



41. SPURENWORKSHOP 2021



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

www.spurenworkshop.de

Angebote dieser Fachfirmen finden Sie auf
www.spurenworkshop.de/SW2021



Liebe Kolleginnen und Kollegen,

wer von uns hätte vor einem Jahr, als wir uns „wie immer“ in großer Runde in München beim 40. Spurenworkshop versammelt hatten, ernsthaft in Betracht gezogen, dass der 41. Spurenworkshop 2021 als „virtuelles Event“ über die Bühne gehen würde? Nun ist dieser Fall eingetreten, und ich bin froh und dankbar, dass es uns gelungen ist, die Tradition unserer jährlichen Workshops mit Hilfe digitaler Hilfsmittel und der praktischen Unterstützung von Frau Riegger vom r-km Kongressmanagement auch im Pandemiewinter 2020/21 fortzuführen.

Offensichtlich ist unser virtuelles Angebot auf eine hoch motivierte Zuhörerschaft getroffen, wie die große Zahl der Anmeldungen beweist. Die Fortbildungen waren innerhalb kurzer Zeit ausgebucht. Anstatt die Anzahl der Teilnehmer/-innen hinaufzusetzen, was zu Lasten einer konstruktiven Diskussion gegangen wäre, haben wir uns entschieden, noch einmal im Herbst 2021 ein vergleichbares Angebot an Fortbildungen auf die Beine zu stellen. Die Referentinnen und Referenten haben hierzu bereits ihre Zustimmung signalisiert. Dafür danke ich schon jetzt.

Natürlich wird unser virtueller Workshop vielleicht nicht ganz perfekt ablaufen und es wird möglicherweise an der einen oder anderen Stelle technische Probleme geben, für die ich mich im Namen meines Kölner Digitalteams vorsorglich entschuldige und um Geduld bitte. Ich bin aber sicher, dass es am Ende für alle eine erfolgreiche Veranstaltung werden wird, auch wenn der von uns allen geschätzte jährliche Höhepunkt des Spurenworkshops, unsere Abendveranstaltung, leider ausfallen muss.

Erfreulicherweise haben die uns seit vielen Jahren begleitenden Fachfirmen auch in diesem Jahr die Gelegenheit genutzt, ihre eigenen angebotsbezogenen Veranstaltungen auf die Beine zu stellen und im Rahmen unseres Workshops anzubieten. Dafür danke ich allen kommerziellen Partnern ausdrücklich und ermuntere Sie, dieses ebenfalls virtuelle Angebot wahrzunehmen.

So wünsche ich allen abwechslungs- und erkenntnisreiche Fortbildungen und Workshop-Vorträge sowie gute Ergebnisse in den aktuellen GEDNAP-Ringversuchen. Ich hoffe, sicherlich im Namen aller Beteiligten, auf ein zünftiges Wiedersehen anlässlich des 42. Spurenworkshops am 10.-12. Februar 2022 in Bielefeld.

Peter Schneider,
mit Jan Fleckhaus und Maximilian Neis,
im Namen der Mitglieder der Spurenkommission

**Ansprechpartner für das
wissenschaftliche Programm:**

Peter M. Schneider
Institut für Rechtsmedizin Köln
Telefon +49 221 478-88222
E-Mail spuren.ws.2021@gmail.com

**Fragen zur technischen
Durchführung:**

Institut für Rechtsmedizin Köln
jan.fleckhaus@uk-koeln.de
maximilian.neis@uk-koeln.de

**Ansprechpartnerin für die
Registrierung:**



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

Wichtige Hinweise zum Webinar

Die Durchführung der Fortbildungen und dem Spurenworkshop erfolgt auf der Online **Plattform GoToMeeting**. Für eine Verbindung ist ein PC oder Laptop mit Breitband-Internet-Zugang sowie Webcam, Mikrofon und Lautsprecher erforderlich, alternativ eine Webcam sowie ein Headset (Kopfhörer und angebautes Mikrofon). Einige Tage vor der Veranstaltung wird ein Testmeeting angeboten, um die technische Verbindung zu prüfen. Es muss geprüft werden, ob die lokale Sicherheitsrichtlinien (Firewall, Proxy-server) eine Verbindung gestatten.

Mit dem folgenden Link können Sie die Verbindung auch vorab selbst überprüfen:

1. Für das System:

<https://support.logmeininc.com/de/gotomeeting/system-check>

2. Für eine Testsession:

<https://support.goto.com/de/meeting/help/join-a-test-session-g2m050001>

Die Zugangsdaten (URL und Meeting ID) für den virtuellen Spurenworkshop sowie die fachbezogenen Fortbildungen werden den Teilnehmern rechtzeitig an die bei der Registrierung angegebene E-Mail Adresse versendet.

Nur für den Workshop (Donnerstag und Freitag):

Sollten sich mehrere registrierte Teilnehmer gemeinsam (z.B. in einem großen Konferenzraum) vor einem Bildschirm versammeln, können die Namen der entsprechenden Personen beim Login angegeben werden.

Programmübersicht - Donnerstag 25.02.2021

14:00	Begrüßung Peter Schneider <i>Institut für Rechtsmedizin Köln</i>
14:10	10 Jahre Molekulare Ballistik – Ein Blick zurück und ein Blick nach vorne C. Courts et al. <i>Institut für RechtsmedizinUniversitätsklinikum Schleswig-Holstein, Kiel</i>
14:25	Bitte nicht erschrecken! – Molekularballistische Analyse von Backspatterspuren nach Schüssen mit und Gefährdungspotential von Schreckschusswaffen. J. Euteneuer et al. <i>Institut für RechtsmedizinUniversitätsklinikum Schleswig-Holstein, Kiel</i>
14:40	Kontamination am Tatort: DNA-Transfer durch Spurensicherungshandschuhe O. Krebs et al. <i>Universitätsklinikum Hamburg-EppendorfInstitut für Rechtsmedizin; Polizei & LKA Hamburg</i>
14:55	Investigator Argus Y-28 QS – Schnelle, sensitive und robuste Amplifikation von 27 Y-chromosomalen STR Marker mit Quality Sensor M. Scherer et al. <i>QIAGEN GmbH, Hilden, Germany</i>
15:10	Next Generation Sequencing mit Gednap Proben: Das Ion Ampliseq™ DNA Phenotyping Panel (HirisPlex-S) und Precison ID mtDNA whole genome Panel S. Köhnemann et al. <i>Thermo Fisher Scientific, Life Technologies GmbH</i>
15:25	Pause
15:40	Ein neues Kapitel in der Geschichte des GEDNAP-Ringversuchs: Teil 1 - Phänotypisierung Katja Anslinger <i>Institut für Rechtsmedizin München</i>
16:10	GEDNAP-Ergebnisse Teil 1 Carsten Hohoff <i>IFG Münster</i>
17:10	Ende Tag 1
anschl.	Cocktailparty daheim



Programmübersicht - Freitag, 26.02.2021

10:00	<p>Berechnungen zum „activity level“ von DNA-Tatortspuren – Ein Erfahrungsbericht S. Willuweit et al. <i>Institut für Rechtsmedizin Berlin, Abteilung Forensische Genetik</i></p>
10:30	<p>Die Variabilität der Zelltypkomposition in Blut, Speichel, sowie Wangenschleimhautabrieben und ihr Einfluss auf die Altersschätzung J. Naue et al. <i>Institut für Rechtsmedizin & Medizinische Fakultät, Albert-Ludwigs-Universität Freiburg, Deutschland</i></p>
10:45	<p>Lebensaltersschätzung auf Basis der DNA-Methylierung in der forensischen Fallarbeit: Welchen Einfluss kann die ethnische Zugehörigkeit haben? J. Becker et al. <i>Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Düsseldorf</i></p>
11:00	<p>Neue Wege zur Lösung von Altfällen P. Jores et al. <i>Verogen, inc.</i></p>
11:15	<p>Pure DNA profiles of mixed forensic samples using puncher single cell technology K.C. Andree et al. <i>VYCAP B.V., Enschede, The Netherlands & Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster, Germany</i></p>
11:30	<p>Aufbau und Betrieb eines SARS-CoV2 Diagnostiklabors J. Silvery & C. Tiemann <i>LabCon-OWL, Bad Salzuflen</i></p>
12:00	Pause
12:15	<p>Ein neues Kapitel in der Geschichte des GEDNAP-Ringversuchs: Teil 2 - Altersschätzung <u>Marielle Vennemann</u>¹, Olivia Holländer¹, Carsten Hohoff² ¹ <i>Institut für Rechtsmedizin, Universität Münster</i> ² <i>Institut für Forensische Genetik, Münster</i></p>
12:45	<p>GEDNAP-Ergebnisse Teil 2 Carsten Hohoff <i>IFG Münster</i></p>
13:45	Ende Tag 2

10 Jahre Molekulare Ballistik – Ein Blick zurück und ein Blick nach vorne

Jan Euteneuer¹, Cornelius Courts¹

¹Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Schleswig-Holstein, Kiel

Als „molekulare Ballistik“ wird die molekularbiologische Analyse biologischer Spuren, die bei Schüssen auf organische Ziele entstehen, bezeichnet. Das Forschungsfeld ist also in der Schnittmenge von Ballistik, forensischer Molekularbiologie und kriminalistischer Spurenkunde zu verorten und hatte seinen Ursprung in der Entdeckung im Jahr 2011, dass Rückschleuderspuren („backspatter“) von Blut aus dem Inneren von Schusswaffen gesichert werden und daraus vollständige forensische DNA-Profile erstellt werden können. Im Jahr 2012 wurden diese Erkenntnisse zum ersten Mal bei der Untersuchung eines Mehrfachmordes angewendet.

Seitdem hat sich das Forschungsfeld weiterentwickelt und deutlich verbreitert. So konnte gezeigt werden, dass neben nukleärer DNA auch mtDNA und RNA aus Backspatterspuren isoliert werden können, so daß zur DNA vermittelten Individualisierung von Schusswaffenopfern die RNA-basierte Kontextualisierung von Schußspuren treten konnte. Aber auch Aspekte wie die Reichweite von Backspatter, Sicherung von Backspatterspuren und Modelloptimierung für experimentelle Beschüsse wurden inzwischen untersucht. Zuletzt wurden auch Schreckschusswaffen und deren Potential, Backspatter zu erzeugen, betrachtet.

Wir werfen einen Blick zurück auf die Erkenntnisse aber auch konkrete Anwendungsmöglichkeiten, die aus der molekularballistischen Forschung hervorgegangen sind und blicken dann nach vorne auf Einsatzmöglichkeiten, Synergie- und Forschungspotentiale der Zukunft.

Bitte nicht erschrecken! – Molekularballistische Analyse von Backspatterspuren nach Schüssen mit und Gefährdungspotential von Schreckschusswaffen.

Jan Euteneuer¹, Annica Gosch¹, Cornelius Courts¹

¹Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Schleswig-Holstein, Kiel

Schreckschusswaffen sind v.a. in Ländern mit strengen Waffengesetzen wie Deutschland weit verbreitet. Die Gewerkschaft der Polizei schätzte 2020 die Anzahl in Umlauf befindlicher solcher hierzulande an Erwachsene freiverkäuflichen Waffen auf über 15 Millionen, während die Anzahl der „kleinen Waffenscheine“ in den letzten Jahren kontinuierlich auf derzeit ca. 670.000 stieg. Obgleich in der öffentlichen Meinung oft nur als Spielzeug oder Mittel zur Einschüchterung und Selbstschutz aufgefasst, wurde wiederholt aufgezeigt, dass Schreckschusswaffen ein erhebliches Gefährdungspotenzial besitzen und allein die generierten Mündungsgase – auch ohne Projektil – schwere bis tödliche Verletzungen verursachen können.

Wir legen die erste systematische Untersuchung zur Entstehung, Sicherung und der molekularbiologischen Analysierbarkeit von Backspatterspuren von und durch Schreckschusswaffen vor. Als Weichteilmodelle dienten verschiedene Variationen von Gelatinewürfelmodellen mit einer Schwammatrix, infundiert mit menschlichem Blut und Röntgenkontrastmittel, bedeckt mit einer Lederschicht als Hautsimulans. Darauf wurden mit verschiedenen Schreckschusswaffenmodellen und Munitionstypen und -kalibern Kontaktschüsse abgegeben. Die Mündungsgase penetrierten die Lederschicht(en) in sämtlichen Modellvarianten und Backspatter, der in allen Fällen generiert wurde, konnte in ausreichender Menge von/aus den Waffen gesichert werden und ermöglichte jeweils die Rekonstruktion des DNA-Profiles des Blutdonors. Sichtbare Backspatterspuren fanden sich an der Mündung und/oder im Lauf nach allen Schüssen sowie in 75% der Fälle an den äußeren Oberflächen der Waffen; der spezielle Aufbau von Schreckschusswaffen mit der integrierten Laufsperrung stellte jedoch eine Herausforderung für die Probenahme dar. Das Gefährdungspotenzial von Schreckschusswaffen ließ sich anhand von Wundkanallängen von bis zu 4,5 cm Tiefe demonstrieren.

Kontamination am Tatort: DNA-Transfer durch Spurensicherungshandschuhe

Oliver Krebs¹, Felix Voß², Peter Pably³

¹Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf, Institut für Rechtsmedizin

²Polizei Hamburg

³Landeskriminalamt Hamburg

Wer Spuren sichert oder bearbeitet weiß, wie wichtig die Vermeidung von Kontaminationen durch den Bearbeiter ist. Die dafür nötige Ausrüstung aus Haube, Mundschutz, Handschuhe, Kittel/Overall und ggf. Überschuhen sollte, richtig verwendet, eine Kontamination von Spuren und Tatort ausschließen. Aber nicht jeder Tatort wird von der Spurensicherung bearbeitet. Gerade bei vielen Kleindelikten, aber auch in der ersten Phase von Kapitaldelikten, ist es oft die hinzugerufene Schutzpolizei, die erste Spuren sichert. Weil es sich dabei nicht um tägliche Routine handelt und Fortbildungen lange her sein können, können sich Fehler einschleichen. Auf eine mögliche Problemquelle wollen wir hier insbesondere hinweisen: Die Spurensicherungshandschuhe. Wie werden sie verwendet? Wie lange werden sie schon mitgeführt? Wie werden sie gelagert? An einem Kollektiv von zufällig ausgewählten Stichproben stellen wir vor, ob dies ein Problem für die Laborarbeit und Strafverfolgung darstellt.

Investigator Argus Y-28 QS – Schnelle, sensitive und robuste Amplifikation von 27 Y-chromosomalen STR Marker mit Quality Sensor

Scherer M., Vranes M., Cornelius S., König M., Kraemer M., Kohns A., Prochnow A.

QIAGEN GmbH, Hilden, Germany

Die Analyse Y-chromosomaler STRs ist fester Bestandteil der forensischen Praxis, insbesondere im Rahmen von Sexualstraftaten, wo sie die Identifizierung eines männlichen Spurenlegers auch in einem hohen Hintergrund weiblicher DNA ermöglicht.

In den vergangenen Jahren wurde die Diskriminierungskraft, Sensitivität, Robustheit und auch die Schnelligkeit der STR Analytik deutlich gesteigert. Diese Verbesserungen sind auch in Investigator Argus Y-28 QS eingeflossen. Der Assay umfasst 27 etablierte Y-STR Marker, und einen Quality Sensor zur besseren Interpretation von Daten. Neben anderen hoch diskriminierenden Y-STRs, enthält das Set von Markern 6 schnell mutierende STRs, die in vielen Fällen eine Unterscheidung nah verwandter männlicher Individuen ermöglichen. Die hohe Robustheit gegenüber Inhibitoren erlaubt, neben der Amplifikation jeglicher aufgereinigter DNA, auch die Direktamplifikation von typischen Referenzproben, wie Blut oder Speichel auf FTA Karten.

Es werden Daten aus der Entwicklung und Validierung gezeigt.

Next Generation Sequencing mit Gednap Proben: Das Ion Ampliseq™ DNA Phenotyping Panel (HirisPlex-S) und Precision ID mtDNA whole genome Panel

Stephan Köhnemann¹, Gottfried Weichhold¹, Anke Kruger¹, Thomas Simon¹, Daniel Kriegsmann¹, Bettina Marktätter¹, Heino Teifel¹

¹Thermo Fischer Scientific, Life Technologies GmbH

Die HID Ion GeneStudio™ S5 Gerätefamilie von Thermo Fisher Scientific bietet dem forensischen Anwender hohe Flexibilität für Forschung und Fallarbeit.

Sowohl firmeneigene als auch von Kunden entwickelte NGS Panels stehen zur Verfügung.

In unserer Präsentation werden wir den Schwerpunkt auf ein firmeneigenes und ein von Kunden entwickeltes NGS Panel legen, das Applied Biosystems™ Precision ID mtDNA whole genome Panel und das Ion Ampliseq™ DNA Phenotyping Panel (HirisPlex-S).

Mit dem Ion Ampliseq™ DNA Phenotyping Panel wurden die GEDNAP Ringversuchproben untersucht; die Ergebnisse werden vorgestellt.

Das Auswerten von mtDNA NGS Daten lebt von einer Software, die die üblichen Schwierigkeiten überwindet und die Ergebnisse einfach und interpretationsicher darstellen kann.

Mit überzeugenden Daten aus der Converge Software demonstrieren wir zusätzlich, wie mtDNA Mischbefunde so aufgeschlüsselt werden können, dass man diese dem STR Profil eines Spurenlegers in einer Mischspur zuordnen kann.

Ein neues Kapitel in der Geschichte des GEDNAP-Ringversuchs: Teil 1—Phänotypisierung

K. Anslinger¹, C. Hohoff²

im Auftrag der Spurenkommission

¹ Institut für Rechtsmedizin, LMU München

² Institut für Forensische Genetik, Münster

Seit Inkrafttreten der Änderung des §81e der StPO zum 13.02.2019, sind nun auch in Deutschland - wie bereits seit geraumer Zeit in einigen weiteren europäischen Ländern - Untersuchungen zum Zwecke der Vorhersage von Augen-, Haar- und Hautfarbe sowie des Alters eines unbekanntem Spurenverursachers zulässig. Infolgedessen wurden im Rahmen der GEDNAP-Ringversuche 60 und 61 erstmalig auch Module zur Pigmentierungs-Analytik und Altersschätzung angeboten.

Das Modul Pigmentierungs-Analytik basiert auf der Analyse der 41 SNPs des Hirisplex-S-Systems (Breslin et al., 2019) bzw. der Erstellung von Vorhersagewahrscheinlichkeiten für Augen-, Haar- und Hautfarbe unter Verwendung des darauf aufbauenden Webtools (<https://hirisplex.erasmusmc.nl>). Entsprechende Prognosen sollten jeweils für die drei Personenproben der beiden Ringversuche erstellt werden.

Unter Verwendung verschiedener Analysemethoden wurden von insgesamt 25 Laboren aus 10 europäischen Ländern Ergebnisse übermittelt. Im Vortrag werden über die vergleichende Auswertung der Daten bzw. identifizierte Fehlerquellen und Fallstricke bei den Analysen sowie der Erstellung der Prognosen berichtet und ein erstes Fazit gezogen.

Ergebnisse der GEDNAP-Ringversuche 60 und 61 (Teil 1)

Carsten Hohoff, Robbin Stantscheff, Marina Schramm, 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 60 und 61 vorgestellt, ebenso für das Extraktions-Effizienz-Modul sowie die Biostatistik-Module (binär sowie kontinuierlich) und ferner für die neuen Module Pigmentierungs-Analytik und Alter-Schätzung.

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.

Berechnungen zum “activity level“ von DNA-Tatortspuren – Ein Erfahrungsbericht

Sascha Willuweit¹, Marion Nagy¹

¹ *Institut für Rechtsmedizin Berlin, Abteilung Forensische Genetik*

Dem Sachverständigen in der forensischen Fallarbeit wird die Frage nach der Entstehung und möglichen Herkunft einer Tatortspur sicher bekannt sein: „Können Sie die Übertragung der festgestellten DNA auf das Objekt durch einen zweiten (den tatsächlichen Täter) ausschließen?“ Natürlich ist die Beantwortung solcher Fragen immer fallspezifisch und es werden sich keine allgemeingültigen Aussagen treffen lassen. Zahlreiche Studien haben zudem ergeben, dass sich selbst bei Kenntnis einer im Labor nachgestellten Übertragung das Szenario nicht immer zweifelsfrei von weiteren alternativen Übertragungsszenarien unterscheiden lässt. Andererseits kann die kategorische Erklärung der Unzulässigkeit einer Aussage hinsichtlich der Entstehung und möglichen Herkunft einer Tatortspur anhand der aufgefundenen DNA die vorgetragene Alternativhypothese plausibler erscheinen lassen. Denn, mit der als zurückhaltend empfundenen Darstellung des Sachverständigen zum *activity level* (bspw. die Sekundärübertragung nicht ausschließen zu können), entsteht oft der falsche Eindruck Primär- und Sekundärübertragung wären gleich wahrscheinlich. Richtig ist natürlich, dass die DNA-Analyse gerade hier an die Grenzen ihrer Aussagekraft stößt.

Wir möchten von einem Fall berichten, in dem wir aufgefordert wurden, Aussagen bezüglich der Entstehung und möglichen Herkunft einer Tatortspur zu treffen. Nach eingehender Recherche haben wir uns dazu entschlossen, diese Fragestellung mit Hilfe der Bayes'schen Netzwerke zu beantworten. Auf Grundlage dieses statistischen Verfahrens haben wir zwei mögliche Hypothesen zur Erklärung der festgestellten DNA erarbeitet und unter Zuhilfenahme von Studiendaten verschiedener Publikationen in Modellannahmen überführt. Schlussendlich wurden zwei Hypothesen jeweils in Form eines Bayes'schen Netzwerks bewertet und miteinander als *likelihood ratio* ins Verhältnis gesetzt.

In diesem Vortrag soll unsere Herangehensweise zur Berechnung des *activity levels* erläutert und an einem Fallbeispiel dessen Möglichkeiten und Grenzen diskutiert werden.

Die Variabilität der Zelltypkomposition in Blut, Speichel, sowie Wangenschleimhautabrieben und ihr Einfluss auf die Altersschätzung

J. Naue^{1,2}, S. Eble¹

¹ Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Freiburg, Deutschland

² Medizinische Fakultät, Albert-Ludwigs-Universität Freiburg, Deutschland

Die DNA-Methylierungsanalyse (DNAm) wird zunehmend zur Altersschätzung eingesetzt. Bei der Implementierung in die forensische Fallarbeit ist zu beachten, dass die Zelltypen, welche in die DNAm-Analyse einbezogen werden, variieren können. Da die Zelltypzusammensetzung forensischer Proben oft nicht direkt identifiziert werden kann, untersuchten wir die Zelltyp-Heterogenität innerhalb forensisch relevanter Probentypen und den möglichen Einfluss auf die Genauigkeit einer Altersschätzung.

Von 23 Personen (21-60 Jahre) wurden Blut, Wangenschleimhautabstriche (WSA) und Speichel gesammelt, wobei die Probensammlung von einem Teil der Probanden mehrfach in einen Zeitraum von vier Wochen durchgeführt wurde. Die Zellen der Wangenschleimhaut wurden dabei unter Verwendung zweier Tupfer einerseits mit leichtem als auch mit starkem Druck entnommen. Die Zelltypzusammensetzung wurde im Blut mittels fluoreszenzaktivierter Zellsortierung (FACS) (Granulozyten, Monozyten, Lymphozyten) und in Wangenabstrichen und Speichel mittels histologischer Färbung (Plattenepithelzellen, Leukozyten) bestimmt. Die DNAm von alters- und potentiell zelltyp-assoziierten CpG-Stellen wurde für die erste und letzte Entnahme mit massiver Parallelesequenzierung gemessen.

Die Zelltypzusammensetzung und DNAm der Proben wurden erfolgreich bestimmt. Im Vortrag wird ein Einblick in die Heterogenität der untersuchten Materialien gegeben. Des Weiteren wird auf die inter- und intraindividuelle Variabilität sowie deren Einfluss auf die Bestimmung altersabhängiger DNAm-Marker und die Altersschätzung eingegangen.

Lebensaltersschätzung auf Basis der DNA-Methylierung in der forensischen Fallarbeit: Welchen Einfluss kann die ethnische Zugehörigkeit haben?

J. Becker¹, J. Blum¹, T. Gündüz¹, P. Böhme¹, S. Ritz-Timme¹

¹Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Düsseldorf, Moorenstr. 5, 40225 Düsseldorf

Die epigenetische Altersschätzung auf Basis der Methylierung von DNA (DNAm) gewinnt zunehmend an Bedeutung in der forensischen Fallarbeit. Jedoch stellen nicht nur Qualität und Quantität von Spurenmaterial eine große Herausforderung im Blick auf eine individuell möglichst genaue Altersschätzung dar, auch ein möglicher Einfluss von endo- sowie exogener Faktoren auf die Methylierungswerte unterschiedlicher Marker muss bei der Altersschätzung berücksichtigt werden. Einer besonderen Bedeutung kommen möglichen Einflüssen der Ethnie eines Spurenlegers zu.

Der Einfluss der Ethnie auf die epigenetische Altersschätzung wurde durch den systematischen Vergleich eines europäischen Durchschnittskollektivs und eines japanischen Vergleichskollektivs in fünf DNAm Markersystemen (PDE4C, DDO, EDARADD, ELOVL2, RPA2) untersucht. Die Erhebung der Methylierungswerte erfolgte mittels Pyrosequenzierung anhand von Mundschleimhautabrieben von 370 Probanden (europäisches Kollektiv) und 93 Probanden (japanisches Kollektiv). Mithilfe der DNAm-Daten der fünf Marker des Durchschnittskollektivs wurde auf Basis einer Random Forest Regression ein Modell zur epigenetischen Altersschätzung erstellt. Folgend wurde für alle fünf Marker geprüft, ob sich die ethnisch unterschiedlichen Kollektive unterscheiden. Die DNAm-Daten der Japaner unterschieden sich bei den Markern DDO, ELOVL2 und EDARADD signifikant vom Referenzkollektiv. Dies führte zu entsprechenden Abweichungen der geschätzten Lebensalter vom wahren Alter. Die Daten belegen, wie wichtig die Auswahl von Markern ist, wenn das Risiko des Einflusses der Ethnie auf die Genauigkeit von Altersschätzungen minimiert werden soll.

Neue Wege zur Lösung von Altfällen

Pia Jores, Gothami Padmabandu, Paulina Walicheiwiz, Cydne Holt, Swathi A. Kumar, June Snedecor, Tony Le, Nicola Oldroyd Clark

Verogen, inc.

Traditionelle CE-basierte Methoden dominieren seit gut 20 Jahren in der forensischen DNA-Analyse. Seither beobachten wir, wie DNA-Datenbanken wachsen und welche Kraft sie bei der Identifizierung von Tatverdächtigen in einer Reihe von Ermittlungen entfalten. Trotzdem bleiben viele Fälle ungelöst und es gibt Grenzen, die eine Weiterentwicklung von Möglichkeiten einschränken, welche aber zur besseren und ausführlicheren Beantwortung der heutigen Fragen in der Forensik nötig wären.

Die Kombination der *Next-Generation Sequencing* (NGS-)basierten Arbeitsabläufe mit genetischen Genealogie-Datenbanken bereichert heutzutage die Ermittlungsergebnisse und bietet neue Hoffnung für alte Fälle. Die aufstrebende *Forensic Genetic Genealogy* (FGG, forensisch genetische Stammbaumanalyse) ist die bekannteste neue Anwendung und verändert maßgeblich die Altfall-Aufklärung. FGG führt zu neuen Ermittlungsansätzen bei der Identifizierung von Vermissten, bei sog. *Innocence*-Projekten (bei denen man einen Justizirrtum vermutet) und Kriminalfällen, wodurch bereits über 200 Alt- und aktuelle Fälle gelöst werden konnten, die ansonsten in einer Sackgasse geendet wären. Weitere Entwicklungen, die eine Kombination der am häufigsten in der Routine analysierten Marker ermöglichen, bieten jedem forensischen Laboren die Chance, Arbeitsabläufe effizient und kostengünstig zusammenzulegen und erlauben einen einfachen Zugang zu Sequenzdaten, ohne dass bestehende Arbeitsabläufe spürbar beeinträchtigt werden.

In dieser Präsentation stellen wir unsere Einschätzung und vergleichende Daten von verschiedenen Technologien zur *Forensic Genetic Genealogy* vor: Wie die Probenqualität und -quantität zur Bestimmung des am geeignetsten Analyseweges genutzt werden kann und wie die Diskussion über die Abwägung der Privatsphäre die Auswahl der Technologie ebenfalls beeinflusst. Außerdem wird beleuchtet, wie der bessere Zugang zur STR-Sequenzierung nicht nur *Forensic Genetic Genealogy*-Prozesse unterstützt, sondern auch einen umfassenden Einfluss auf die forensischen Routine-Analysen nimmt.

Pure DNA profiles of mixed forensic samples using puncher single cell technology

Kiki C. Andree¹, Lisa Oomens¹, Carsten Hohoff², Joska J. Broekmaat¹

¹ VYCAP B.V., Enschede, The Netherlands

² Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster, Germany

Ideally, forensic stains are single source stains containing a sufficient quantity and quality of human nuclear DNA. Real stains in contrast are often mixtures that are usually more difficult to interpret and analyse statistically than single source samples.

To overcome this problem VYCAP and IFG in close collaboration are co-developing technologies and protocols to process forensic stains with the aim to obtain single source DNA profiles. Here, we use the DEPArray Forensic SamplePrep Kit (Menarini Silicon Biosystems) to obtain a single cell suspension from forensic swabs. Depending on the type of sample a white blood cell marker, epithelial cell marker or semen marker is used in combination with a nuclear marker to label the cells of interest. After labelling, cells are transferred to a VYCAP microwell chip on which individual cells can be imaged, selected and isolated using VYCAP's Puncher system.

Thus we present first results of a workflow where single white blood cells are isolated from forensic swabs. Initial results show that single cells can successfully be isolated and typed by direct PCR leading to single source DNA profiles. Pooling of cells is also possible, e.g. for screening purposes.

Further optimisation of the protocol is in progress to increase the percentage of single cells with high quality STR profiles in order to convert mixed stains into their single source components.

Der Mutation auf der Spur: Aufbau und Betrieb eines SARS-CoV-2 Diagnostiklabors

Janine Silvery und Carsten Tiemann

MVZ Labor Krone - LABCON-OWL GmbH, Bad Salzufen

Das SARS-CoV-2 Virus (severe acute respiratory syndrome coronavirus type 2) ist ein neues Beta-Coronavirus, das Anfang 2020 als Auslöser von COVID-19 identifiziert wurde. Die schnelle und weltweite Ausbreitung des Erregers hat zu einer beispiellosen Anstrengung geführt, das Virus in klinischen Proben nachzuweisen, das virale Genom zu charakterisieren und seine Ausbreitung epidemiologisch zu untersuchen.

Da auch die Fallzahlen im MVZ Labor Krone GbR kontinuierlich ansteigen, müssen flexible PCR-Nachweissysteme kurzfristig für den Hochdurchsatz etabliert und für den Routineeinsatz validiert werden. Hierzu zählt neben einer kurzen Transferzeit zwischen Probennahme und Labor auch die schnelle und effiziente Probenvorbereitung, die Extraktion hoher Probenzahlen und die Hochdurchsatz-Amplifikation und Detektion von SARS-CoV-2.

Im Kontext größerer, regionaler Ausbruchsszenarien (z.B. in der Fleischindustrie) kommt der Nachverfolgung von Infektionsketten eine wichtige Bedeutung zu. Die genetischen Informationen der Virusgenome erlauben konkrete Einschätzungen von Ausbruch-Clustern und Übertragungswegen, in einigen Fällen auch des Viruseintrages. Im Rahmen der „Gütersloh-Studie“ wurden bisher 1800 Proben des Tönnies-Ausbruches und 400 Umgebungsproben sequenziert und zusammen mit den Metadaten ausgewertet. Weiterhin wurden Prävalenzuntersuchungen für das Land NRW und für das RKI (CovSurV) durchgeführt. Die Daten sollen Informationen über die Verbreitung verschiedener Virus-varianten in Deutschland liefern.

Durch das vermehrte Auftreten kritischer SARS-CoV-2 Virus-Mutationen (z.B. B.1.1.7, B.1.351 und B.1.1.28.P1) ist ein effektives Verfahren zur schnellen Typisierung positiver Proben etabliert worden, um eine gezielte Viruscharakterisierung im Rahmen der Molekularen Surveillance durchführen zu können. Neben der NGS-basierten Sequenzierung können Proben hiermit innerhalb kurzer Zeit auf die relevanten Mutationen untersucht werden.

Die Vernetzung unterschiedlicher Tätigkeitsbereiche wie Logistik, Probenvorbereitung, Analytik und Auswertung bis hin zu Resultatübermittlung stellt eine der wesentlichen Herausforderungen einer effektiven und zielorientierten Diagnostik in einer Pandemie dar. Die Dynamik innerhalb der Ausbruchsgeschehen und die schnelle Fortentwicklung der Anforderungen an das molekularbiologische Labor sind bezogen auf die vergangenen Jahre unvergleichlich.

Ein neues Kapitel in der Geschichte des GEDNAP-Ringversuchs: Teil 2 – Altersschätzung

Marielle Vennemann¹, Olivia Holländer¹, Carsten Hohoff²

¹ Institut für Rechtsmedizin, Universität Münster

² Institut für Forensische Genetik, Münster

Im vergangenen Jahr wurde im Rahmen der GEDNAP-Ringversuche erstmals ein Modul zur molekularen Altersschätzung angeboten. Die Notwendigkeit für einen solchen, rein wissenschaftlichen Ringversuch ergab sich aus der letzten Änderung der Strafprozessordnung, die nun die erweiterte genetische Analyse von Spurenmaterial zulässt, wenn der Spurenverursacher unbekannt ist. Dadurch ist die genetische Vorhersage der körperlichen Pigmentierung sowie eine Schätzung des biologischen Alters eines Spurenverursachers erlaubt.

Im Rahmen der GEDNAP-Ringversuche wurden den Teilnehmern drei unterschiedliche Blutproben je Ringversuch zur Verfügung gestellt, um das Alter der jeweiligen Spender zu schätzen. Die Methodik sowie das Schätzmodell waren durch die Teilnehmer frei wählbar.

Die erzielten Ergebnisse werden hinsichtlich der Schätzgenauigkeit sowie der Übereinstimmung zwischen Laboren dargestellt und diskutiert.

Ergebnisse der GEDNAP-Ringversuche 60 und 61 (Teil 2)

Carsten Hohoff, Robbin Stantscheff, Marina Schramm, 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 60 und 61 vorgestellt, ebenso für das Extraktions-Effizienz-Modul sowie die Biostatistik-Module (binär sowie kontinuierlich) und ferner für die neuen Module Pigmentierungs-Analytik und Alter-Schätzung.

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.



42. Spurenworkshop

Bielefeld

10.-12. Februar 2022

