



28. Spurenworkshop der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin



Interfakultärer Fachbereich
- Gerichtsmedizin -
der Universität Salzburg

in Verbindung mit der
Spurenkommission der DGRM

15./16. Februar 2008

Veranstaltungsort:
Universität Salzburg
Große Aula

Willkommen in Salzburg

Zum 28. Spurenworkshop der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin begrüßen wir Sie hier in Salzburg sehr herzlich.

Die Vorträge versprechen wissenschaftlich Interessantes und Anregendes für die praktische Laborarbeit.

Der gemeinsame Abend im großen Festsaal des Stieglkellers bietet viel Platz und Zeit für ausgiebige Diskussionen. Da in Salzburg fast alles gut zu Fuß zu erreichen ist wird eine Promillegrenze den abendlichen Genuss nicht einschränken.

Einen schönen Aufenthalt in Salzburg wünschen

Edith Tutsch-Bauer
Franz Neuhuber

Universität Salzburg
Interfakultärer Fachbereich Gerichtsmedizin
Ignaz-Harrer-Straße 79
A-5020 Salzburg
Telefon +43(0)662-8044-3800
ingrid.landerer@sbg.ac.at

Wissenschaftliches Programm

Freitag, 15.02.2008

Zeit	Vortrag
13.00	<p>Grußworte:</p> <p>Univ.-Prof. Dr. Edith Tutsch-Bauer Leiterin des IFFB Gerichtsmedizin der Universität Salzburg</p> <p>Univ.-Prof. Dr. Heinrich Schmidinger Rektor der Universität Salzburg</p> <p>Mag. Gabriele Burgstaller Landeshauptfrau des Bundeslandes Salzburg</p> <p>Dr. Rudolf Keplinger Leiter des Landeskriminalamts Oberösterreich</p> <p>Univ.-Prof. Dr. Bernd Brinkmann Vorsitzender der Spurenkommission der DGRM</p>
13.30 – 13.45	<p>Sicherung und Auswertung von latenten DNA-Spuren im Bereich der Eigentumskriminalität - Ein Feldversuch in Frankfurt am Main E. Reuss, S. Kaufenstein, R. Zehner, H. Schneider</p>
13.45 – 14.00	<p>Optimierung von Abrieben für die forensische Spurenkunde M. Müller, C. Hohoff, B. Brinkmann</p>
14.00 – 14.15	<p>Validierung von automatisierten DNA-Extraktionsprotokollen unter Verwendung von standardisierten "Abriebspuren" G. Förster, P.M. Schneider, M.A. Rothschild</p>
14.15 – 14.30	<p>Erfahrungen mit der Verwendung von Klebefolien zur Sicherung von Kontakts Spuren M. Radacher, R. Schwarz, G. Höckner, J. Kiesslich, W. Grabner, B. Dunkelmann, F. Neuhuber, E. Tutsch-Bauer</p>
14.30 – 14.45	<p>Spermienisolierung aus Mischspuren mittels <i>Magnetic Activated Cell Sorting</i> M. Heinrich, A. Raffauf, U. Schmidt, S. Lutz-Bonengel, S. Pollak</p>
14.45 – 15.00	<p>Differenzierung von Epithelzellen in Spurenmaterial durch Typisierung der Intermediärfilamente M.M. Schulz, M.G.D. Buschner, R. Leidig, F. Wehner, P. Fritz, K. Häbig, M. Bonin, M. Schütz, H.D. Wehner</p>
15.00 – 15.30	<p>Kaffeepause</p>
15.30 – 15.45	<p>Geographisch hoch auflösende Untersuchung der Y-STR Variabilität im Alpenraum B. Berger, D. Erhart, H. Niederstätter, C. Gassner, H. Schennach, W. Parson</p>

Wissenschaftliches Programm

Freitag, 15.02.2008

Zeit	Vortrag
15.45 – 16.00	Analyse mitochondrialer Längenheteroplasmie bei eineiigen und mehrreigen Geschwistern S. Lutz-Bonengel, T. Sänger, M. Heinrich, P. Schneider, U. Schmidt, S. Pollak
16.00 – 16.15	A rapid mtDNA multiplex assay of 22 SNPs increases the discriminatory power S. Köhnemann, U. Sibbing, H. Pfeiffer, B. Brinkmann, C. Hohoff
16.15 – 16.30	Post-PCR treatment of artificial and routine low level DNA casework samples as a possible alternative to 34 cycle LCN DNA profiling C. Proff, F. Schubert, L. Forster, J. Thomson
16.30 – 18.00	Ergebnisse der Spurenringversuche GEDNAP 34 und 35 C. Hohoff
19.00	<i>Gemeinsamer Abend im Stieglkeller (Einlass ab 18.30)</i>

Wissenschaftliches Programm

Samstag, 16.02.2008

Zeit	Vortrag
09.30 – 09.45	Whole Genome Amplification (WGA) von Haarschaft-mtDNA: Ergebnisse mit dem GenomiPhi-DNA-Amplifikations-Kit (GE Healthcare) R. Szibor, D. Krause, I. Plate, J. Edelmann, E. Kirches.
09.45 – 10.00	Ultraschall zur Entfernung von Oberflächenkontaminationen bei kleinsten Probenstücken - Untersuchungen in einem möglichen Fall von Kindstötung R. Renneberg, P. Pieper, S. Hummel
10.00 – 10.15	Von der Knochenarbeit T. Rothämel, R. Henkel, J. Eidam, H.-D. Tröger
10.15 – 10.30	Schnelle und zuverlässige Methode für die Erstellung von DNA-Profilen aus Knochen zu Identifikationszwecken U. Borer, N. Malik
10.30 – 10.45	STR-Analytik – The next generation F. Pitterl, H. Oberacher, G. Huber, H. Niederstätter, W. Parson
10.45 – 11.15	<i>Kaffeepause</i>
11.15 – 11.30	Sperm HY-LITER: zur Darstellung human spezifischer Spermien bei sexuellen Gewaltverbrechen B. Siebertz, J. Old, K. Reich, B. Schweers
11.30 – 11.45	Automatisation von Laborabläufen bei der Durchführung von DNA-Analysen R. Schubbert, L. Paulenz, K. Klöpffer, W. Hell, T. Brendel, S. Rittler, S. Schneider
11.45 – 12.00	Post-Amplification Cleanup improves signal-to-noise ratio and sensitivity in low level DNA analysis T. Schnibbe, D. Welch, Ch. Starke
12.00 – 12.15	Mehr Erfolg bei der Analyse schwieriger Spuren mit dem AmpFϕSTR\circledR SEfiler PlusTM PCR Amplification Kit G. Weichhold, T. Simon
12.15 – 12.30	Entwicklung eines neuen forensischen Screening Tools: Das PowerPlex\circledR S5 System R. Weispfenning, C. Sprecher, D. Storts, K. Zurbuchen, P. Fulmer, D. Rabbach, C. Knox, N. Siffling
12.30 – 12.45	GenoProof Mixture eine Software zur Auswertung komplexer Spuren F. Götz
12.45 – 14.00	<i>Abschiedsimbiss</i>

Sicherung und Auswertung von latenten DNA-Spuren im Bereich der Eigentumskriminalität - Ein Feldversuch in Frankfurt am Main

Esther Reuss, Silke Kauferstein, Richard Zehner, Harald Schneider

Moderne DNA-Analysetechniken ermöglichen die Typisierung von äußerst geringfügigen Mengen DNA, wie sie z.B. in latenten DNA-Spuren (nicht sichtbaren Hautabriebspuren) vorliegen. Durch die erfolgreiche Typisierung latenter DNA-Spuren wurden gerade in jüngster Zeit zahlreiche spektakuläre Aufklärungserfolge im Bereich der Kapitalverbrechen erzielt. Um die Frage zu beantworten, in wieweit es sinnvoll ist, die Sicherung latenter DNA-Spuren auch auf den Bereich des einfachen und schweren Diebstahls auszudehnen, wurde ein Feldversuch in Frankfurt durchgeführt. Hierbei wurden die Tatortspuren von Eigentumsdelikten für die Dauer eines Jahres systematisch untersucht und die Befunde wissenschaftlich ausgewertet. Insgesamt wurden 4234 Abriebtupfer DNA-analytisch untersucht und im Hinblick auf die enthaltene DNA-Menge sowie die Korrelation der Befundqualität mit dem jeweiligen Spurentyp beurteilt und nachfolgend hinsichtlich ihrer Tatrelevanz analysiert. Aufgrund der Erkenntnisse aus dem Feldversuch wurden Maßnahmen zur Effizienzsteigerung der Spurensicherung entwickelt, welche durch einen Erlass hessenweit umgesetzt werden. Hierdurch soll eine höhere Aufklärungsquote erzielt werden, um letztlich einen Mehrwert für die öffentliche Sicherheit zu erlangen.

Die Ergebnisse der Feldstudie werden in diesem Vortrag vorgestellt und diskutiert.

Hauptautor und Referent:

- Esther Reuss, Zentrum der Rechtsmedizin der Johann Wolfgang Goethe-Universität, Kennedyallee 104, 60596 Frankfurt

Co-Autoren:

- Silke Kauferstein, Zentrum der Rechtsmedizin der Johann Wolfgang Goethe-Universität, Kennedyallee 104, 60596 Frankfurt
- Richard Zehner, Zentrum der Rechtsmedizin der Johann Wolfgang Goethe-Universität, Kennedyallee 104, 60596 Frankfurt
- Harald Schneider, Hessisches Landeskriminalamt, FG 63 Biologie/DNA-Analytik, Hölderlinstraße 5, 65187 Wiesbaden

Optimierung von Abrieben für die forensische Spurenkunde

Miriam Müller^{1,2}, Carsten Hohoff², Bernd Brinkmann²

¹ Institut für Rechtsmedizin, Westfälische Wilhelms-Universität Münster, Münster

² Forensische Genetik, Prof. Dr. Brinkmann, Münster

Routinemäßig werden Abriebe für spurenkundliche Untersuchungen mit destilliertem Wasser durchgeführt.

Das hier vorgestellte Projekt widmet sich der Fragestellung, ob destilliertes Wasser das beste Befeuchtungsmittel für Abriebe ist oder ob es ein anderes Lösungsmittel gibt, mit dem deutlich mehr amplifizierbare Zellkern-DNA für die molekulargenetischen Untersuchungen gewonnen werden kann.

Die Auswahl der angewandten Lösungsmittel beruht auf Überlegungen zu den chemischen Eigenschaften des Wassers (z.B. Dipol, antichaotrop); die vergleichend untersuchten Lösungsmittel (Xylol, Isopropanol absolut, 80% (v/v) Isopropanol, 1% (v/v) SDS, 10% (v/v) Betain, 1% (v/v) CTAB, 1% (v/v) Tween20, 5M Guanidium-HCl-Puffer, TE (10 mM Tris/HCl (pH 8), 1mM EDTA), 3M KCl) wiesen entsprechend komplementäre Eigenschaften (hydrophob/nicht-wässrig, oberflächenaktiv chaotrop, gepuffert, hohe Ionenstärke) auf. Ferner wurde ein Außengruppenvergleich einbezogen (kommerzielles Brillenputztuch).

Die statistisch ausgewerteten Resultate unserer standardisiert durchgeführten Laborstudie werden im Vortrag dargestellt und diskutiert.

Validierung von automatisierten DNA-Extraktionsprotokollen unter Verwendung von standardisierten “Abriebspuren”

*G. Förster, P.M. Schneider, M.A. Rothschild
Institut für Rechtsmedizin der Universität zu Köln*

Ziel der Validierungsstudie war die Verbesserung der DNA-Ausbeute von Abriebspuren auf Bakterietten (Wattetupfern), die sehr häufig zur Sicherung von Tatortspuren angefertigt werden, ohne dass eine Möglichkeit besteht, die Art der Spur und die Menge an Spurenmaterial beurteilen zu können. Als Extraktionssysteme standen je ein Qiagen M48 und ein EZ1 Extraktionsroboter zur Verfügung, bei denen das Standardprotokoll im Vergleich zum “Large Volume” Protokoll verwendet wurde. Weiterhin wurde in diesem Testsystem die Verwendung sog. “Carrier-DNA” zur Verbesserung der Ausbeute bei der Extraktion untersucht. Als “Spuren” wurden EDTA-Blutprobenmengen zwischen 5 µl und 0,1 µl in einem einheitlichen Volumen in einem vierfachen Ansatz entweder direkt extrahiert oder auf Bakterietten getropft und über Nacht getrocknet. Die getrockneten Bakterietten wurden dann wie eine Abriebspur direkt in die Extraktion eingesetzt. Alle Mengen und Extraktionen wurden in Vierfach-Ansätzen untersucht. Die DNA-Ausbeuten wurden mittels Real time PCR im Quantifiler-Assay gemessen. Exemplarisch wurden einzelne Proben einer STR-Analyse unterzogen. Es zeigte sich, dass bei Einsatz des “Large Volume” Protokolls eine deutliche Verbesserung der DNA-Ausbeute erzielt werden konnte, während die Verwendung von Carrier-DNA ohne nachweisbaren Effekt blieb.

Erfahrungen mit der Verwendung von Klebefolien zur Sicherung von Kontaktspuren

Monika Radacher, Gabriele Höckner, Jan Kiesslich, Waltraud Grabner, Bettina Dunkelmann, Franz Neuhuber, Edith Tutsch-Bauer

Interfakultärer Fachbereich Gerichtsmedizin der Universität Salzburg

Hautabriebspuren zählen mittlerweile zu den am häufigsten gesicherten Spurenarten. Meist liegt dabei nur sehr wenig Spurenmaterial vor, welches mit freiem Auge in der Regel nicht erkennbar ist. Während z.B. bei Tatwerkzeugen die Oberfläche des Spurenträgers noch überschaubar ist stellt das Auffinden und Sichern solcher Spuren vor allem bei großflächigen Spurentägern (z.B. Kleidungsstücke, Bettwäsche, etc.) ein Problem dar. Die am weitesten verbreitete Methode zur Sicherung solcher Spuren ist das Herstellen feuchter Abriebe. In einer vergleichenden Studie konnten jedoch gerade bei saugenden Oberflächen deutliche Vorteile des Abklebens und der anschließenden Herstellung eines Abriebes vom Klebeband gegenüber der direkten feuchten Abnahme festgestellt werden. Die Technik der Abnahme von Kontaktspuren durch Klebebänder wird in unserem Labor seither routinemäßig angewendet.

Spermienisolierung aus Mischspuren mittels Magnetic Activated Cell Sorting

Marielle Heinrich, Anne Raffauf, Ulrike Schmidt, Sabine Lutz-Bonengel, Stefan Pollak

Eine häufig verwendete Methode der Spermienisolierung aus männlich-weiblichen Mischspuren stellt die differentielle Lyse dar. In den vergangenen Jahren wurden verschiedene neue Techniken vorgestellt, um das Problem der limitierten Sensitivität und Spezifität der differentiellen Lyse zu überwinden.

In unserer Studie haben wir eine neue, hochspezifische Methode der antikörperbasierten Isolierung von Spermatozoen aus künstlich angelegten Mischungen von Ejakulat und weiblichem Blut getestet. Dafür wurde die Methode der indirekten Zelltrennung verwendet: Zunächst wurden die Spermatozoen mit einem Biotin-konjugierten, polyklonalen Antikörper gegen Epitope des Spermienkopfes markiert. In einem zweiten Schritt wurden die markierten Zellen an magnetische Partikel gebunden, welche an einen sekundären Anti-Biotin-Antikörper konjugiert waren. Die Zelltrennung fand über eine Säule statt, deren Matrix mittels eines permanenten Magneten ein sehr starkes magnetisches Feld aufbauen kann.

Die Entwicklung dieser Methode sowie erste Ergebnisse zur Trennleistung werden präsentiert.

Differenzierung von Epithelzellen in Spurenmaterial durch Typisierung der Intermediärfilamente

M.M. Schulz,¹ M.G.D. Buschner,¹ R. Leidig,¹ F. Wehner,¹ P. Fritz,² K. Häbig,³ M. Bonin,³ M. Schütz,⁴ und H.D. Wehner.¹

¹ Institut für Rechtsmedizin, Eberhard-Karls-Universität Tübingen, Nägelestrasse 5, D-72074 Tübingen

² Institut für Pathologie, Robert Bosch Krankenhaus, Auerbachstrasse 110, D-70376 Stuttgart

³ Institut für Humangenetik, Eberhard-Karls-Universität Tübingen, Calwerstrasse 7, D-72076 Tübingen

⁴ Institut für Mikrobiologie, Eberhard-Karls-Universität Tübingen, Elfriede-Aulhorn-Str. 6, D-72076 Tübingen

Im Zuge der kriminalistisch spurenkundlichen Untersuchung von Sexualdelikten wird üblicherweise versucht einen körperlichen Kontakt zwischen Opfer und Täter zu belegen, indem Opfer-DNA z.B. an den Händen oder dem Geschlechtsteil des Tatverdächtigen nachgewiesen wird. Gelingt dieser Nachweis, versucht der mit den Befunden konfrontierte Beschuldigte oft, diesen Umstand herunterzuspielen. Ein Oral- oder Vaginalkontakt wird abgestritten und ist auch mit den neuesten spurenkundlichen Untersuchungsmethoden nicht sicher zu verifizieren.

Es werden immunzytochemische und molekularbiologische Techniken vorgestellt, welche eine Differenzierung zwischen Zellen der Vaginal- und Wangenschleimhaut und der äußeren Epidermis an Spurenmaterial ermöglichen. Zu diesem Zweck werden die in den Zellen befindlichen Intermediärfilamente gewebespezifisch markiert bzw. deren mRNAs detektiert. Mittels Laser Mikrodisektion können die Zellen anschließend einer gezielten DNA-Analyse zugeführt werden.

Referent:

M. M. Schulz

Institut für Rechtsmedizin, Ludwig-Maximilians-Universität München,

Nußbaumstr. 26

D-80336 München

Geographisch hoch auflösende Untersuchung der Y-STR Variabilität im Alpenraum

Burkhard Berger¹, Daniel Erhart¹, Harald Niederstätter¹, Christoph Gassner², Harald Schennach² und Walther Parson¹

¹ *Institut für Gerichtliche Medizin, Medizinische Universität Innsbruck, Müllerstrasse 44, A-6020 Innsbruck*

² *Zentralinstitut für Bluttransfusion und Immunologische Abteilung, Tiroler Landeskrankenhaus und Universitätskliniken Innsbruck, Anichstrasse 35, A-6020 Innsbruck*

Im Laufe der letzten 15 Jahre hat die Analyse von Y chromosomalen Markern aufgrund ihrer hohen Populationspezifität wichtige Erkenntnisse zur Geschichte der Menschheit und zur genetischen Verwandtschaft verschiedener Metapopulationen beigetragen. Die Verwendung dieser Marker für forensische Fragestellungen setzt die Kenntnis der Allelverteilungen in relevanten Populationen voraus, um Identitäts- oder Abstammungswahrscheinlichkeiten berechnen zu können. Bei populationspezifischen Markern wie den Y-STRs, stellt sich die Frage nach der relevanten Vergleichspopulation in besonders hohem Ausmaß. Können auf geographisch kleinem Maßstab Unterschiede innerhalb der Bevölkerung auftreten, die einen messbaren Einfluß auf die forensische Diagnostik haben? Um eventuell auftretende Substrukturen quantitativ erfassen zu können, ist eine möglichst hoch auflösende Untersuchung einer Population notwendig. In Bergregionen, wie es z.B. Tirol darstellt, könnten aufgrund der ausgeprägten Geländestruktur solche Substrukturen besonders deutlich zu Tage treten. Unser Untersuchungsgebiet umfasste deshalb den Tiroler Siedlungsraum mit Schwerpunkt auf spezielle Regionen mit unterschiedlicher geographischer Struktur (offene und geschlossene Talschaften), Isolation (Siedlungsinseln) und historischer Entwicklung. Die Probennahme wurde im Rahmen routinemäßiger Blutspendeaktionen organisiert, wobei eine Stichprobengröße von ca. 3.000 Blutproben geplant worden ist. Die Y-Haplotypen wurden mit Hilfe des AmpFlSTR Yfiler PCR amplification kit (Fa. Applied Biosystems) bestimmt, der die Analyse von 17 Y-STR Markern erlaubt.

Analyse mitochondrialer Längenheteroplasmie bei eineiigen und mehreiigen Geschwistern

Lutz-Bonengel S., Sanger T., Heinrich M., Schneider P., Schmidt U., Pollak S.

Monozygote Geschwister erben dasselbe genetische Material, weshalb eine Differenzierung mit bisherigen DNA-Typisierungsmethoden nicht moglich ist. Es ist jedoch vorstellbar, dass sich monozygote Personen anhand somatischer Mutationen unterscheiden lassen, die sich wahrend der jeweiligen Ontogenese ereignet haben. Hierfur sind besonders Regionen mit einer hohen Mutationsfrequenz, wie z.B. der homopolymere C-Stretch in der hypervariablen Region II (Positionen 303-309) der mitochondrialen DNA, interessant.

Um die Frage zu beantworten, ob eine Unterscheidung monozygoter Personen mittels mtDNA Langenprofilen moglich ist, und um mehr Informationen uber die Vererbung und die Verteilung mitochondrialer Langenheteroplasmie zu erhalten, wurden 877 Probanden mittels RFLP und 433 Personen zusatzlich mittels direkter Sequenzierung der mitochondrialen Kontrollregion untersucht.

Dr. Sabine Lutz-Bonengel
Institut fur Rechtsmedizin
Albertstr. 9
79104 Freiburg
Tel: (0049)-(0)761-203-6829
Fax: (0049)-(0)761-203-6858

A rapid mtDNA multiplex assay of 22 SNPs increases the discriminatory power

Köhnemann S, Sibbing U, Pfeiffer H, Brinkmann B, Hohoff C

We have developed a multiplex mtDNA assay comprising 21 coding region and one control region SNP that can be amplified in a single reverse touch down PCR. Single base extension using the SNaPshot technique is also carried out as a multiplex. Besides the nine major West-Eurasian haplogroups (i.e. H, I, J, K, T, U, V, W and X), 19 additional subclades can be detected.

By analysing 130 Caucasoid samples from Germany, 36 different haplotypes were found resulting in a power of discrimination of 93.2%. 49% of the samples were assigned to superhaplogroup H, nevertheless, subtyping reduced the most common haplotype to 18% only. The other haplotypes found had frequencies from 11% to 1%. Further analysis of 24 non-German samples revealed 8 more haplotypes.

This assay is applicable for high-throughput mtDNA analysis and will give additional information to the common control region sequencing of HVR1-2.

Post-PCR treatment of artificial and routine low level DNA casework samples as a possible alternative to 34 cycle LCN DNA profiling

C. Proff^a, F. Schubert^b, L. Forster^c, J. Thomson^c

^aInstitut für Blutgruppenforschung LGC GmbH, Cologne, Germany

^bAGOWA GmbH, Berlin, Germany

^cLGC Forensics, Teddington, UK

Phone: +49 221 292128 34, Fax: +49 221 292128 99

Email: carsten.proff@ifb-lgc.com

New approaches in forensic DNA typing technology mostly deal with the analysis of degraded and low copy number (LCN) DNA with improvements being achieved by modifying pre-PCR processes e.g. increase in the number of PCR cycles, reduction in reaction volume or the use of miniSTRs.

Our investigations focused on post-PCR treatment that includes the purification of PCR products with two different methodologies in addition to changes in injection time and voltage for electrophoresis. This treatment was compared to typing results from the same samples amplified with 34 PCR cycles to determine whether post-PCR modifications could be used as an alternative to increasing the number of PCR cycles because the widely known 34 cycle approach carries a higher risk of preferential amplification, possible allelic dropout and the occurrence of additional alleles. Additionally, we looked at the post-PCR treatment effects on those samples that already were amplified with 34 cycles.

The present study comprised tests on low level DNA samples (artificial and routine casework) that were amplified (SGM+, AB) with 28 and 34 PCR cycles, respectively and were subjected to two different PCR purification methods, one of which was spin column based (Qiagen MinElute®) and the other magnetic beads based (AGOWA sbeadex®) based. Following this treatment, the PCR product volume loaded onto the sequencer was varied, and different injection times and voltages were tested.

Whole Genome Amplification (WGA) von Haarschaft-mtDNA: Ergebnisse mit dem GenomiPhi-DNA-Amplifikations-Kit (GE Healthcare)

Szibor, R.¹, Krause D², Plate I.², Edelmann J.³, Kirches E.⁴

¹ *Institut für Rechtsmedizin, Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg*

² *Gerichtsmedizin am Dom 11, Magdeburg*

³ *Institut für Rechtsmedizin, Universität Leipzig*

⁴ *Institut für Neuropathologie, Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg*

Der GenomiPhi DNA-Amplifikations-Kit (GE Healthcare) amplifiziert unter Verwendung von Bacteriophage-Phi29-DNA-Polymerase und Hexanucleotid-Randomprimern beliebige DNA und liefert davon praktisch unbegrenzte Mengen PCR-fähige DNA. Deshalb ist diese Anwendung für die Typisierung von low copy DNA samples für die Spurenkunde von Interesse. Wir isolierten DNA aus 45 cm langen Haaren in 5cm-Abschnitten und amplifizierten diese sowohl für die Analyse mit dem Powerplex16 Kit als auch für die HV1- und HV2-Sequenzierung. Während wir die Kern-DNA-Untersuchungen wegen unbefriedigender Ergebnisse abbrechen, waren die mtDNA Analysen erfolgreich. Die WGA-Option sollte in Spurenfällen für die mtDNA Analyse geprüft werden, wenn konventionelle verfahren versagt haben.

Ultraschall zur Entfernung von Oberflächenkontaminationen bei kleinsten Probenstücken - Untersuchungen in einem möglichen Fall von Kindstötung

Rebecca Renneberg¹, Peter Pieper², Susanne Hummel¹

¹ *Historische Anthropologie und Humanökologie, Johann Friedrich Blumenbach-Institut für Zoologie und Anthropologie, Georg-August-Universität Göttingen, Bürgerstr.50, D-37073 Göttingen*

² *Institut für Rechtsmedizin, Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf, Moorestr.5, D-40001 Düsseldorf*

Einleitung

Gegenstand der hier vorgestellten Untersuchung war ein Incus (Amboss, 4,56 x 6,17 mm) eines neonaten Individuums. Der Incus war im Zuge der Ermittlungen zu einer Kindstötung durch die Spurensicherung sichergestellt worden. Aus der Probe sollte ein genetischer Fingerabdruck zur Identitätsfeststellung ermittelt werden. Dies sollte über die Feststellung möglicher verwandtschaftlicher Beziehungen zur Tatverdächtigen und ihrem Lebensgefährten (= Putativ-Eltern) durchgeführt werden. Von den Putativ-Eltern standen Vergleichsproben zur Verfügung.

Der Knochen war aus den Sedimenten eines Fallrohres einer Toilette geborgen worden, in dem er vermutlich mehrere Jahre gelagert hatte. Deshalb war davon auszugehen, dass er regelmäßig von menschlichen Ausscheidungen umspült wurde und damit sämtliche Außenflächen des Knochens kontaminiert waren. Eine Abtragung der Probenoberfläche kam wegen der geringen Probengröße nicht in Frage, da dies zu einem annähernd vollständigen Verlust der nur 0,07g leichten Probe geführt hätte. Wegen dieser besonderen Randbedingungen wurde erstmals eine Reinigung eines Probenstückes mithilfe von Ultraschall durchgeführt. Durch die Beschallung sollten - ohne Materialverluste am Probenstück selbst hinnehmen zu müssen - die an der Oberfläche anhaftenden Fremdzellen entfernt werden.

Material und Methoden

Der Incus wurde zur Reinigung im Ultraschallbad in ein 2ml Eppendorf-Cup, das mit 200µl TE-Puffer (pH 7,0) gefüllt war, gegeben. Der erste Reinigungsschritt erfolgte für drei Minuten im Kompaktgerät SONOREX DIGITAL 10P (35kHz, Bandelin) bei 100%iger Leistung. Für den zweiten Reinigungsschritt wurde der Incus in ein weiteres 2ml E-Cup überführt, das ebenfalls mit 200µl Puffer befüllt war. Es erfolgte eine erneute Beschallung für drei Minuten bei 100%iger Leistung. Der dritte Reinigungsschritt erfolgte analog zum zweiten, so dass eine Gesamtdauer der Beschallung von neun Minuten erreicht wurde. Der Incus wurde anschließend bei Raumtemperatur getrocknet. Die weitere Probenvorbereitung bestand in der Pulverisierung der Probe, der Inkubation des Pulvers in EDTA unter Zugabe von Proteinase K. Im Anschluss erfolgte die DNA-Extraktion mit Hilfe des EZ1 Biorobot (Qiagen). Zu Kontrollzwecken wurde

auch die DNA aus allen drei Fraktionen des Reinigungspuffers extrahiert. Dies erfolgte nach Inkubation mit Proteinase K ebenfalls im EZ1 Biorobot (Qiagen). Die DNA der Vergleichsproben der Putativeltern wurden mit Hilfe des Chelex® - Protokolls extrahiert.

Die Analyse des genetischen Fingerabdrucks erfolgte mit dem AmpFISTR®Profilier PlusKit® (Applied Biosystems). Die Hypervariable Region I des mitochondrialen Genoms und die Y-STR-Typisierung wurden mit Hilfe im Haus entwickelter Analysesysteme durchgeführt.

Die statistische Auswertung der Ergebnisse erfolgte nach den Standardformeln für die Berechnung von Verwandtschaftswahrscheinlichkeiten in Defizienz- und Triaden-Fällen.

Ergebnisse und Diskussion

Der genetische Fingerabdruck des Incus konnte vollständig ermittelt werden, die Typisierungen wiesen in keinem STR-System mehr als zwei Allele auf. Die Pufferlösungen wiesen pro System ein bis drei Allele auf, von denen einige auch im genetischen Fingerabdruck des Incus enthalten waren, andere aber auch von unbekannt Personen stammten. Die Reinigung im Ultraschallbad erwies sich damit als effiziente Methode zur Entfernung oberflächlich anhaftender Kontaminationen. Negative Auswirkungen auf den Zustand der DNA (z.B. auffallend hoher Fragmentierungsgrad) waren nicht zu erkennen. Systematische Untersuchungen zur Eignung von Ultraschallbehandlungen mit dem Ziel der Probenreinigung werden derzeit durchgeführt.

Das neonate Individuum und die tatverdächtige Putativmutter teilen sich im genetischen Fingerabdruck pro System je ein Allel. Die Wahrscheinlichkeit einer Mutter-Kind-Beziehung konnte danach mit 99,9% berechnet werden. Die Basensequenz der HVRI stimmte vollständig überein.

Der Putativ-Vater und das neonate Individuum teilen sich ebenfalls je STR-System ein Allel. Die Wahrscheinlichkeit der Paternität kann mit 98,8% angegeben werden. Dieser niedrigere Wert geht auf die höheren Frequenzen der gemeinsamen Allele in mitteleuropäischen Populationen zurück. Der YHaplotyp stimmte in allen 8 untersuchten STRs überein.

Berechnet man die Wahrscheinlichkeit der Verwandtschaft als Triade, so ergibt sich ein Wert von 99,9%. Das Individuum, von dem der Incus stammt, muss also ein Kind der Tatverdächtigen und ihres Lebensgefährten gewesen sein. Im vorliegenden Fall war der Incus der einzige Sachbeweis für die Entsorgung des Leichnams eines der neugeborenen Kinder der Familie.

Kontakt: E-Mail: rrenneb@gwdg.de; shummell@gwdg.de

Von der Knochenarbeit

T. Rothämel, R. Henkel, J. Eidam, H.-D. Tröger

*Institut für Rechtsmedizin der Medizinischen Hochschule Hannover
Carl-Neuberg-Straße 1, 30625 Hannover*

Wir berichten über fünf Fälle, in denen Skeletteile mittels einer DNA-Analyse identifiziert werden konnten. Stellvertretend seien hier zwei kurz geschildert:

So der Fall der beiden Tatverdächtigen eines Mordes in Hannover aus dem Jahre 1993, bei dem ein Mann nach Erpressung der Geheimzahl seiner EC-Karte mittels Schrotschusses in den Kopf getötet wurde. Die Tatverdächtigen wollten sich offensichtlich dem Zugriff der Ermittler durch eine Flucht in die Wirren des Balkankrieges entziehen, ihr Pkw wurde bald darauf verlassen in Belgrad sichergestellt – die Spur verlор sich. Im Rahmen der Den Haager Kriegsverbrecherermittlungen wurden 1999 in einem Massengrab, einem durch Sprengung verschütteten Brunnen in Erdut, Ostslawonien, die Überreste zweier männlicher Leichen gefunden, von denen eine den Ausweis einer der gesuchten Tatverdächtigen bei sich hatte. Sie waren an beiden Händen mittels Kabelbinder gefesselt und wiesen Kopfschussverletzungen auf. Proben von Röhrenknochen der unteren Extremität wurden uns zur DNA-Analyse übersandt. Im Vergleich mit den beiden noch lebenden Müttern konnte die Identität der beiden Männer mit Mutterschaftswahrscheinlichkeiten um 99,99 Prozent geklärt werden, auch wenn eine der beiden Proben nicht näher erklärbare Mischbefunde aufwies, die jedoch eine quantitativ herausragende, verwandtschaftlich zuordnbare Befundkomponente aufwiesen. Die Identität dieser Überreste wurde nachträglich durch ein anthropologisches Gutachten im Rahmen der Den Haager Prozesse bestätigt, das einen verheilten Unterschenkelbruch mit früheren Röntgenaufnahmen in Übereinstimmung brachte.

Und so der Fall eines Mannes im niedersächsischen Norden, der seit 1968 vermisst wurde. Bei der Auffindung der all die Jahre im Freien in einem Waldstück liegenden Überreste durch Pilzesammler im Jahre 2004 fanden sich neben stark verwitterten Knochen auch noch eine Getränkeflasche und leere Tablettenbehälter, die Hinweis auf einen Suizid gaben. Die mutmaßliche Identität war schnell ermittelt, länger dauerte die Auffindung eines in den USA lebenden Sohnes, der einen Mundhöhlenabstrich übersandte. Auch hier konnte eine Vaterschaftswahrscheinlichkeit von 99,998 Prozent die Identität letztlich klären.

Methodisch werden die unterschiedlichen Ausgangsmaterialien, von kreideartig umgewandeltem Knochenmark bis hin zu durch Sägen und Fräsen gewonnenem Knochenmehl, den hierfür angepassten DNA-Isolationsverfahren gegenübergestellt, deren Spektrum von der klassischen organischen Extraktion bis zum QIAamp DNA Blood Mini Kit reicht, jeweils durch Easy Pure (Glasmilch) von Biozym zur weiteren Aufreinigung ergänzt.

Die STR-Analyse wurde mit diversen Multiplex-Kits von Applied Biosystems durchgeführt, wobei das MiniFiler Kit seine besonderen Vorzüge bei degradiertem DNA ausspielen konnte.

Schnelle und zuverlässige Methode für die Erstellung von DNA-Profilen aus Knochen zu Identifikationszwecken

Urs Borer and Naseem Malik

Forensische Molekularbiologie, Institut für Rechtsmedizin der Universität Bern, Sulgenauweg 40, 3007 Bern, Switzerland

Die Abteilung forensische Molekularbiologie am Institut für Rechtsmedizin der Universität Bern hat eine Methode für die schnelle Erstellung von DNA-Profilen aus Knochen entwickelt.

Die Extraktion von DNA aus Knochen wurde bis anhin durch Zermahlen des kompakten Knochens und anschließenden Entkalkungsschritten durchgeführt, bevor die DNA mit organischen Extraktionsmethoden gereinigt wurde. Diese Prozedur benötigte in der Regel bis zu zwei Wochen, bis ein DNA-Profil vorlag. In unserer Routine wird diese Methode hauptsächlich für Identifikationen benutzt, wobei die Angehörigen des Verstorbenen durch diese Verzögerung lange Wartezeiten bis zur tatsächlichen Identifikation in Kauf nehmen mussten.

Durch den Einsatz neu entwickelter Geräte aus dem Labor sowie aus dem zahntechnischen Bereich und durch die Auswahl von geeigneten Knochenfragmenten konnten wir ein feines „Knochenpulver“ für eine anschließende DNA-Extraktion und -Reinigung gewinnen. Dadurch wird der Zeitaufwand, vor allem beim Extraktionsschritt, massiv reduziert. Diese Extraktion erfolgte mit dem „Precellys 24“, einem Gerät zur Homogenisierung von Geweben, und mit anschließender automatisierter Reinigung der DNA, unter anderem mit dem EZ1 einem Gerät von Qiagen. Diese zusätzlichen Verfeinerungen führten dazu, dass routinemässig innerhalb von 48 Stunden DNA-Profile aus Knochen erstellt werden können.

STR-Analytik – The next generation

Florian Pitterl, Herbert Oberacher, Gabriela Huber, Harald Niederstätter, Walther Parson

Institut für Gerichtliche Medizin der Medizinischen Universität Innsbruck, Müllerstrasse 44, A-6020 Innsbruck

Die Kopplung der Ionenpaar-Umkehrphasen Flüssigkeitschromatographie mit der Elektrospray-Ionisations-Massenspektrometrie (ICEMS) stellt eine leistungsstarke Technologie zur Charakterisierung von Nukleinsäuren dar. Mit dieser Methode können PCR-Produkte ohne vorherige Aufreinigung direkt analysiert werden. Im chromatographischen System werden die Nukleinsäuremoleküle aufgereinigt, fraktioniert und denaturiert. Die eigentliche Charakterisierung erfolgt online im Massenspektrometer, wobei die gemessene molekulare Masse zur Identifikation von Sequenzvariationen dient. Aus Abweichungen der experimentell bestimmten molekularen Masse eines DNA-Fragments von der molekularen Masse der Referenzsequenz kann auf die Anwesenheit und gleichzeitig auch auf die Art von Sequenzunterschieden in der Probe geschlossen werden. Aufgrund der effizienten massenspektrometrischen Analyse können neben Längenvariationen auch Einzelbasenaustausche in Nukleinsäuremolekülen mit einer Länge von bis zu 250 Basenpaaren detektiert werden [1].

Wir konnten zeigen, dass ICEMS damit eine Alternative zur Kapillarelektrophorese für die Charakterisierung von „Short Tandem Repeats“ (STRs) darstellt. Im Gegensatz zur elektrophoretischen STR-Analyse, welche „nur“ Längenvarianten unterscheidet, können mittels ICEMS zusätzliche Allele durch die Detektion von Sequenzvariationen erkannt werden. Wir fanden in einer europäischen Populationsstichprobe in elf von 21 untersuchten STR-Markern (SE33, D2S1338, vWA, D21S11, D3S1358, D16S539, D8S1179, D7S820, D13S317, D5S818, D2S441) zusätzliche Allele, die sich durch Sequenzvariationen von anderen gleich langen Fragmenten unterschieden [2]. Die verbesserte allelische Auflösung kann insbesondere dann den entscheidenden Informationsgewinn liefern, wenn von Proben nur STR-Teilprofile bestimmbar sind (Degradation) oder, wenn, wie für Verwandtschaftsanalysen, eine größere Anzahl von Markern notwendig ist.

Ein maßgeblicher Vorteil dieser neuen Methode ist, dass die forensische Effizienz deutlich erhöht wird und dass die mittels ICEMS generierten Daten mit den bestehenden Daten(banken) trotzdem kompatibel bleiben.

Literatur:

[1] H. Oberacher, H. Niederstätter, B. Casetta, W. Parson, *Anal. Chem.* **2005**, 77, 4999

[2] H. Oberacher, F. Pitterl, G. Huber, H. Niederstätter, M. Steinlechner, W. Parson, *Human Mutation* **2007**, in press

Sperm HY-LITER: zur Darstellung human spezifischer Spermien bei sexuellen Gewaltverbrechen

Barbara Siebertz¹, Jennifer Old², Karl Reich², Brett Schweers²

¹ *Galantos Genetics GmbH, Universitätscampus Mainz, Johann-Joachim-Becher-Weg 30a, 55128 Mainz, Deutschland*

² *Independent Forensics, 4600 Rossevelt Road, Suite 201, Hillside, IL 60162, USA
<http://www.galantos.eu>*

Der Sperm HY-LITER stellt die erste antikörper-basierende Methode zur Darstellung von Spermien dar. Der Test ermöglicht die Analyse von sexuellen Gewaltverbrechen schneller, zuverlässiger und genauer als jemals zuvor.

Basierend auf der Fluoreszenzmarkierung eines monoklonalen Antikörpers führt der Test zu einer positiven Identifizierung von menschlichen Spermien in den zu untersuchenden Proben und ermöglicht somit ein schnelles Screening auf Spermien unter dem Mikroskop.

Bisherige Standardfärbungen, wie KPIC oder HE, für die Lokalisierung und Bestimmung von Spermien, basieren auf der zeitaufwendigen Bestimmung der Spermien anhand ihrer Morphologie. Die Anwendung des Sperm HY-LITERs ermöglicht die spezifische Darstellung humaner Spermien, selbst solcher, die durch Debris oder zelluläres Material verdeckt werden.

Der Sperm HY-LITER kann bei aktuellen, aber auch bei alten, eingelagerten Proben angewendet werden.

In Verbindung mit dem „Rapid Stain Identification“-Test für menschliche Samenflüssigkeit besteht nun ein einzigartiges und sehr effektives System zur Identifizierung von Proben, die ein DNA-Profil zur Identifizierung des Täters liefern werden.

Automatisierung von Laborabläufen bei der Durchführung von DNA-Analysen

R. Schubbert, L. Paulenz, K. Klöpfer, W. Hell, T. Brendel, S. Rittler, S. Schneider

Bei der Hochdurchsatzanalyse von DNA kann die Qualität der Ergebnisse durch eine weitgehende Automatisierung der Laborabläufe deutlich erhöht werden. Im Jahr 2007 wurden im DNA-Forensik bei der Eurofins Medigenomix GmbH ein großer Teil der Laborprozesse weiter automatisiert und verschiedene Instrumente in die Arbeitsabläufe integriert. Dadurch konnten Analysen hinsichtlich Qualität und Effizienz optimiert werden; weitere Analysen werden durch die Automatisierung erst ermöglicht. Für die Bearbeitung humaner Mundhöhlen-Abstrich-Proben (MHA) wurde die DNA-Extraktion vollständig automatisiert. Durch Quantifizierung und Normalisierung der DNA-Extrakte kann die Qualität der DNA-Profile in Bezug auf gleichmäßige Peakhöhen und Allelbalancen nachweislich deutlich verbessert werden.

Auch für forensische Analysen ist die Verwendung von Single Nucleotide Polymorphisms (SNP s) zunehmend in der Diskussion. Bis in den Bereich einiger hundert SNP s pro Probe ist der Einsatz von MALDITOF eine hocheffiziente Analyseverfahren. Wir stellen einen Arbeitsprozess für die Hochdurchsatzanalyse vor, der es erlaubt, 384 Proben beispielsweise bezüglich 30 SNP s parallel, kostengünstig und mit hoher Qualität zu analysieren.

Post-Amplification Cleanup improves signal-to-noise ratio and sensitivity in low level DNA analysis

Dr. Thomas Schnibbe¹, Dr. David Welch², Christian Starke¹

¹ *QIAGEN GmbH, Hilden, Germany*

² *QIAGEN Ltd., Crawley, Great Britain*

Success rates using standard forensic methods to obtain intelligible profiles from trace DNA samples typically range around 30–50%. Efforts for method enhancements usually focus on the preanalytical or pre-PCR process of the analysis. However, there can also be tremendous value in post-PCR method optimization. Post-PCR purification with the MinElute PCR Purification Kit can generate full STR profiles with as little as 20 pg of DNA and partial profiles down to 5 pg of DNA. Signal intensity is increased 4 to 6-fold with a simple and quick procedure taking less than 10 minutes.

In addition, the MinElute procedure can be automated on the QIAcube platform, a novel system that provides fully automated purification of genomic DNA from 2 to 12 samples per run. The QIAcube allows the forensic scientist to instantly transfer their manual MinElute process into a completely automated workflow.

Standardized processing and elimination of handling errors are key factors for forensic sample preparation to ensure reliable results. Automated post-PCR purification offers many advantages compared to manual trace DNA enhancement methods: minimal hands-on time, further reduction of operator-dependent variation, and maximal safety in handling of samples.

Data will be presented on the use of the MinElute PCR Purification Kit in trace DNA analysis and on the use of the QIAcube for automated purification of DNA forensic samples.

Mehr Erfolg bei der Analyse schwieriger Spuren mit dem AmpFℓSTR® SEfiler Plus™ PCR Amplification Kit

Gottfried Weichhold, Thomas Simon* (*Applied Biosystems)*

DNA-Typisierungssysteme, die in der forensischen Spurenanalyse eingesetzt werden, müssen eine doppelte Herausforderung bewältigen: sehr kleine Probenmengen sowie eine Vielzahl verschiedener PCR-Hemmstoffe, wie z.B. häm-haltige Verbindungen, Huminsäure und Melanin. Häufig wird deshalb nur ein unvollständiges DNA-Profil generiert. Zur Bewältigung dieser Herausforderungen wurde der neue AmpFℓSTR® SEfiler Plus™ PCR Amplification Kit entwickelt. Er verbindet die Merkmale des weit verbreiteten AmpFℓSTR® SEfiler™ PCR Amplification Kits mit einem verbesserten Hochleistungs-Puffersystem, das besonders robust bei in forensischen Proben häufig vorkommende PCR-Hemmstoffe ist. Dabei werden die identischen STR-Loci und Primer wie im AmpFℓSTR® SEfiler™ PCR Amplification Kit verwendet. Optimierte PCR-Bedingungen erhöhen die Erfolgsrate der Erstanalyse. Weiter konnte trotz gesteigerter Zyklenzahl die Qualität der Profile verbessert werden. Durch fortschrittliche Verfahren zur Synthese und Reinigung der Primer wurde das Auftreten von Artefakten weiter minimiert.

Beispiele aus der umfassenden Validierung gemäß den Regeln der “Quality Assurance Standards for Forensic DNA Testing Laboratories” (DNA Advisory Board) und den Richtlinien der Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGDM) zeigen ebenso wie Fallbeispiele aus der forensischen Praxis das Potential des neuen des AmpFℓSTR® SEfiler Plus™ PCR Amplification Kit bei der Amplifikation von schwierigen DNA-Proben. Die Ergebnisse zeigen, dass sich mit Hilfe des Kits die Zahl der dargestellten Allele sowie der Vollprofile bei forensischer Spuren merklich erhöhen läßt.

Entwicklung eines neuen forensischen Screening Tools: Das PowerPlex® S5 System

Rita Weispfenning¹, Cindy Sprecher¹, Doug Storts¹, Katie Zurbuchen¹, Patricia Fulmer¹, Dawn Rabbach¹, Curtis Knox¹, Nicole Siffling¹

¹ Promega Corporation, Madison, Wisconsin, USA

Die Durchführung und Auswertung von großen STR Multiplex PCRs ist ein aufwändiger Prozess. Aus diesem Grund ist bei Fällen mit hoher Probenanzahl ein Vorab-Screening aus zeitlichen und finanziellen Gründen sinnvoll.

Die Promega Corporation hat einen forensischen Screening Kit entwickelt, der vier der im PowerPlex® ES System enthaltenen STR-Loci (D18S51, D8S1179, TH01, FGA) sowie Amelogenin in einer Multiplexreaktion zusammen fasst. Die Amplikongrößen der im PowerPlex® ES System besonders langen Systeme wurden dabei stark reduziert, so dass die maximale Fragmentlänge 260 bp beträgt.

Die robuste und sorgfältige Konzeption des PowerPlex® S5 Systems ermöglicht die reproduzierbare Erstellung vollständiger Profile bei Einsatz von minimalen DNA-Mengen. Damit ist das System ideal für die Verwendung von Low Copy Number-Proben, wie etwa Kontakt- oder Hautabriebspuren.

Das PowerPlex® S5 System enthält Taq Polymerase und bietet den Komfort einer Hot Start PCR Technologie.

Anhand von Beispielen aus internen und externen Tests wird das Potential des PowerPlex® S5 Systems bei schwierigen Proben aufgezeigt. Die Ergebnisse zeigen, dass das PowerPlex® S5 System die Möglichkeit bietet, Fälle mit großen Probenzahlen zeitlich wie finanziell effektiver zu gestalten.

GenoProof Mixture eine Software zur Auswertung komplexer Spuren

*Frank Götz
Qualitype AG
Moritzburger Weg 67
01109 Dresden*

Die Auswertung und biostatistische Beurteilung von Mischspuren stellt eine der komplexesten Fragestellungen im Bereich der DNA-Forensik da. Aus diesem Grund wurde mit GenoProof Mixture eine Software entwickelt, die entsprechend den Empfehlungen der Spurenkommission den Gutachter bei der Analyse von Mischspuren unterstützen soll. Es bietet neben unterschiedlichsten Methoden der Rohdatenanalyse und Artefakterkennung auch einzigartige Methoden für den Vergleich unterschiedlicher Spuren an.

Zusätzlich unterstützt es eine biostatistische Bewertung von beliebig komplexen Mischspuren, die automatische Bildung entsprechender Hypothesen und eine Auswertung nach der RMNE und der Likelihood (LQ) Methode.

Veranstaltungsorte



Wir danken herzlich für die freundliche Unterstützung:

**Applera Deutschland GmbH, Applied Biosystems, Darmstadt
Advalytix AG, München
Biotype AG / Quality AG, Dresden
Eppendorf AG, Hamburg
EUROFINS MEDIGENOMIX GMBH, Planegg/Martinsried
Fujifilm Europe GmbH, Düsseldorf
Galantos Genetics GmbH, Mainz
G. Kisker GbR, Steinfurt
Indis Kommunikationssysteme GmbH, Mainz
INVITROGEN, worldwide
PPS Europe GmbH, Wörrstadt
Promega GmbH, Mannheim
QIAGEN GmbH, Hilden
RECIPE CHEMICALS + INSTRUMENTS GmbH, München
swissforensix AG, Basel
und
serac Manfred R. Hofmann GmbH**