

# 19. Jahrestagung

der Deutschen Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung

gemeinsam mit

der Deutschsprachigen Arbeitsgruppe  
der International Society of Forensic Genetics (ISFG)

13. – 15. Juni 2024

Hotel Rebstock zu Würzburg

**Tagungspräsident:**

*Prof. Dr. med. Michael Bohnert  
Vorstand, Institut für Rechtsmedizin  
der Julius-Maximilians-Universität Würzburg*

**Wissenschaftliche Leitung:**

*Dr. rer. medic. Daniel Zaumsegel  
Bereichsleiter, Forensische Molekularbiologie*

# Inhaltsverzeichnis

|   |   |    |
|---|---|----|
| ■ | Grußwort .....                              | 3  |
| ■ | Allgemeine Informationen .....              | 4  |
| ■ | Programmübersicht .....                     | 6  |
|   | Donnerstag, 13.06.2024 .....                | 6  |
|   | Freitag, 14.06.2024 .....                   | 8  |
|   | Samstag, 15.06.2024 .....                   | 10 |
| ■ | Kurzfassungen der Vorträge am Freitag ..... | 12 |
| ■ | Kurzfassungen der Vorträge am Samstag ..... | 23 |
| ■ | Eigene Notizen .....                        | 32 |

# Herzlich Willkommen in Würzburg

## **Liebe Kolleginnen und Kollegen,**

wir freuen uns, Sie als Teilnehmerinnen und Teilnehmer der heurigen Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung DGAB in Würzburg begrüßen zu dürfen. Tagungsort ist das Hotel Rebstock in der Neubaustraße im Herzen der Stadt. Der bewährte Ablauf der Tagung wird auch bei uns eingehalten: Die Workshops am 13.06. gehen der eigentlichen Tagung voraus. Das wissenschaftliche Programm am 14. und 15.06. bietet neben den Vorträgen reichlich Gelegenheit für fachliche Diskussionen und Austausch.

Für den Gesellschaftsabend dürfen wir Sie am 14.06.2024 auf das Weingut Fesel in Würzburg-Heidingsfeld einladen. Bei der Planung der Tagung haben wir zwar übersehen, dass an diesem Tag das Eröffnungsspiel der Fußballeuropameisterschaft zwischen Deutschland und Schottland stattfinden wird, das soll aber niemand von der Teilnahme abhalten: Wir werden ein Public Viewing am Festabend organisieren.

Wir freuen uns auf Ihren Besuch und die Teilnahme an der Tagung und wünschen uns allen eine erfolgreiche Tagung mit gutem fachlichem Austausch, spannenden Vorträgen, lehrreichen Workshops und freundschaftlichen Begegnungen!

Willkommen in Würzburg!

Michael Bohnert, Daniel Zaumsegel und das Team  
des Würzburger Instituts für Rechtsmedizin

# Allgemeine Informationen

## Veranstaltungsorte:

### Kongress

Hotel Rebstock zu Würzburg  
Neubaustraße 7  
97070 Würzburg

### Get-Together

Fränkischer Biergarten Goldene Gans  
Leonhard-Frank-Promenade, Burkarderstraße 2-4  
97082 Würzburg

Donnerstag, 13.06.2024, ab 18.00 Uhr (nach den Workshops)

### Gesellschaftsabend

Weingut Fesel  
Hinterer Kirchbergweg 6  
97084 Würzburg

Freitag, 14.06.2024, 19.00 Uhr

Das Ticket für den Gesellschaftsabend finden Sie in Ihrem Badge.  
Bitte bringen Sie Ihr Ticket mit.

## **Hinweise für Teilnehmer:**

### **Anmeldung / Registration**

Sie finden das Kongressbüro im Refektorium im Neubau Hof Engelgarten. Das Kongressbüro öffnet jeweils 30 Minuten vor Veranstaltungsbeginn.

## **Hinweise für Referenten:**

### **Rechner**

Für die Tagung werden Windows PCs verwendet. Die Rechner laufen mit dem Windows 10 Betriebssystem und Office Powerpoint.

### **Beamer**

Standard ist das Format 16 : 9.

### **Schriften**

Verwenden Sie bitte ausschließlich Standard Schriftarten (beispielsweise Arial), Ihre eigenen speziellen Schriften sind auf Computern oft nicht installiert und können deshalb nicht richtig dargestellt werden.

### **Vortragsannahme/Vortragsdauer**

Bringen Sie Ihren Vortrag auf einem gängigen Datenträger mit (USB-Stick) und geben Sie diesen rechtzeitig ab.

## **Sie haben Fragen?**

### **CAS Congress Administration Services GmbH**

Donnersbergring 18  
64295 Darmstadt

Tel.: 06151 / 10123 - 0, Fax: 06151 / 10123 - 10

Email: [Silvia.Becker@cas-kongresse.de](mailto:Silvia.Becker@cas-kongresse.de)

# Programm Donnerstag, 13.06.2024

## **09.00 – 17.00 Uhr**    **Workshop 1** **Grundlagen der Abstammungsbegutachtung**

Raum:                    Kolonat & Totnan (KOTO)

09.00 – 10.00 Uhr    Normativer Rahmen (*Martin*)

**10.00 – 10.30 Uhr**    **Kaffeepause**

10.30 – 12.30 Uhr    Familienrecht (*Witt*)

**12.30 – 13.30 Uhr**    **Mittagspause**

13.30 – 14.30 Uhr    Gutachtenerstellung (*Klann*)

14.30 – 15.30 Uhr    Labormethoden (*Uerlings*)

**15.30 – 16.00 Uhr**    **Kaffeepause**

16.00 – 17.00 Uhr    Neue Marker (*Immel*)

## **09.00 – 17.00 Uhr**    **Workshop 2** **Wissenschaftliches Arbeiten**

Raum:                    Kolonat & Totnan (KOTO)

09.00 – 10.00 Uhr    Wissenschaftszyklus (*Thiele*)

10.00 – 11.00 Uhr    Wissenschaftliches Schreiben (*Thiele*)

**11.00 – 11.30 Uhr**    **Kaffeepause**

11.30 – 12.30 Uhr    Literaturanalyse (*Thiele*)

**12.30 – 13.30 Uhr**    **Mittagspause**

13.30 – 15.00 Uhr    Wissenschaftliche Präsentation (*Senst*)

**15.00 – 15.30 Uhr**    **Kaffeepause**

15.30 – 17.00 Uhr    Journal Club (*Klann, Bugert*)

# Programm ONLINE AM 18.07.2024

|                                    |  |
|------------------------------------|--|
| <b>09.00 – 17.00 Uhr</b><br>online | <b>Workshop 3</b><br><b>Biostatistik</b> |
| 09.00 – 10.30 Uhr                  | Statistik Teil I ( <i>Fimmers</i> )      |
| <b>10.30 – 11.00 Uhr</b>           | <b>Kaffeepause</b>                       |
| 11.00 – 12.30 Uhr                  | Statistik Teil II ( <i>Fimmers</i> )     |
| <b>12.30 – 13.30 Uhr</b>           | <b>Mittagspause</b>                      |
| 13.30 – 15.00 Uhr                  | Statistik Teil III ( <i>Fimmers</i> )    |
| <b>15.00 – 15.30 Uhr</b>           | <b>Kaffeepause</b>                       |
| 15.30 – 17.00 Uhr                  | Statistik Teil IV ( <i>Fimmers</i> )     |

# Programm Freitag, 14.06.2024

- 09.00 Uhr**                    **Anmeldung / Registrierung**
- 09.45 – 10.15 Uhr**        **Kaffeepause**
- 10.15 – 10.30 Uhr**        **Begrüßung und Organisatorisches**  
*Prof. Bohnert, Dr. Zaumsegel*
- Raum:**                        **Kolonat & Totnan (KOTO)**
- 10.30 – 12.00 Uhr**        **Wissenschaftliches Programm Teil I**  
*Vorsitz: Daniel Zaumsegel und Julia Lichtenwald, Rechtsmedizin Würzburg*
- 10.30 – 11.00 Uhr        **Forschung und genetische Diagnostik bei seltenen Erkrankungen**  
*Eva Klopocki*
- 11.00 – 11.15 Uhr        **Anwendung der Nanoporen-Sequenzierung in der molekularen Blutgruppendiagnostik**  
*Peter Bugert*
- 11.15 – 11.30 Uhr        **Anwendung der Mikrohaplotyp-Sequenzierung in der Transplantationsmedizin**  
*Christian Lang*
- 11.30 – 11.45 Uhr        **ScienceFIGGtion – Neue Reichweiten mit ForenSeq® Kintelligence**  
*Pia Jores*
- 12.00 – 13.00 Uhr**        **Mittagspause**
- 13.00 – 14.30 Uhr**        **Wissenschaftliches Programm Teil II**  
*Vorsitz: Sonja Uerlings, Rechtsmedizin Bonn und Manuel Pfeifer, Rechtsmedizin Dresden*
- 13.00 – 13.15 Uhr        **Wunder oder nicht? Manchmal ist es nicht wie es zuerst scheint und auch danach noch nicht...**  
*Jana Naue*



# Programm Freitag, 14.06.2024

- 13.15 – 13.30 Uhr **Viel getan, aber doch nichts erreicht?  
Bericht über einen Defizienzfall**  
*Lea Wörner*
- 13.30 – 13.45 Uhr **Eine Mutter zu viel: Triploidie in einem Terzettenfall,  
ein Fallbeispiel**  
*Stefanie Jantos*
- 13.45 – 14.00 Uhr **Der XX-Mann: Ein ungewöhnlicher forensischer Fall**  
*Monique Zwar*
- 14.30 – 15.00 Uhr Kaffeepause**
- 15.00 – 16.00 Uhr Wissenschaftliches Programm Teil III**  
*Vorsitz:* *Anja Klann, Rechtsmedizin Greifswald und  
Lisa Dierig, Rechtsmedizin Ulm*
- 15.00 – 15.15 Uhr **Probenentnahme und Identitätsnachweis  
bei besonderen Abstammungsfällen**  
*Uta-Dorothee Immel*
- 15.15 – 15.30 Uhr **18E vs. ESX17 – Machen kürzere Systeme wirklich  
den Unterschied?**  
*Maximilian Neis*
- 15.30 – 15.45 Uhr **GeneMapper ID-X Software v1.7 – Ein großer Schritt  
nach Vorn**  
*Andrea Fischer*
- 15.45 – 16.00 Uhr **Ergebnisse der DGAB-Ringversuche 20233/2 und 2024/1**  
*Anja Klann*
- 16.15 – 17.15 Uhr DGAB Mitgliederversammlung**  
*Bugert, Immel, Klann, Uerlings*

# Programm Samstag, 15.06.2024

**Raum:** Kolonat & Totnan (KOTO)

**09.00 – 10.30 Uhr** **Wissenschaftliches Programm Teil IV**  
*Vorsitz:* Maximilian Neis, Rechtsmedizin Köln und  
Malte Bamberg, Rechtsmedizin Ulm

09.00 – 09.15 Uhr **Exhumierung Marinus van der Lubbe: molekulargenetische Diagnostik der Identität und Abstammung**  
*Jan Dreßler*

09.15 – 09.30 Uhr **Who is Who? der Heidelberger Anatomie – Interdisziplinäre Studie zur Identifizierung des Skeletts von Johannes Bückler alias Schinderhannes**  
*Sabine Lutz-Bonengel*

09.30 – 09.45 Uhr **Immer genau und zuverlässig? – Validierung von Verwandtschaftsberechnungen**  
*Robert Baumann*

09.45 – 10.00 Uhr **Es müssen nicht immer STRs sein: Verwandtschaftsuntersuchungen mit genomweiten SNP-Daten**  
*Burkhard Rolf*

**10.30 – 11.00 Uhr** **Kaffeepause**

# Programm Samstag, 15.06.2024

## **11.00 – 12.00 Uhr**    **Wissenschaftliches Programm Teil V**

*Vorsitz:*

*Marita Führer und Michael Templin*

11.00 – 11.15 Uhr    **Mehr als nur Blut, Sperma oder Speichel – Erstellung eines Workflows für die Identifizierung von Körperflüssigkeiten anhand von DNA - Methylierungsanalysen**

*Helen Konrad*

11.15 – 11.30 Uhr    **SYMT: Entwicklung und Validierung eines Multiplex Assays für die Detektion von autosomalen sowie Y-STRs, Einschätzung der Degradierung der mitochondrialen DNA und das Vorliegen von mitochondrialen C-Stretch Heteroplasmien**

*Lisa Dierig*

11.30 – 11.45 Uhr    **Gangster & Sons Inc. – Zur Einschätzung forensischer DNA-Befunde bei einer großen Zahl nah verwandter Tatverdächtiger; Ein Fallbericht aus Köln**

*Cornelius Courts*

11.45 – 12.00 Uhr    **auffällige GEDNAP-Resultate mit den neuen 8-Farb-PowerPlex-Systemen**

*Burkhard Loffeld*

**12.15 – 12.45 Uhr**    **Ausblick und Ende**

**12.45 – 13.45 Uhr**    **Abschieds-Imbiss**

Freitag, 14.06.2024

10.30 – 11.00 Uhr

## **Forschung und genetische Diagnostik bei seltenen Erkrankungen**

Eva Klopocki

Freitag, 14.06.2024

11.00 – 11.15 Uhr

## **Anwendung der Nanoporen-Sequenzierung in der molekularen Blutgruppendiagnostik**

P. Bugert<sup>1</sup>, C. Lang<sup>1</sup>, G. Rink<sup>1</sup>, H. Klüter<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut für Transfusionsmedizin und Immunologie, Universität Heidelberg,  
Medizinische Fakultät Mannheim,  
DRK-Blutspendedienst Baden-Württemberg – Hessen gGmbH, Mannheim

In der immunhämatologischen Diagnostik kommen molekulargenetische Analyseverfahren häufig zur weiteren Abklärung von auffälligen Antigeneigenschaften und Antikörper-spezifitäten zum Einsatz. Sowohl merkmalspezifische PCR-basierte Verfahren und gezielte Sanger-Sequenzierung einzelner Gene als auch die Hochdurchsatzsequenzierung aller Blutgruppengene (Panel-Sequenzierung) sind dabei gut etablierte Verfahren. Eine Zuordnung genetischer Merkmale zu den jeweiligen Haplotypen ist jedoch mit diesen Verfahren meist nicht möglich und erfolgt lediglich über den Abgleich mit Datenbanken und Alleltabellen.

Die sogenannte Long-Read Sequenzierung, also die Generierung mehrerer Kilobasen langer Sequenzinformationen von DNA-Einzelmolekülen, kann die Zuordnung von DNA-Merkmalen zu Haplotypen (Haplotype Phasing) ermöglichen. Mit der Nullmodus- Wellenleiter Sequenzierung (Pacific Biosciences, PacBio) und Nanoporen Sequenzierung (Oxford Nanopore Technologies, ONT) können solche langen Einzelmolekülsequenzen gewonnen werden. Aus unseren vorherigen Panel-Sequenzierungen wurden Fälle identifiziert, bei denen die Kenntnis der cis oder trans Konstellation genetischer Merkmale von diagnostischer Bedeutung ist. Die entsprechenden Blutgruppengene wurden aus genomischer DNA amplifiziert (Long-Range PCR) und mittels ONT-Sequenzierung analysiert. Im RH Blutgruppensystem konnte eine trans Konstellation zweier Merkmale im RHD Exon 1 und Exon 6 mit einem genomischen Abstand von über 30 kbp aufgeklärt werden. Ebenfalls trans Konstellation lag bei einem Fall aus dem Knops Blutgruppensystem vor. Hier wurden zwei Merkmale im CR1 Exon 21 und Exon 31 mit einem genomischen Abstand von über 33 kbp den Haplotypen zugeordnet. Diese Beispiele zeigen, dass die Kombination aus Long-Range PCR und ONT Sequenzierung geeignet ist, um bei speziellen Fragestellung der Blutgruppendiagnostik die jeweiligen Haplotypkonstellationen aufzuklären.

Freitag, 14.06.2024

11.15 – 11.30 Uhr

## Anwendung der Mikrohaplotyp-Sequenzierung in der Transplantationsmedizin

Christian Lang<sup>1,2</sup>, Peter Bugert<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut für Transfusionsmedizin und Immunologie Mannheim-Hessen,  
Mannheim, Heidelberg University, Medizinische Fakultät Mannheim,  
DRK Blutspendedienst Baden-Württemberg – Hessen GmbH

<sup>2</sup> inno-train Diagnostik GmbH, Kronberg

---

**Hintergrund:** Mikrohaplotypen finden bereits Anwendung in der Forensik, insbesondere bei der Abstammungsuntersuchung. In der Transplantationsmedizin ist die Chimerismusanalyse für das Post-Transplantat-Monitoring von großer diagnostischer Bedeutung. Hier kann die Sequenzierung von Mikrohaplotypen als neues Markersystem nach einer Organ- oder Stammzelltransplantation ebenfalls Anwendung finden. Für die Chimerismusanalyse wird eine quantitative Messung der Spender- und Empfängerleukozyten im Blut nach einer Stammzelltransplantation durchgeführt. Nach einer Organtransplantation könnte das transplantierte Organ engmaschig überwacht werden, sodass Zellschädigungen über zellfreie DNA (cfDNA) bis hin zu drohenden Abstoßungen sehr frühzeitig, d.h. schon bevor Einschränkungen mittels der aktuellen Standardmethoden (z.B. Detektion der Funktionalität, Ultraschalluntersuchungen) detektierbar sind, erkannt und medikamentös behandelt werden. Mittels Hochdurchsatzsequenzierung (Next Generation Sequencing, NGS) kann außerdem eine höhere Sensitivität von 0.01% und Spezifität im Vergleich zu den aktuell verfügbaren Methoden erreicht werden, was in einer früheren Detektion einer möglichen Abstoßung resultiert. Der Vorteil von Mikrohaplotypen besteht im hohen Polymorphiegrad. Dies erfordert die Analyse von deutlich weniger Loci im Vergleich zu einzelnen SNPs, so dass die Quantifizierung der Sequenzdaten vereinfacht wird. Die Mikrohaplotypen bestehen aus zwei bis vier SNPs, die mit einem maximalen Abstand von etwa 200 bp nebeneinander liegen. Solche Loci sind auf allen Chromosomen beschrieben.

**Ziel:** Die Verwendung von Mikrohaplotypen als neues Markersystem in der Transplantationsmedizin können mittels einer NGS-basierten Diagnostik mögliche Abstoßungsreaktionen nach einer Transplantation frühzeitig detektieren, bevor klinische Symptome auftreten. Dadurch kann der Transplantationserfolg und damit die Lebensqualität verbessert, die allgemeine Sterblichkeit gesenkt und das Langzeitüberleben weiter erhöht werden.

**Methoden:** Die für das Monitoring erforderliche Blutprobe (Liquid-Biopsie) wird minimal-invasiv gewonnen und ist somit für den Patienten nur eine geringe Belastung. Sie muss vor der eigentlichen Transplantation und auch in verschiedenen Intervallen nach der Transplantation abgenommen werden. Anschließend findet die Amplifikation der relevanten Loci in zwei Super-Multiplex-PCR Reaktionen mit einer bestimmten Anzahl an Mikrohaplotypen direkt aus Vollblut statt. Die erzeugten Sequenzierdaten sollen mittels einer dafür erarbeiteten Auswertesoftware analysiert werden. Der Daten-Output wird die Darstellung des Verhältnisses von Fremd-DNA vs. Eigen-DNA anzeigen und kann so für die Ermittlung des Chimärismusstatus herangezogen werden.

**Zusammenfassung/Schlussfolgerungen:** Die Mikrohaplotypen sollen dem Aufbau einer NGS-basierten Diagnostik für das Post-Transplantat-Monitoring nach einer Organ- oder Stammzelltransplantation dienen. Die Verwendung der Marker in der Transplantationsmedizin könnte das Monitoring von Patienten verbessern.

Freitag, 14.06.2024

11.30 – 11.45 Uhr

## **ScienceFIGGtion – Neue Reichweiten mit ForenSeq® Kintelligence**

Pia Jores, Desiree Waidmann, Ondrej Krsicka

QIAGEN GmbH, Hilden, Germany

---

Die forensisch-genetische investigative Genealogie ermöglicht die vielzitierte Suche nach der Nadel im Heuhaufen. Ziel der Stammbaum-Analyse kann die Identifizierung von unbekanntem Überresten oder auch von mutmaßlichen Tätern sein. Durch den Abgleich eines SNP-Profiles in einer dafür zugänglichen öffentlichen Datenbank, wie zum Beispiel GEDmatch, lassen sich nahe und weiterentfernte Verwandte der Zielperson aufspüren, mit deren Hilfe sich Stammbäume rekonstruieren lassen. Das ForenSeq® Kintelligence Kit wurde zu diesem Zweck entwickelt und bedient sich der gezielten, NGS-basierten Sequenzierung von 10.230 SNPs, welche explizit hierfür ausgewählt wurden und dabei aber medizinisch-relevante Informationen ausschließen. Was für manche wie graue Theorie klingt, hat sich inzwischen in vielen (Alt)Fällen als bahnbrechende Methode erwiesen und zahlreiche Identifizierungen vorgebracht. Wir beleuchten die Grundlagen und zeigen anhand einer Mock-Studie und einem echten Kriminalfall, wie FIGG mit Hilfe von ForenSeq® Kintelligence funktioniert und wie groß die Reichweite in der Praxis tatsächlich sein kann.

Reisen Sie mit uns durch das Universum der Stammbäume und Verwandtschaften.



Freitag, 14.06.2024

13.00 – 13.15 Uhr

## **Wunder oder nicht?**

### **Manchmal ist es nicht wie es zuerst scheint und auch danach noch nicht...**

Jana Naue<sup>1</sup>, Vienna Kowallik<sup>2</sup>, Birgit Bayer<sup>3</sup>, Oliver Peschel<sup>3</sup>, Katja Anslinger<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Freiburg,  
Medizinische Fakultät, Albert-Ludwigs-Universität Freiburg

<sup>2</sup> Institut für Forstentomologie und Waldschutz,  
Albert-Ludwigs-Universität Freiburg

<sup>3</sup> Institut für Rechtsmedizin, LMU, München

---

Die Arbeit in der forensischen Molekularbiologie bietet ein sehr weit reichendes Spektrum an zu untersuchenden Spurenmaterialien. Häufig erfolgen zuerst Vor-tests, um eine mögliche Eingrenzung potenziell (human-)biologischer Spuren zu ermöglichen. Hierbei kommen z. B. Blutvortests, wie der Combur oder Hämastix Test, zur Anwendung.

Im Rahmen einer Untersuchung wurde bei einer rot-braunen Antragung ein positiver Blutvortest durchgeführt, während der humanspezifische SERATEC HemDirect Test Nachweistest negativ ausfiel. Aufgrund dieses Ergebnisses wurde ein Speziesnachweis durchgeführt, da durch das Ergebnis und die Fallkonstellation von Tierblut ausgegangen werden konnte. Die Untersuchungen enthüllten jedoch ein zunächst nicht erwartetes Ergebnis und nach weiteren Recherchen und Untersuchungen wiederum andere „Übeltäter“.

Im Rahmen der Präsentation soll dieser eher ungewöhnliche Fall, sowie die Ursache und Analyse zur Identifizierung des eigentlichen „Spurenverursachers“ vorgestellt werden.

Freitag, 14.06.2024

13.15 – 13.30 Uhr

## **Viel getan, aber doch nichts erreicht? Bericht über einen Defizienzfall**

L. Wörner<sup>1</sup>, R. Fimmers<sup>2</sup>, T. Germerott<sup>1</sup>, U.-D. Immel<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Rechtsmedizin Mainz

<sup>2</sup>Institut für Forensische Statistik und Qualitätssicherung GbR

---

Vorgelegt wird ein Fall aus dem Jahr 2023. Im Rahmen der Identifizierung eines unbekanntes Toten wurde eine Abstammungsuntersuchung, in der die Verwandtschaft zu einem möglichen Cousin mütterlicherseits untersucht wurde, durchgeführt. In diesem Kontext soll der Einfluss von Kopplungsereignissen bei einem entsprechenden Umfang analysierter STR-Systeme auf die Aussagekraft der biostatistischen Berechnungen beleuchtet und diskutiert werden.

---

Freitag, 14.06.2024

13.30 – 13.45 Uhr

## **Eine Mutter zu viel: Triploidie in einem Terzettenfall“, ein Fallbeispiel**

Stefanie Jantos

Freitag, 14.06.2024

13.45 – 14.00 Uhr

## **Der XX-Mann: Ein ungewöhnlicher forensischer Fall**

Zwar M.<sup>1</sup>, Warlich M.<sup>1</sup>, Bauer I.<sup>2</sup>, Büttner A.<sup>1</sup>, Lindner I.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universitätsmedizin Rostock, Institut für Rechtsmedizin, Rostock, Deutschland

<sup>2</sup> Universitätsmedizin Rostock, Institut für Medizinische Genetik, Rostock, Deutschland

---

In einem Diebstahlsdelikt ermittelt die Polizei einen phänotypisch männlichen Tatverdächtigen. Erstaunlicherweise zeigt die DNA-Analyse jedoch einen weiblichen XX-Befund im Amelogeninsystem. Weitere STR-Analysen bestätigen dieses ungewöhnliche Resultat. Die Polizei vermutet eine vermeintliche Geschlechtsumwandlung oder eine Stammzelltransplantation und bittet um Mithilfe und Klärung des Falls.

Durch weiterführende molekulargenetische Untersuchungen (X/Y-STR-Analysen, Karyogramm, FISH) an verschiedenen Probenmaterialien (Blut, Haare, Haut, Mundschleimhautzellen) wird schließlich ein außergewöhnliches genetisches Mosaik enthüllt: ein Mann mit einem 46, XX-Karyotyp und einem interstitiell deletierten Y-Chromosom.

Dieser Fall entpuppt sich als ein klassisches Beispiel des seltenen De la Chapelle-Syndroms, bei dem das SRY-Gen, verantwortlich für die männliche Entwicklung, auf eines der X-Chromosomen transloziert wurde. Ein spannendes Rätsel der forensischen Genetik, dass die Grenzen unseres Verständnisses von Geschlechtsbestimmung und genetischen Anomalien herausfordert.

Freitag, 14.06.2024

15.00 – 15.15 Uhr

## **Probenentnahme und Identitätsnachweis bei besonderen Abstammungsfällen**

U.-D. Immel, L. Wörner, T. Germerott

Institut für Rechtsmedizin Mainz

---

Vorgestellt werden zwei Fälle, bei denen im Rahmen von Abstammungsuntersuchungen Probenentnahmen an Verstorbenen durchgeführt wurden. Neben den gerichtlich veranlassten Gutachten, bei denen es um die juristische Feststellung oder auch den Ausschluss einer Vaterschaft geht, sind immer häufiger auch Privatpersonen Auftraggeber für ein Abstammungsgutachten.

Damit ein privat beauftragtes Gutachten in einem eventuellen Rechtsstreit vor Gericht anerkannt wird, ist eine besondere Sorgfalt bei der Dokumentation aller in dem Zusammenhang der Untersuchung stehenden Vorgänge nötig. Die genauen Abläufe zur Feststellung der Identität aller Personen, die an der Untersuchung beteiligt wird, sowie die Dokumentation der Identitätssicherung der Verstorbenen werden vorgestellt.

Anhand von zwei Probenentnahmen und Identitätssicherungen für privat beauftragte Abstammungsuntersuchungen im Zusammenhang von Verstorbenen möchten wir von unseren Erfahrungen berichten.

Freitag, 14.06.2024

15.15 – 15.30 Uhr

## **PowerPlex® 18E vs. ESX17 Fast – Machen kürzere Systeme den Unterschied?**

Maximilian Neis

Institut für Rechtsmedizin, Universität zu Köln

---

Mit der Möglichkeit, 8 Farben auf dem Spectrum CE und nun auch Spectrum CE Compact zu detektieren, hat Promega mit dem PowerPlex® 18E nun ihr zweites 8-Farb STR Kit auf den Markt gebracht. Aufgrund der kurzen Systeme verspricht es besonders gute Ergebnisse bei der forensischen Spurenanalyse von degradierten Proben. Im Rahmen des Validierungsprozesses haben wir deshalb unter standardisierten Versuchsabläufen zusätzlich die Performance vom 18E gegen seinen älteren und nicht ganz so farbenfrohen Bruder ESX17 Fast getestet, um herauszufinden, ob der 18E hält, was er verspricht. Für diesen Vergleich dienten neben artifiziell degradierten Proben aus Wangenschleimhautabstrichen unter anderem auch Fallproben von exhumierten Knochen, Zähnen und Hautschuppen. Die Ergebnisse zeigten, dass selbst unter Berücksichtigung von möglichen stochastischen Effekten durchschnittlich mehr Allele mit dem PowerPlex® 18E nachgewiesen werden konnten, als dies mit dem ESX17 Fast der Fall war, und somit bei der Fallarbeit wertvolle Zusatzinformationen gewonnen werden können.

Freitag, 14.06.2024

15.30 – 15.45 Uhr

## **GeneMapper ID-X Software v1.7 – Ein großer Schritt nach Vorn**

Andrea Fischer, Stephan Köhnemann, Daniel Kriegsmann, Anke Kruger,  
Thomas Simon und Gottfried Weichhold

(alle Thermo Fisher Scientific, Darmstadt)

---

Die Applied Biosystems™ GeneMapper™ ID-X Software ist die führende halb-automatisierte Genotypisierungssoftware für die forensische Fallarbeit, Datenbank-Analyse und Vaterschaftstests. Die Software basiert auf einer Datenbank-Installation, in welcher Ergebnisse und Einstellungen gespeichert werden, und auf die Anwender-Computer mit einer Client-Software zur gemeinsamen Nutzung von Daten und Einstellungen zugreifen können. Die Software gilt als Expertensystem. Sie ist vom Nationalen DNA-Index-System (NDIS) für Straftäterproben und Referenzproben zugelassen.

Diese Präsentation beschreibt die wichtigsten neuen Funktionen der Version 1.7:

- gleichzeitige Unterstützung mehrerer Projekte und Sample Plots
  - Verbesserungen der Nutzeroberfläche und der Benutzerfreundlichkeit, z.B. beim Drucken, Notiz-Funktion in der Profil-Ansicht und vieles mehr
  - Vorteile der neuen PostgreSQL-Datenbank
  - Vorstellung des neuen automatisierten und individualisierbaren Backup-Tools
  - Unterstützung aller Applied Biosystems™ CE-Instrumente, einschließlich SeqStudio™ Flex Series Genetic Analyzer und zukünftige RapidHIT™ ID-Systeme.
  - Unterstützung von Windows 10 und 11.
- 

Freitag, 14.06.2024

15.45 – 16.00 Uhr

## **Ergebnisse der DGAB-Ringversuche 20233/2 und 2024/1**

Anja Klann

Samstag, 15.06.2024

09.00 – 09.15 Uhr

**Exhumierung Marinus van der Lubbe:  
molekulargenetische Diagnostik der Identität und Abstammung**

Kohl M, Dreßler J, Höfert L, Becker S, Baumann S, Edelmann J, Babian C

Institut für Rechtsmedizin der Medizinischen Fakultät der Universität Leipzig

---

Marinus van der Lubbe wurde beschuldigt, am 27. Februar 1933, den Reichstagsbrand in Berlin gelegt zu haben. Im gleichen Jahr verurteilte ihn der 4. Strafsenat des Reichsgerichtes in Leipzig wegen Brandstiftung und Hochverrat zum Tode. Das Urteil wurde am 10. Januar 1934 in Leipzig mit dem Fallbeil vollstreckt. Danach sei die Leiche über das Institut für Anatomie der Universität Leipzig in einem Eichenbrettersarg auf dem Südfriedhof anonym beigesetzt worden. Im Auftrag der „Paul-Benndorf-Gesellschaft zu Leipzig e.V.“ wurde 2023 das Institut für Rechtsmedizin beauftragt, die Identität und Todesursache des Verstorbenen der betreffenden Grabstätte zu prüfen und Untersuchungen zur möglichen toxi-kologischen Beeinflussung durchzuführen.

Es werden die Ergebnisse der Exhumierung vorgestellt. Für die Identifizierungsuntersuchung stand als Material des Verstorbenen ein Zahn und zum Vergleich ein Mundschleimhautabstrich eines Großneffen von Marinus van der Lubbe zur Verfügung. Gemäß den Angaben der Hinterbliebenen war eine Verwandtschaft in männlicher Linie anzunehmen, welche über eine Untersuchung Y-chromosomaler Merkmalsysteme (PowerPlex Y23, Pormega) bestätigt werden konnte. Unter Berücksichtigung der für den Verstorbenen auswertbaren 21 Y-STR-Systeme erfolgte eine Kinship-Analyse mithilfe der YHRD-Homepage.

Samstag, 15.06.2024

09.15 – 09.30 Uhr

## **Who is Who? der Heidelberger Anatomie – Interdisziplinäre Studie zur Identifizierung des Skeletts von Johannes Bückler alias Schinderhannes**

Sabine Lutz-Bonengel<sup>1</sup>, Amelie Alterauge<sup>2</sup>, Sarah Heinze<sup>3</sup>, Ralf Jahn<sup>4</sup>,  
Christine Lehn<sup>5</sup>, Stefan Hölzl<sup>6</sup>, Timo Sängler<sup>1</sup>, Christina Amory<sup>7</sup>, Sara Doll<sup>8</sup>,  
Walther Parson<sup>7,9</sup>

<sup>1</sup> Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Freiburg, Deutschland

<sup>2</sup> Amt für Denkmalpflege und Archäologie, Kantonsarchäologie Schaffhausen,  
Schweiz

<sup>3</sup> Diagnostik- & Forschungsinstitut für Gerichtliche Medizin,  
Medizinische Universität Graz, Österreich

<sup>4</sup> Privatgelehrter, Geldern, Deutschland

<sup>5</sup> Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum München, Deutschland

<sup>6</sup> Staatliche Naturwissenschaftliche Sammlungen Bayerns, Ries Krater Museum,  
Nördlingen, Deutschland

<sup>7</sup> Institut für Gerichtliche Medizin, Medizinische Universität Innsbruck, Österreich

<sup>8</sup> Institut für Anatomie und Zellbiologie, Medizinische Fakultät Heidelberg,  
Deutschland

<sup>9</sup> Forensic Science Program, The Pennsylvania State University, University Park,  
PA, USA

---

In der Anatomischen Sammlung der Universität Heidelberg befinden sich seit über 200 Jahren zwei Skelette, die als Überreste zweier im frühen 19. Jahrhundert hingerichteter Verbrecher – Johannes Bückler (alias Schinderhannes) und Christian Reinhard (alias Schwarzer Jonas) - galten. Bei der Durchsicht der historischen Sammlung kam der Verdacht auf, dass die zugewiesenen Namen nicht korrekt sein könnten. Dies war der Auslöser für Untersuchungen zur Klärung der Identität der Skelette in einem interdisziplinären Projekt.



Das Projekt umfasst

- Analyse und Bewertung der medizingeschichtlich-relevanten Dokumentationen zur Klärung aller Verwechslungsmöglichkeiten
- radiologische und anthropologische Analysen zur Feststellung von Geschlecht, Größe und Alter,
- Stabilisotopen-Analysen zur Bewertung der möglichen geografischen Herkunft und Aufenthaltsorte, der Lebensweise und des Ernährungszustands der Individuen, und
- genealogische und molekulargenetische Studien zur Klärung der Identität und der Zugehörigkeit der Schädel zu den jeweiligen postkranialen Skeletten.
- Über die Ergebnisse der jeweiligen Analysen wird berichtet.

Samstag, 15.06.2024

09.30 – 09.45 Uhr

## **Immer genau und zuverlässig?**

### **Validierung von Verwandtschaftsberechnungen**

Robert Baumann

qualitytype GmbH, Dresden

---

Die Validierung von Verwandtschaftsberechnungen, den zugrundeliegenden Algorithmen und deren Implementierung, ist in Software für Abstammungsbegutachtung von entscheidender Bedeutung, um genaue und zuverlässige Ergebnisse sicherzustellen. Dieser Vortrag wirft einen detaillierten Blick auf die spezifischen Herausforderungen und Ansätze zur Validierung der Verwandtschaftsberechnungen am Beispiel der GenoProof® Suite. Wir stellen den erweiterten Elston-Stewart-Algorithmus vor, der den Berechnungen zugrunde liegt, und beleuchten die wichtigsten Aspekte für die Zusammenstellung der konkreten Testfälle für die Validierung.

Samstag, 15.06.2024

09.45 – 10.00 Uhr

**Es müssen nicht immer STRs sein:**

**Verwandtschaftsuntersuchungen mit genomweiten SNP-Daten.**

Margherita Colucci<sup>1\*</sup>, Jon H. Wetton<sup>1</sup>, Burkhard Rolf<sup>2</sup>, Nuala Sheehan<sup>3</sup>,  
Mark A. Jobling<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Department of Genetics & Genome Biology, University of Leicester,  
University Road, Leicester UK

<sup>2</sup> Eurofins Medigenomix Forensik GmbH, Ebersberg, Germany

<sup>3</sup> Department of Population Health Sciences, University of Leicester,  
University Road, Leicester UK

\*Current address: Max Planck Institute of Geoanthropology, Jena, Germany

---

Verwandtschaften ersten Grades lassen sich mit STR Markern gut bestätigen oder ausschließen. Bei weiter entfernten Verwandtschaften kann eine Erhöhung der Markeranzahl zum Erfolg führen. Je nach Stammbaum und Allelverteilung ergeben sich aber auch mal uneindeutige Wahrscheinlichkeiten. Eine Lösung für diese Fälle können genomweite SNP Daten sein, die man z.B. mit sog. SNP-Chips von Illumina oder Affimetrix ermitteln kann.

Wir haben diese Marker an einer Reihe von großen Stammbäumen mit höhergradigen Verwandtschaften untersucht und ausgewertet. Die Ergebnisse werden vorgestellt und die Möglichkeiten und Grenzen dieses Verfahrens bewertet.

Samstag, 15.06.2024

11.00 – 11.15 Uhr

## **Mehr als nur Blut, Sperma oder Speichel – Erstellung eines Workflows für die Identifizierung von Körperflüssigkeiten anhand von DNA-Methylierungsanalysen**

Helen Konrad und Micaela Poetsch

Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Essen

---

In der forensisch-genetischen Routine werden zusätzliche Informationen zu einer Spur, die über die Identifizierung von Personen oder die Bestimmung von Verwandtschaftsverhältnissen mittels STR-Analyse hinausgehen, immer wichtiger. Neben der Beurteilung von Szenarien, wie die DNA an den Tatort gekommen sein kann, kann die Bestimmung der Zellherkunft oder des ursprünglichen Sekrets für die an einem Tatort gefundene DNA von hoher Relevanz für die Rekonstruktion von Straftaten und die Verifizierung von Tatortberichten sein.

Im Institut für Rechtsmedizin Essen wurde ein Workflow entwickelt, der anhand von Methylierungsanalysen spezifischer CpG-Stellen sieben verschiedene Körperflüssigkeiten und deren Mischungen identifiziert und voneinander differenziert. Dabei ist insbesondere der Nachweis von Vaginalsekret oder Menstruationsblut eine relativ häufig nachgefragte Analyse.

Samstag, 15.06.2024

11.15 – 11.30 Uhr

## **SYMT: Entwicklung und Validierung eines Multiplex Assays für die Detektion von autosomalen sowie Y-STRs, Einschätzung der Degradierung der mitochondrialen DNA und das Vorliegen von mitochondrialen C-Stretch Heteroplasmien**

Lisa Dierig<sup>1</sup>, Arthur Brommer<sup>2</sup>, Rachel Klein-Unseld<sup>1</sup>, Sebastian N. Kunz<sup>1</sup>, Peter Wiegand<sup>1</sup>

<sup>1</sup>University Ulm, Institute of Legal Medicine, Albert-Einstein-Allee 23, 89081 Ulm

<sup>2</sup>Ludwig-Maximilians University Munich, Geschwister-Scholl-Platz 1, 80539 München

Die herkömmliche Wahl der Methode in der forensischen Spurentypisierung ist die Detektion von autosomalen oder gonosomalen short tandem repeats (STRs). Bei zunehmender Degradation neigen diese Merkmalssysteme jedoch zu unzureichenden Profilen bis hin zu komplettem Ausfall. Daher stellt die Sequenzierung der mitochondrialen DNA (mtDNA) in Fällen von schwierigem Probenmaterial wie telogenen Haarwurzeln und -schäften oder Knochen eine vielversprechende Alternative dar. Die vorangestellte DNA Quantifizierung sowohl der nukleären als auch der mtDNA ist ein trivialer Schritt in der Spurenanalyse, wobei kommerziell erhältliche Kits lediglich für nukleäre DNA erhältlich sind. Die Bestimmung des mtDNA Gehaltes wird üblicherweise mit laborintern entwickelten Methoden bestimmt, die teilweise sogar eine Einschätzung der Degradation über das Verhältnis eines kurzen zu einem langen PCR-Fragment zulassen. Da vielerorts die Sequenzierung nach Sanger noch den Goldstandard in der mtDNA Analyse darstellt, ist ein Hinweis auf Längenheteroplasmien in homopolymeren C-Stretchen eine vorteilhafte Erkenntnis. Zum Einen können so alternative Primer, die direkt an den C-Stretch anschließend binden, bereits zu Anfang in die Analyse miteingebunden werden, zum Anderen wird die Bestimmung der dominanten Variante erleichtert. Die genannten quantitativen (über qPCR) sowie die qualitative (mittels PCR gefolgt von kapillarelektrophoretischer Auftrennung, PCR-CE) Analyse erfordern jedoch jeweils eine separate Reaktion und somit einen erhöhten DNA- Extrakt Verbrauch. Der hier vorgestellte Assay kombiniert diese Analysen in einer einzelnen PCR-CE Reaktion. Über die Amplifikation von repräsentativen autosomalen und Y-chromosomalen Markern kann der Erfolg einer kommerziellen STR Analyse abgeschätzt werden. Zeitgleich können Längenheteroplasmien von fünf häufig beobachteten Positionen detektiert werden. Drei, sich in der Länge unterscheidende, Amplikons aus konservativen Regionen der mtDNA geben weiterhin eine Einschätzung des Degradationszustand der mtDNA. Anhand der vorhandenen Peaks beziehungsweise deren gemittelten Höhe und Verhältnis zueinander kann somit die passende Sequenzierstrategie ausgewählt werden.

Samstag, 15.06.2024

11.30 – 11.45 Uhr

## **Gangster & Sons Inc. – Zur Einschätzung forensischer DNA-Befunde bei einer großen Zahl nah verwandter Tatverdächtiger; Ein Fallbericht aus Köln**

Cornelius Courts<sup>1</sup>, Maximilian Neis<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Köln

---

In einem Fall von Steuerhinterziehung wurden DNA-Profile von verschiedenen Asservaten erstellt. Zudem sollten die Merkmalsmuster von insgesamt 11 Tatverdächtigen erstellt und mit den Asservatprofilen abgeglichen werden. 10 der Tatverdächtigen standen jedoch in engen Abstammungsverhältnissen zueinander. Dies führte dazu, daß für verschiedene Asservatprofile jeweils mehr Tatverdächtige als Mitverursacher nicht ausgeschlossen werden konnten, als anhand des Profils als Mitverursacher überhaupt in Frage kamen. Aufgrund der sich ergebenden kombinatorischen Vielfalt möglicher Ergebniskonstellationen wäre das Problem mit dem hier eingesetzten semikontinuierlich-probabilistischen Rechenmodell nur mit extremem Aufwand zu lösen gewesen.

Stattdessen wurde das EuroForMix-Modul „EFMex“ eingesetzt, welches die Berechnung von LR in komplexen gestaffelten Haupt- und Subhypothesenkonstellationen gestattet. So konnte schließlich zu einer brauchbaren Einschätzung des Befundbilds gelangt werden.

Samstag, 15.06.2024

11.45 – 12.00 Uhr

## **PowerPlex® 18E – Ein europäisches Mini-STR-System**

Burkhard Loffeld

Promega GmbH Walldorf

---

Das PowerPlex® 18E System repräsentiert die neueste Generation der STR-Analyse (Short Tandem Repeat) mittels Kapillarelektrophorese (CE). Dieses System nutzt eine 8-Farben-Technologie und wurde speziell für die Anwendung auf den Spectrum und Spectrum Compact CE Systemen entwickelt. Es umfasst alle von der ENFSI (European Network of Forensic Science Institutes) empfohlenen Loci sowie die Loci Amelogenin und DYS391 zur Geschlechtsbestimmung. Dies macht es besonders geeignet für den Einsatz in europäischen forensischen Laboren, die das sog. ESS-Panel für die nationale Datenbank nutzen.

Das System ist mit einer Vielzahl von Proben typen kompatibel, darunter forensische, Vaterschafts- und Forschungsproben. Es unterstützt direkte Amplifikation und Halbvolumenreaktionen und liefert hochwertige DNA-Analysen in etwa 70 Minuten.

Der optimierte Reaktionspuffer und die Verwendung kleinerer Amplicons (max. 325 bp) ermöglichen eine verbesserte Leistung insbesondere bei degradierten und inhibierten Proben im Vergleich zu herkömmlichen 5- und 6-Farben STR-Multiplex-Systemen.

Erste Eindrücke des neuen STR-Systems werden anhand von DNA-Profilen des letztjährigen GEDNAP-Ringversuches vermittelt.

# Eigene Notizen

A series of 20 horizontal dotted lines for taking notes.