflüssigkeiten mit LC-MS zu identifizieren und veranschaulichen das hohe Potenzial dieser Methode für forensische Zwecke.

Ein neues Phantom? Bericht von einem Serientreffer und einer Phantomjagd.

Dr. Burkhard Rolf, Dr. Anke Heinrich, Eurofins Medigenomix Forensik GmbH
Dr. Harald Schneider, Hessisches Landeskriminalamt
Dr. Michael Kraft, Landeskriminalamt Berlin
Dr. Nils Gerke, Eppendorf AG

In einer im Jahr 2010 beginnenden Treffer-Serie in mehreren Bundesländern und der Prüm-Region ergab sich bei der polizeilichen Ermittlungsarbeit bislang kein sinnvoller Tatzusammenhang. Von den involvierten DNA-Laboren wurde die Möglichkeit eines neuen Phantoms erörtert und ein Abgleich der verwendeten Verbrauchsmittel durchgeführt. Die sich daran anschließende Umfrage mit dem beobachteten Profil im Verteiler der deutschsprachigen Arbeitsgruppe der ISFG führte zu einem Treffer in der Eliminations-Datenbank eines Herstellers, der für Labor-Verbrauchsmaterialien einen Reinheitsgrad gemäß den Anforderungen der ISO18385 eingerichtet hat. Wir präsentieren unsere Recherchen und diskutieren die Möglichkeiten und Grenzen der Kontaminationsvermeidung und Erkennung durch den ISO18385 Standard.

Ursache und Vermeidung von Kontaminationen durch Allelleiter

I. Blank , S. Kron , A. Lange , R. Janscak und I. Schulz
Institut für Rechtsmedizin der Universität Basel

Eine essentielle Komponente forensischer PCR Kits ist die Allelleiter, welche aus einem Mix hochkonzentrierter DNA-Fragmente besteht. Eine Kontamination selbst von noch so geringer Menge ist zwingend zu vermeiden, insbesondere im Prä-PCR Bereich. Als wir in unserem Labor sporadisch Allelleiter-Muster in Negativkontrollen beobachteten, wollten wir die Ursache dafür finden. Neben einer gründlichen Begutachtung und Umstellung unserer eigenen Laborprozesse untersuchten wir auch die Außenseiten der Allelleiter-Tubes verschiedener PCR-Kits.

Erstaunlicherweise fanden wir Rückstände der Allelleiter an den Reaktionsgefäßen, den Gefäßdeckeln und in einigen Fällen sogar an der Außenseite der versiegelten Kunststoffverpackung der Allelleiter. Dies galt für in Gebrauch befindliche Kits, aber auch für Behälter, die noch nicht geöffnet waren.

Gerade bei neu ausgepackten Reagenzien erwarteten wir keine produktionsbedingten Kontaminationen an den Außenflächen. Hierdurch besteht die Gefahr, dass Rückstände der Allelleiter in prä- sowie post-PCR Laborbereiche übertragen werden. Wir haben die betroffenen Hersteller um eine mögliche Erklärung und eine Überprüfung ihrer eigenen internen Produktionsprozesse gebeten.

Neben unseren Daten aus mehr als 250 Abrieben von insgesamt 12 verschiedenen Kits werden wir auch unsere Interimsstrategie darstellen, die uns dabei geholfen hat, weitere Kontaminationen durch Allelleitern zu vermeiden.

Allgemeine Informationen

Anmeldung/Registration

Eine Online-Anmeldung ist bis 12.02.2020 möglich.

Danach melden Sie sich bitte nur noch vor Ort im Kongressbüro an.

Namensschilder

Bitte tragen Sie Ihr Namensschild immer gut sichtbar, damit wir und das Servicepersonal Sie als Teilnehmer wahrnehmen können.

Sie können das freie **WLAN** des Hotel Holiday Inn City Centre nutzen. Außerdem erhalten Sie gegen Gebühr über die Hotelrezeption einen passwortgeschützten Zugang.

Parkmöglichkeiten

Das nächstgelegene öffentliche gebührenpflichtige Parkhaus ist die PARK ONE Tiefgarage Hilton Munich City. Auch das Hotel Holiday Inn City Centre verfügt über eine Tiefgarage, ebenfalls gebührenpflichtig.

Ansprechpartner vor Ort

Institut für Rechtsmedizin der Universität München Forensische Molekularbiologie

PD Dr. Katja Anslinger

Nußbaumstr. 26

80336 München

Tel: +49 (0)89/2180-73 310

katja.anslinger@med.uni-muenchen.de



RIEGGER - KONGRESSMANAGEMENT

Im Grün 4

79252 Stegen b. Freiburg

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

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

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

Öffnungszeiten Kongressbüro

Donnerstag, 20.02.2020

08:30 - 17:00 Uhr

Freitag, 21.02.2020

8:30 - 16:30 Uhr

Samstag, 22.02.2020

8:30 - 14:00 Uhr

Veranstaltungsorte

Alle Fortbildungen, User-meetings und der 40. Spuren-workshop finden im Hotel Holiday Inn City Centre Hochstraße 3 81669 München Telefon 089/4803-0 statt.

Alle Locations sind leicht zu Fuß erreichbar:

Holiday Inn - Sausalitos:
über die Ludwigsbrücke
Richtung Isartor bis Tal 16
in 15 Minuten.

Holiday Inn - Nockherberg:
einfach der Hochstraße entlang
bis Hochstraße 77 in ebenfalls
15 Minuten

Rahmenprogramm



Zum Get together am Donnerstagabend ab 19 Uhr trifft man sich ganz ungezwungen im Restaurant Sausalitos Tal 16 80331 München Telefon 089/24295494



Gesellschaftsabend
im Paulaner auf dem
Nockherberg
Hochstraße 77
81541 München
Telefon 089/4599130



41. Spurenworkshop

Bielefeld

25.–27. Februar 2021

