

16. Jahrestagung
der
Deutschen Gesellschaft
für
Abstammungsbegutachtung

„virtuell“ vom
23. - 25.06.2021



BVAG

Bundesverband der Sachverständigen
für Abstammungsgutachten

dgab

*deutsche gesellschaft für
abstammungsbegutachtung*

www.dgab.org

Sponsoren

ThermoFisher
S C I E N T I F I C



WILLKOMMEN

**Sehr geehrte Damen und Herren,
liebe Kolleginnen und Kollegen!**

**Wir laden Sie ganz herzlich ein, an unserer Jahrestagung vom
23. - 25.06.2021 teilzunehmen.**

Nach dem turbulenten, dynamischen und auch aufregendem Jahr 2020, in dem wir uns vielen neuen Herausforderungen stellen und leider aufgrund der Corona-Pandemie und ihren Konsequenzen unsere Jahrestagung ausfallen lassen mussten, freuen wir uns, dass wir in diesem Jahr uns zumindest virtuell wieder einmal treffen und austauschen können. Unser aufrichtigster Dank gilt allen Referenten, Teilnehmern und Sponsoren - ohne Sie würden unsere Jahrestagungen nicht stattfinden können.

Für das Jahr 2022 blicken wir hoffnungsvoll in die Zukunft: geplant ist, dass wir uns persönlich in Halle an der Saale wiedersehen werden. Die Tagung wird unter der Schirmherrschaft von Prof. Dr. Rüdiger Lessig organisiert werden und stellt sicherlich nach der Zeit der online Meetings und virtuellen Tagungen eine besonders schöne Rückkehr zu althergebrachten Traditionen dar.

Wir freuen uns auf eine interessante und abwechslungsreiche Tagung mit vielen spannenden Beiträgen und Diskussionen!

Vorstand der DGAB e.V.

Programm

Mittwoch 23.06.2021

14:00-15:00 Uhr: Workshop mit Verogen

15:00-16:00 Uhr: Workshop mit Promega

Donnerstag 24.06.2021

9:00-16:30 Uhr Workshops DGAB

17:00-18:30 Uhr Mitgliederversammlung DGAB

Freitag 25.06.2021

9:00-10:00 Uhr Mitgliederversammlung BVAG

10:00-12:00 Uhr Wissenschaftl. Programm I

12:00-13:00 Uhr Mittagspause

Pausentalk mit QIAGEN

13:00-15:00 Uhr Wissenschaftl. Programm II

15:00-15:30 Uhr Kaffeepause

15:30-17:00 Uhr Wissenschaftl. Programm III

17:00-17:30 Uhr Verabschiedung und Ausblick auf 2022

Videos von ThermoFisher Scientific on demand auf der Webpage

Abstracts

Freitag, 25.06.2021

10:00 - 10:30 Uhr

Ein „grenzwertiger“ Abstammungsfall oder wie eine X-Analyse Aufklärung brachte – ein Fallbericht

Sonja Uerlings¹, Manuel Pfeifer², Burkhard Madea¹, & Melanie Grabmüller¹

1 Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Bonn, Stiftsplatz 12, 53111 Bonn

2 Institut für Rechtsmedizin, Medizinische Fakultät, Technische Universität Dresden, Fetscherstraße 74, 01307 Dresden

Im Rahmen eines Abstammungsgutachtens für einen Familiennachzug sollte festgestellt werden, ob die Auftraggeberin die biologische Erzeugerin zweier im Ausland lebender Kinder ist. Bei den potentiellen Kindern handelte es sich um einen nunmehr 6-jährigen und einen 10-jährigen Jungen.

Im Vorfeld wurde von Seiten der Behörden bereits darüber informiert, dass es Unstimmigkeiten in der Familiengeschichte der Auftraggeberin gebe. Im Zuge der routinemäßigen Labormethodik bei Abstammungsuntersuchungen fiel auf, dass die Eventualmutter zum 10-jährigen Jungen in drei System nicht die erforderlichen, unerlässlichen mütterlichen Erbmerkmale zeigte.

Weitergehende Analysen, unter anderem die Erweiterung der untersuchten autosomalen STR-Systeme sowie die Erstellung eines X-STR-Profiles, brachten Aufklärung über die Familienverhältnisse.

Abstracts

Freitag, 25.06.2021

10.30 - 11:00 Uhr

Ein Verstorbener, ein potentieller Sohn und ganz viele Verwandte – warum einfach, wenn es auch kompliziert geht?

Micaela Poetsch¹, Petra Böhme², Nicole von Wurmb-Schwark³, Hellen Konrad¹, Thomas Bajanowski¹

1 Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Essen

2 Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Düsseldorf

3 ForGen – Forensische Genetik und Rechtsmedizin am Institut für Hämatopathologie GmbH, Hamburg

Ein Mann mittleren Alters klagt auf Feststellung der Vaterschaft eines Verstorbenen. Das Gericht gibt sich viel Mühe und recherchiert eine ganze Reihe von Verwandten des Mannes, die an einer Analyse beteiligt werden können. Das Ergebnis gefällt nicht jedem der Beteiligten und so nimmt das Unheil seinen Lauf ...

Abstracts

Freitag, 25.06.2021

11.00 - 11:30 Uhr

Wenn Vibration unbefriedigend ist...

Helen Konrad, Hannah Sturm, Lena Hördt, Thomas Bajanowski,
Micaela Poetsch

Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Essen

In den letzten Jahren gewannen neue Methoden auf Grundlage der DNA-Methylierungsanalyse wie zum Beispiel die Vorhersage des biologischen Alters aus einer DNA-Spur oder die eindeutige Bestimmung unterschiedlicher Körperflüssigkeiten in Spuren vom Tatort immer größere Relevanz. Diese Methoden basieren auf der Pyrosequenzierung spezifischer CpG-Stellen nach vorangegangener Bisulfit-Konvertierung.

Im Institut für Rechtsmedizin Essen wurde dafür in 2019 ein Pyrosequenzer PyroMark Q48 Autoprep der Firma Qiagen angeschafft und es konnten diverse Assays auf diesem Gerät etabliert werden. In 2020 wurde ein zweiter PyroMark Q48 dazu gekauft um mehrere Forschungsprojekte gleichzeitig bearbeiten zu können. Dieses Gerät wurde von einem Techniker von Qiagen direkt neben dem ersten Gerät aufgestellt und in Betrieb genommen - ganz nach dem Motto: Gleich & Gleich gesellt sich gern' - oder etwa nicht??

Die Ergebnisse der Verwendung zweier Pyrosequenzer nebeneinander werden vorgestellt und diskutiert!

Abstracts

Freitag, 25.06.2021

11.30 - 12:00 Uhr

„MixSeq & Match“ – Von CE zu NGS basierter mRNA-Analyse von biologischen Spuren

Maximilian Neis¹, Olivia Käsgen¹, Magdalena Bogus¹, Gabi Förster¹, Kerstin Nibbrig¹, Cornelia Schmitt¹, Harald Schneider², Theresa E. Groß², Markus A. Rothschild¹, Peter M. Schneider¹

1 Institut für Rechtsmedizin, Medizinische Fakultät und Universitätsklinikum Köln

2 Hessisches Landeskriminalamt, Wiesbaden

Die Klärung der Frage, aus welchen unterschiedlichen Gewebstypen und Körperflüssigkeiten (z.B. Blut, Speichel, Nasensekret, Sperma, Vaginalschleimhaut und/oder Menstrualsekret) sich eine Spur zusammensetzt, kann besonders bei sexualisierten Verbrechen von hoher Relevanz sein. Hierfür hat sich die mRNA-Analyse in den letzten Jahren als eines der fundamentalen Werkzeuge herauskristallisiert. Seit 2015 findet dieses Verfahren am IfR Köln bei der Fallarbeit Anwendung, und hat, wie wir an einigen Beispielen vorstellen wollen, in Fällen von sexuellem Missbrauch durch Nachweis von Vaginalsekret-Markern an den Fingern oder Händen von Beschuldigten sehr informative Ergebnisse erbracht. Basierend auf einem DNA/RNA Co-Extraktionsverfahren wird eine standardisierte STR-Typisierung mit der genomischen DNA und eine reverse Transkription mit der RNA durchgeführt. Nach einer anschließenden Endpoint-PCR mit fluoreszenzmarkierten Zell- / Gewebe-spezifischen Primern werden die Amplifikate kapillarelektrophoretisch aufgetrennt und detektiert [1][2]. Trotz dieser leistungsfähigen Erweiterung der Spurenanalysen gibt es jedoch Einschränkungen und Limitationen durch stochastische Effekte, unspezifische Transkriptionssignale und starke Unterschiede in der Expressionsstärke. Des Weiteren kann nur eine begrenzte Anzahl an Amplifikaten in der Kapillarelektrophorese analysiert werden, was eine Interpretation zusätzlich erschwert.

Ein innovatives Verfahren, um diese Nachteile zu beheben, bietet das Next Generation Sequencing (NGS). Hiermit ist es möglich, in einer einzigen Reaktion hunderte unterschiedlicher zellspezifischer Transkripte zu untersuchen, was eine genauere Interpretation der Ergebnisse ermöglicht. Zusätzlich können kodierende Einzelnukleotid-Polymorphismen (engl. cSNP) gezielt sequenziert werden, mit deren Hilfe ein Transkript einem Beschuldigten und/oder Geschädigten zugeordnet werden könnte. Daher arbeiten wir unter dem Namen „MixSeq&Match“ in Kooperation zwischen dem IfR Köln und dem Hessischen Landeskriminalamt (und mit Förderung durch den Internen Sicherheitsfond der EU, Az. IZ25-5793-2019-36) an einem Forschungsprojekt zur Etablierung eines großen NGS-Multiplex unter Einbeziehung von cSNPs auf der IonTorrent S5 Sequenzierplattform.

[1] Lindenbergh, A., de Pagter, M., Ramdayal, G., Visser, M., Zubakov, D., Kayser, M., & Sijen, T. (2012). A multiplex (m) RNA-profiling system for the forensic identification of body fluids and contact traces. *Forensic Science International. Genetics*, 6(5), 565–577. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2012.01.009>

[2] van den Berge, M., & Sijen, T. (2017). Extended specificity studies of mRNA assays used to infer human organ tissues and body fluids. *Electrophoresis*, 38(24), 3155–3160. <https://doi.org/10.1002/elps.201700241>

Abstracts

Freitag, 25.06.2021

13.00 - 13:30 Uhr

25 Jahre Fortschritt in der Kapillar-Gelelektrophorese – Ein Überblick über die technischen Entwicklungen von den Anfängen bis zur Gegenwart mit einem Ausblick

Gottfried Weichhold, Stephan Köhnemann, Daniel Kriegsmann, Thomas Simon, Heino Teifel und Anke Kruger

Thermo Fisher Scientific, Darmstadt

Vor gut 25 Jahren wurden die ersten Geräte für die Kapillar-Gelelektrophorese (Genetic Analyzers) eingeführt. Diese Geräteklasse zur DNA-Sequenzierung und Fragmentanalyse hatte einen maßgeblichen Anteil an der Analyse und Erforschung des Erbmateri als der verschiedensten Lebewesen bis hin zu dem des Menschen. Sie ist heute der Goldstandard für die Untersuchung genetischen Materials. Dem ersten Kapillar-Gerät, dem 310 Genetic Analyzer, hat man dieses Leistungspotential noch nicht angemerkt. Es hat eine Reihe von technischen, chemischen und applikativen Innovationen gebraucht, um das heutige Niveau zu erreichen. In diesem Vortrag werden Schlüssel-Innovationen in der Entwicklung der Genetic Analyzer herausgearbeitet und ihre Auswirkungen diskutiert. Zudem wird ein Ausblick in die Zukunft dieser Technik gewagt.

Abstracts

Freitag, 25.06.2021

13.30 - 14:00 Uhr

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. Auch ist die Analyse in der Abstammungsbegutachtung von großer Bedeutung.

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.

Abstracts

Freitag, 25.06.2021

14.00 - 14:30 Uhr

Von der Vaterschaft bis zur forensischen genetischen Genealogie - Verbesserte Verwandtschaftstestergebnisse mittels Next-Generation Sequencing

Pia Jores, Kathryn Stephens, Swathi A. Kumar, Gothami Padma-bandhu, Bobby LaRue, Keenan Fleming, Yonmee Han, Shan-Fu Wu, June Snedecor, Anthony Rensfeld und Nicola Oldroyd-Clark

VEROGEN

Autosomale und Y-STR-Marker, die auf Kapillarelektrophorese-Plattformen analysiert werden, sind weltweit die traditionelle Art der Verwandtschafts- und forensischen DNA-Analyse. Die schrittweise Erweiterung der internationalen Lokus-Sets hat zu Verbesserungen und einem leichteren Zugang zu einem breiteren Spektrum von Kernmarkern geführt. Es gibt jedoch noch viele Szenarien, in denen zusätzliche STR- und andere Markertypen einen Mehrwert für Beziehungsanalysen bringen und die Interpretation komplexer Stammbäume verbessern können.

Next-Generation-Sequencing-Methoden (NGS) bieten die Möglichkeit, mehrere Arten von Markern in einer einzigen Analyse zu kombinieren und bei Bedarf die Anzahl der analysierten Marker im Vergleich zu herkömmlichen Methoden um Größenordnungen zu erweitern. Allein die Option, autosomale Kern- und Y-STRs in einer einzigen Reaktion zu kombinieren, kann die Effizienz der Fallanalyse bei Männern erhöhen und die Y-STR-Analyse zugänglicher machen. Für komplexere Analysen verbessert das Hinzufügen identitätsinformativer SNPs zu einer erweiterten Kohorte von autosomalen, X- und Y-STRs die Wahrscheinlichkeitsverhältnis-Statistik. Dies reduziert die Anzahl nicht eindeutiger Ergebnisse in Szenarien mit Halbgeschwistern und Cousins 1. Grades erheblich und verbessert die Analyse von Mischproben, was z. B. für nicht-invasive Untersuchungen zur vorgeburtlichen Vaterschaft (NIPPT) relevant ist. Wenn die traditionelle Verwandtschaftsanalyse kein Ergebnis liefert, bietet die aufkommende Anwendung der forensisch-genetischen Genealogie einen neuen Weg, um weiter entfernte Beziehungen zu erkunden und Verwandtschaftsbeziehungen zu identifizieren, die zuvor unzugänglich waren.

Obwohl diese neueste Methode für die Lösung prominenter forensischer Fälle bekannt geworden ist, gibt es einen viel breiteren Nutzen für große SNP-Panels, die speziell für diese Anwendung für die Analyse vermisster Personen mit und ohne Unterstützung einer

genealogischen Datenbank entwickelt wurden. In dieser Präsentation werden Details zu vollständigen Arbeitsabläufen (DNA-to-Data) für ein Kontinuum von Verwandtschaftsanalysen zur Verbesserung statistischer und praktischer Ergebnisse vorgestellt, einschließlich Fallbeispielen, statistischen Ergebnisvergleichen und der Entwicklung neuer Algorithmen zur Unterstützung von Verwandtschaftsanalysen mit großer Reichweite.

Abstracts

Freitag, 25.06.2021

14.30 - 15:00 Uhr

Welche Anforderungen an die STR-Analytik erfüllt das neue Kapillarelektrophorese-Instrument Spectrum Compact?

B. Loffeld

Promega GmbH Walldorf

Mit dem Spectrum Compact CE System ist ein neues Kapillarelektrophorese (CE) - Instrument als echte Alternative erhältlich, welches sowohl für die Sequenzierung als auch für Fragmentlängenanalysen bei einem mittleren Probenaufkommen eingesetzt werden kann.

Es ist ein offenes Kapillarelektrophorese-System, das für STR-Systeme verschiedener Anbieter konzipiert wurde. Bevor ein neues Verfahren in einem DNA-Analyse-Labor eingesetzt werden kann, muss der Hersteller eine Validierung durchführen, um die Bedingungen und Grenzen einer neuen DNA-Methode zu bestimmen. Die Empfindlichkeit und Zuverlässigkeit des Spectrum Compact CE Systems wurde nach den Richtlinien des FBI-Qualitätssicherungsstandards für forensische DNA-Testlabore und den Validierungsrichtlinien der Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGDM) überprüft.

In den Studien wurden Präzision, Auflösung, Reproduzierbarkeit, Empfindlichkeit, Signalvariabilität, Farbstoffbilanz, Basislinienrauschen und Schwellenwertbewertung, spektrale Pull-ups und Artefaktanalyse, Kontaminationsbewertung, Mischproben und PCR-Produkte der direkten Amplifikation untersucht.

Abstracts

Freitag, 25.06.2021

15.30 - 16:00 Uhr

DGAB - Ringversuch Auswertung und Ergebnisse

Rolf Fimmers

Abstracts

Freitag, 25.06.2021

16.00 - 16:30 Uhr

„Abstammungsuntersuchung an fetalem Gewebe“

Prof. Dr. Rüdiger Lessig, Dr. Marina Nastainczyk-Wulf

Institut für Rechtsmedizin Halle (Saale)

Im Rahmen eines Spurenfalles wurden wir beauftragt eine Abstammungsuntersuchung an fetalem Gewebe durch zu führen. Das uns übersandte Ausschabungmaterial stellte uns jedoch vor eine Herausforderung.

Dieser Vortrag soll zeigen, wie wir in diesem Fall vorgegangen sind und welches fetale Material sich für Abstammungsuntersuchungen bei früher Schwangerschaftsabbrüchen eignet.

Abstracts

Freitag, 25.06.2021

16.30 - 17:00 Uhr

Nicht-invasive pränatale Abstammungsuntersuchung unter der Verwendung von SNPforID-Markern in der digitalen PCR*

Marion Eryilmaz, Gabi Rink, Katharina Kemp, Friedrike Walter, Harald Klüter, Peter Bugert

Hintergrund: Schwangerschaften in Folge eines kriminellen Deliktes werden häufig früh beendet ohne genaue Kenntnis der Vaterschaft. Aktuell wird die Vaterschaft erst nach der Geburt oder durch die Untersuchung des Fruchtwassers getestet, was i.d.R. mittels STR-Analyse erfolgt. Eine solche Untersuchung ist jedoch erst ab der 15. SSW möglich. Eine frühe eindeutige Aussage über die Vaterschaft ist bei der Entscheidung über Abtreibung oder Austragen des Kindes von großer Bedeutung. In diesem Projekt soll die Eignung der digitalen PCR (dPCR) für die nicht-invasive pränatale Abstammungsuntersuchung geprüft und entsprechende SNP-Assays entwickelt werden.

Methodik: Im Rahmen des Projekts wurden dPCR-Assays für 9 diallelische SNP-Marker aus dem SNPforID Panel entwickelt und hinsichtlich Sensitivität und Spezifität untersucht. Dazu wurde zellfreie DNA (cfDNA) aus Plasmaproben typisierter Probanden und aus Gemischen von Plasmaproben analysiert. Durch die Plasmagemische wird Plasma einer Schwangeren mit geringem Anteil fetaler cfDNA simuliert. Die Analyse erfolgte mit der Chip-basierten dPCR, die sich durch eine besonders hohe Sensitivität bei gleichzeitig ebenfalls sehr hoher Spezifität auszeichnen soll.

Ergebnisse: Für 8 der 9 SNP-Marker zeigte die absolute Quantifizierung der SNP-Allele eine hohe Spezifität mit niedrigem Anteil falsch positiver Signale (0 – 2 Target Copies/μL). Ein SNP-Assay war für den Nachweis eines der beiden Allele deutlich unspezifisch mit einem hohen Anteil falsch positiver Signale (24,6 Target Copies/μL). Im 1 % Plasmagemisch (0,5 % SNP-Allel) waren alle 9 SNP-Assays in der dPCR positiv und konnten das seltene Allel eindeutig nachweisen (3,5 – 112,7 Target Copies/μL). Die Mehrzahl der Assays ermöglichte einen zuverlässigen Allelnachweis auch in Plasmagemischen mit niedrigerem (0,25 % und 0,1 %) Anteil des jeweiligen SNP-Allels. In einer Pilotstudie wurden einige SNPs in Plasmaproben von Schwangeren in unterschiedlichen SSW untersucht. Es konnten eindeutige Ergebnisse hinsichtlich dem Vorliegen fetaler Merkmale erzielt werden.

Schlussfolgerung: Der Nachweis von SNP-Allelen aus cfDNA ist mittels Chip-basierter dPCR möglich. Das Verfahren ist sowohl sensitiv als auch spezifisch und ist damit insbesondere für den Nachweis von Allelen in sehr niedriger Kopienzahl geeignet. Gemäß diesem Proof-of-Principle lässt sich das Verfahren bei Schwangeren zum Nachweis fetaler Merkmale im Rahmen einer pränatalen Vaterschaftsuntersuchung bereits zu einem frühen Zeitpunkt der Schwangerschaft einsetzen.

*gefördert im Rahmen des DGAB Forschungswettbewerbs 2019

Aufnahmeantrag

in die Deutsche Gesellschaft für
Abstammungsbegutachtung

dgab

deutsche gesellschaft für
abstammungsbegutachtung

www.dgab.org

Dr. Anja E. Klann
Universitätsmedizin Greifswald
Institut für Rechtsmedizin
Kuhstraße 30
17489 Greifswald

Hiermit beantrage ich meine Aufnahme in die Deutsche Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung mit folgenden Angaben:

Titel, Name: _____

Vorname: _____

Institut: _____

Straße: _____

PLZ, Ort: _____

Tel./Fax: _____ / _____

email: _____

Homepage: _____

Ort, Datum: _____

Unterschrift: _____

Ich ermächtige die Gesellschaft, die fälligen Mitgliedsbeiträge jährlich von folgendem Konto einzuziehen:

IBAN/BIC: _____ / _____

Bank, Ort: _____

Ort, Datum: _____

Unterschrift: _____

bitte wenden

Die Aufnahme in die Gesellschaft erfolgt nach der gültigen Satzung durch Vorstandsbeschluss.

Ihr Antrag muss durch zwei ordentliche Mitglieder befürwortet werden, die dies entweder nachstehend erklären oder durch gesondertes Schreiben direkt dem Schriftführer oder dem Präsidenten mitteilen können.

1. Ich befürworte die Aufnahme der Antragstellerin/des Antragstellers in die Deutsche Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung:

Titel, Name: _____

Vorname: _____

Ort, Datum: _____

Unterschrift: _____

2. Ich befürworte die Aufnahme der Antragstellerin/des Antragstellers in die Deutsche Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung:

Titel, Name: _____

Vorname: _____

Ort, Datum: _____

Unterschrift: _____

Herzlichen Dank für Ihren Antrag. Über Ihre Aufnahme wird schnellstmöglich entschieden. Sie erhalten dann eine schriftliche Nachricht.

Deutsche Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung

Der Präsident
Prof. Dr. rer. nat. Peter Bugert
Institut für Transfusionsmedizin und Immunologie
DRK-Blutspendedienst - Hessen gGmbH
Friedrich-Ebert-Straße 107
68167 Mannheim

Schriftführerin (Kontakt für Angelegenheiten Ihrer Mitgliedschaft)

Dr. Anja E. Klann
Universitätsmedizin Greifswald
Institut für Rechtsmedizin
Kuhstraße 30
17489 Greifswald
anja.klann@uni-greifswald.de

www.dgab-online.de