

Institut für Rechtsmedizin

MHH

Medizinische Hochschule  
Hannover

# 32. Spurenworkshop



*in Verbindung mit der*

**Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin**

*sowie der*

**Spurenkommission der DGRM**



**24./25. Februar 2012**

Medizinische Hochschule Hannover  
Lehrgebäude J1 Hörsaal F  
Carl-Neuberg-Straße

**[www.r-km.de/spurenworkshop2012](http://www.r-km.de/spurenworkshop2012)**

## Anwendertreffen 2012:



**Donnerstag, 23. Februar 2012**  
13:30 - 17:00 Uhr

### **Anwendertreffen Forensische DNA Analyse 2012**

Medizinische Hochschule Hannover  
Carl-Neuberg-Straße  
„Diätspeisesaal“ Mensa MHH

*Ohne Teilnehmerbegrenzung*



**Promega**

**Donnerstag, 23. Februar 2012**  
14:30 - 17:00 Uhr

### **Demonstration neuer Verfahren zur automa- tisierten Isolation und Quantifizierung von DNA aus anspruchsvollem Spurenma- terial mit Maxwell 16 und Quantifluor**

Medizinische Hochschule Hannover  
Carl-Neuberg-Straße  
„Lehrraum 28“ Gebäude J6, 1. OG

*Max. 18 Teilnehmer*



**Freitag, 24. Februar 2012**  
09:30 - 12:00 Uhr

### **Vortest – Färben - Scannen – Isolieren**

Medizinische Hochschule  
Hannover  
Carl-Neuberg-Straße  
Lehrraum 31 Gebäude J6, 1. OG

*Max. 15 Teilnehmer*



**Freitag, 24. Februar 2012**  
09:30 - 12:00 Uhr

### **Brunch Seminar**

Medizinische Hochschule  
Hannover  
Carl-Neuberg-Straße  
Lehrraum 30 Gebäude J6, 1. OG

*Max. 50 Teilnehmer*



**Freitag, 24. Februar 2012**  
09:30 - 12:00 Uhr

### **Anwendertreffen**

Medizinische Hochschule  
Hannover  
Carl-Neuberg-Straße  
„Diätspeisesaal“ Mensa MHH

*Ohne Teilnehmerbegrenzung*

## Willkommen in Hannover

Sehr geehrte Damen und Herren,  
liebe Kolleginnen und Kollegen,

herzlich willkommen zum 32. Spurenworkshop der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin!

Es ist für die Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter des Instituts für Rechtsmedizin der MHH eine große Freude und Ehre, diese traditionsreiche Veranstaltung zum nunmehr dritten Mal in Verbindung mit der Spurenkommission der DGRM ausrichten zu dürfen.

Die forensische Spurenkunde hat sich in den letzten 32 Jahren rapide entwickelt. Diese Entwicklung wird auch durch den Spurenworkshop selbst reflektiert, der von einer eher familiären Veranstaltung mit wenigen Dutzend Teilnehmern zu einer Tagung mit mehr als 400 Teilnehmern "mutiert" ist.

Auf Ihre Teilnahme freuen wir uns sehr und danken insbesondere den Vortragenden für Ihren Einsatz. Wir wünschen Ihnen einen regen wissenschaftlichen Austausch und eine gute Zeit in Hannover

Michael Klintschar

Thomas Rothämel

*im Namen der Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter des Instituts für Rechtsmedizin der Medizinischen Hochschule Hannover*

**Institut für Rechtsmedizin  
Medizinische Hochschule Hannover**

Carl-Neuberg-Str.1  
30625 Hannover  
Tel.: 0511/532 4570  
Fax: 0511/532 5635

Freitag, 24.02.2012

Zeit	Grußworte
14:00 Uhr	<p><b>Prof. Dr. med. Michael Klintschar</b> Direktor des Instituts für Rechtsmedizin in Hannover</p> <p><b>Manfred Wendt</b> Leitender Oberstaatsanwalt der Staatsanwaltschaft Hannover</p> <p><b>Uwe Kolmey</b> Präsident des Landeskriminalamtes Niedersachsen</p> <p><b>Prof. Dr. med. Dr. h.c. Stefan Pollak</b> Präsident der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin</p> <p><b>Prof. Dr. rer. nat. Peter Schneider</b> Vorsitzender der Spurenkommission der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin</p>
<b>Wissenschaftliches Programm</b>	
14:30 Uhr	<p><b>Eine Multiplex PCR zur Bestimmung von 15 Cannabis STRs</b> Köhnemann S<sup>1</sup>, Nedele, J<sup>1</sup>, Morzfeld J<sup>2</sup>, Pfeiffer H<sup>1</sup>  <sup>1</sup>Institut für Rechtsmedizin Münster, Münster, Deutschland  <sup>2</sup>Bundeskriminalamt, Wiesbaden, Deutschland</p>
14:42 Uhr	<p><b>Molekulargenetische Identifizierung von Cannabis aus unbekanntem Probenmaterial</b> Scheiper S<sup>1</sup>, Köhnemann S<sup>1</sup>, Morzfeld J<sup>2</sup>, Appel O<sup>3</sup>, Pfeiffer H<sup>1</sup>, Staginnus C<sup>4</sup>  <sup>1</sup>Institut für Rechtsmedizin Münster, Münster, Deutschland  <sup>2</sup>Bundeskriminalamt, Wiesbaden, Deutschland  <sup>3</sup>Landeskriminalamt Hamburg, Hamburg, Deutschland  <sup>4</sup>Landeskriminalamt Rheinland-Pfalz, Mainz, Deutschland</p>
14:54 Uhr	<p><b>Pilotstudie zur COX I mtDNA Variation von Caliphoridae Spezies in Deutschland und Spanien</b> Maite GilArriortua<sup>1,2</sup>, Petra Babucke<sup>3</sup>, Marta I. Saloña Bordas<sup>1</sup>, Stephan Köhnemann<sup>3</sup>, Marian M. de Pancorbo<sup>2</sup>, Heidi Pfeiffer<sup>3</sup>  <sup>1</sup>Dpto. de Zoología y Biología Celular Animal. Facultad de Ciencia y Tecnología. Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU), Bilbao, Spain; <sup>2</sup>BIOMICs Research Group. Universidad del País Vasco/ Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU), CIEA, Vitoria-Gasteiz, Spain; <sup>3</sup>Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Münster</p>
15:06 Uhr	<p><b>Einzelschuppenanalyse in der Spurenfallearbeit</b> Lina Winkler<sup>1,2</sup>, Ate Kloosterman<sup>2</sup>, Carsten Hohoff<sup>1</sup>, Bernd Brinkmann<sup>1</sup>  <sup>1</sup>Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster  <sup>2</sup>Nederlands Forensisch Instituut (NFI), Leerstoel Forensische Biologie, Instituut voor Biodiversiteit en EcosysteemDynamica, Universiteit van Amsterdam</p>
15:18 Uhr	<p><b>Wann ist man ein Mann?</b> <b>Grenzen der forensischen Geschlechtsbestimmung mittels Amelogenin</b> Beatrice Strohbücker<sup>1,2</sup>, Carsten Hohoff<sup>2</sup>, Bernd Brinkmann<sup>2</sup>  <sup>1</sup>Unit Forensic Science, Department Life Sciences and Technology, University of Applied Science van Hall Larenstein and NHL University of Applied Science, Leeuwarden  <sup>2</sup>Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster</p>

**Freitag, 25.02.2012**

Zeit	Vortrag
15:30 Uhr	<b>Kaffeepause</b>
16:00 Uhr	<p><b>Vorgangs- und Fallmanagement in einem Landeskriminalamt – Ein Praxisbericht</b>                      Frank Götz<sup>1</sup>, Rainer Hermann<sup>2</sup>  <sup>1</sup>Qualitytype AG, Dresden  <sup>2</sup>Landeskriminalamt Niedersachsen, Hannover</p>
16:12 Uhr	<p><b>Neuentwicklungen zur schnellen Amplifikation von Datenbankproben</b>                      Gottfried Weichhold, *Nicola Oldroyd, Julio Mulero and *Lori Hennessy                      Life Technologies GmbH, Darmstadt                      *Life Technologies, Foster City, USA</p>
16:24 Uhr	<p><b>Entwicklung von molekulargenetischen Analysesystemen zur Rekonstruktion von Pigmentierungsmerkmalen</b>                      Christopher Phillips<sup>1</sup>, Jens Söchtig<sup>1</sup>, Yarimar Ruiz<sup>1</sup>, Olalla Maroñas<sup>1</sup>, Antonio Gomez-Tato<sup>2</sup>, Jose Alvarez-Dios<sup>2</sup>, María Casares de Cal<sup>2</sup>, Susanne Hummel<sup>3</sup>, Verena Seidenberg<sup>3</sup>, Raquel Cruz<sup>4</sup>, Maria J Rodriguez-Cid<sup>5</sup>, Manuel Fondevila<sup>1</sup>, Kristian Reich<sup>6</sup>, Rotraut Mößner<sup>7</sup>, Ángel Carracedo<sup>1,4</sup>, María V Lareu<sup>1</sup>  <sup>1</sup>Luis Concheiro, Institut für Forensische Wissenschaften, Universität Santiago de Compostela  <sup>2</sup>Fakultät für Mathematik, Universität Santiago de Compostela, Spanien  <sup>3</sup>Johann Friedrich Blumenbach, Institut für Zoologie und Anthropologie, Universität Göttingen  <sup>4</sup>Arbeitsgruppe Medizinische Genomik CIBERER, Universität Santiago de Compostela, Spanien  <sup>5</sup>Augenklinik, Universitätskrankenhaus Santiago de Compostela, Spanien  <sup>6</sup>Dermatologikum Hamburg, Hamburg  <sup>7</sup>Klinik für Dermatologie, Venerologie und Allergologie, Universitätsmedizin Göttingen</p>
16:36 Uhr	<p><b>Fixierung von Zellen zur Analyse mittels Laser-Mikrodissektion</b>  <b>Vergleichende Untersuchungen an forensischem Spurenmaterial</b>                      Fischer E.J.<sup>1,3</sup>, Laberke P.J.<sup>2</sup>, Kübler E.<sup>3</sup>, Balitzki B.<sup>1</sup>  <sup>1</sup>Institut für Rechtsmedizin, Universität Basel, Basel  <sup>2</sup>Institut für Rechtsmedizin, Kantonsspital St. Gallen, St. Gallen  <sup>3</sup>Fachhochschule Nordwestschweiz, Hochschule für Life Sciences, Muttenz</p>
16:48 Uhr	<p><b>Identifizierung von Körperflüssigkeiten: Nachweis forensisch relevanter Markerproteine mittels real-time immuno-PCR</b>                      Daniel Kazdal, Klaus Bender                      Institut für Rechtsmedizin Mainz, Johannes Gutenberg-Universität Mainz</p>
17:00 Uhr	<p><b>Multiplex aus 22 Insertions/Deletionspolymorphismen zur Vorhersage der biogeografischen Herkunft unbekannter Spurenleger</b>                      Daniel Zaumsegel, Markus A. Rothschild, Peter M. Schneider                      Institut für Rechtsmedizin, Universität Köln</p>
17:12-18:45 Uhr	<p><b>Ergebnisse der GEDNAP-Ringversuche 42 und 43</b>                      Carsten Hohoff<sup>1</sup>, Katrin Schnöink<sup>1</sup> und Bernd Brinkmann<sup>1</sup>  <sup>1</sup>Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster</p>

Einlass 19:00 Uhr **Abendveranstaltung** in der Mensa der MHH mit der **Original MHH Live Band**

**Samstag, 25.02.2012**

Zeit	Vortrag
09:30 Uhr	<b>Datenbank zum Vergleich von DNA-Profilen gegen Labormitarbeiter</b> Dumitru Lupanciuc, Michael Jung bj-diagnostik GmbH, Göttingen
09:42 Uhr	<b>Sampletype i-sep® DL - Eine Neuentwicklung für die Probenaufbereitung in der Forensik</b> Dr. Helge Schnerr Biotype Diagnostic GmbH, Dresden
09:54 Uhr	<b>Multidisciplinary analysis of ancient skeletal remains and the transfer of experience to the forensic case work</b> Vaneek D. <sup>1,2</sup> <sup>1</sup> Forensic DNA Service, Prague, Czech Republic <sup>2</sup> CharlesUniversity in Prague, 2 <sup>nd</sup> Faculty of Medicine, Prague, Czech Republic
10:06 Uhr	<b>EVALUIERUNG DES PROTOTYPS „POWERPLEX® Y 23 SYSTEM“ DER PROMEGA GMBH</b> Purps J*, Nagy M, Roewer L *Abteilung Forensische Genetik, Institut für Rechtsmedizin und forensische Wissenschaften, Charité-Universitätsmedizin Berlin
10:18 Uhr	<b>Prozessoptimierung bei der Gutachtenerstellung mit Hilfe des Programms "TCol"</b> J. Heyder <sup>1</sup> , S. Aehle <sup>2</sup> , M. Tschoche <sup>2</sup> , K. Anslinger <sup>1</sup> <sup>1</sup> Institut für Rechtsmedizin, Ludwig-Maximilians-Universität München <sup>2</sup> Universität der Bundeswehr München
10:30 Uhr	<b>Thanatopraktische Behandlung von Fäulnis- und Wasserleichen zur Verbesserung der Qualität von Fingerabdrücken</b> Gahr B <sup>1</sup> , Drewitz M <sup>2</sup> , Vöth R <sup>3</sup> , Ritz-Timme S <sup>1</sup> <sup>1</sup> Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Düsseldorf <sup>2</sup> Landeskriminalamt NRW, SG 31.5/ Operative Fallanalyse <sup>3</sup> Transrep International GmbH, Frankfurt/Main
10:42 Uhr	<b>Das Ende von Luminol? (Blutspurensuchlösungen)</b> Stephanie Kaspari Coloprint GmbH, Düsseldorf
10:54 Uhr	<b>Kaffeepause</b>
11:30 Uhr	<b>Investigator Quantiplex HYres – Wie eine neue Methode zur Bestimmung der DNA Konzentration die STR Analyse verbessern kann: Mehr als nur DNA Quantifizierung</b> Di Pasquale F., Cornelius S., König M., Bochmann L., Prochnow A., Engel H. QIAGEN GmbH, Hilden, Germany
11:42 Uhr	<b>Investigator ESSplex SE Plus – Schnelle, sensitive und robuste Amplifikation der 17 Marker des Europäischen Standardsatzes plus SE33</b> Müller D., Fischer C., Pakulla S., Bochmann L., Prochnow A., Scherer M. QIAGEN GmbH, Hilden, Germany

Samstag, 25.02.2012

Zeit	Vortrag
11:54 Uhr	<b>Next Generation Forensic DNA Instrumentation Solutions from Hamilton Robotics</b> Laurent Baron Hamilton Bonaduz AG, Via Crusch 8, CH-7402 Bonaduz GR, Switzerland
12:06 Uhr	<b>Biologische Spuren im Waffenlauf – Modell und Wirklichkeit</b> C. Courts, C. Schyma, B. Madea Institut für Rechtsmedizin, Universität Bonn
12:18 Uhr	<b>Der forensische Ejakulatnachweis im Spiegel der Geschichte</b> K. Albrecht <sup>1,2</sup> , S. Ückert <sup>2</sup> , M. Klintschar <sup>1</sup> <sup>1</sup> Institut für Rechtsmedizin, Medizinische Hochschule Hannover <sup>2</sup> Klinik für Urologie, Medizinische Hochschule Hannover
12:30 Uhr	<b>Application of the SPERM HY-LITER™ Kit: Immunohistochemical detection of human sperm in <i>post-mortem</i> forensic samples.</b> Alexander Kurz <sup>1</sup> , Christine Elbert <sup>1</sup> , Ulrike Schacker <sup>2</sup> , Barbara Siebertz <sup>2</sup> , Richard Zehner <sup>1</sup> <sup>1</sup> Institute of Forensic Medicine, Goethe-University Frankfurt, Frankfurt, Germany <sup>2</sup> Galantos Genetics GmbH, Mainz, Germany.
12:42 Uhr	<b>Biss durch die Zeltwand</b> Naue, J. <sup>1,2</sup> , Lutz-Bonengel, S. <sup>1</sup> , Pietsch, K. <sup>3</sup> , Säger, T. <sup>1</sup> , Schlauderer, N. <sup>1</sup> , Schmidt, U. <sup>1</sup> <sup>1</sup> Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Freiburg <sup>2</sup> Fakultät für Biologie, Universität Freiburg <sup>3</sup> Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt Freiburg
12:54 Uhr	<b>Schlussworte</b>
13:00 Uhr	<b>Abschiedsimbiss</b>

Poster

**Interdisciplinary investigation of documents: A protocol for interdisciplinary investigation and a case study for DNA and fingerprints**

Kokshoorn, B., Koomen, L.H.J. & Kloosterman, A.D.

Afdeling Humane Biologische Sporen, Nederlands Forensisch Instituut (NFI), Den Haag

## **Eine Multiplex PCR zur Bestimmung von 15 Cannabis STRs**

Köhnemann S<sup>1</sup>, Nedele, J<sup>1</sup>, Morzfeld J<sup>2</sup>, Pfeiffer H.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut für Rechtsmedizin Münster, Münster, Deutschland

<sup>2</sup> Bundeskriminalamt, Wiesbaden, Deutschland

Die Hanfpflanze (*Cannabis sativa*) beschäftigt die deutschen Ermittlungsbehörden schon seit den 30er Jahren des 20. Jahrhunderts.

Mit dem Ziel, eine Methode zur molekulargenetischen Unterscheidung von Cannabispflanzen zu entwickeln, wurde eine Multiplex-PCR für 15 Cannabis-STRs etabliert. Durch die Analyse unterschiedlicher Cannabispflanzen soll festgestellt werden, ob sich Klone und Abkömmlinge einer Cannabis-Mutterpflanze identifizieren lassen. Diese Informationen könnten hilfreich sein, um zum Beispiel strafrechtlich relevante Cannabispflanzen einem Tatort zuzuordnen.

Das entwickelte Multiplex-PCR-Verfahren und dessen Validierungsstudien werden vorgestellt.



## Molekulargenetische Identifizierung von Cannabis aus unbekanntem Probenmaterial

Scheiper S<sup>1</sup>, Köhnemann S<sup>1</sup>, Morzfeld J<sup>2</sup>, Appel O<sup>3</sup>, Pfeiffer H<sup>1</sup>, Staginnus C.<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Institut für Rechtsmedizin Münster, Münster, Deutschland

<sup>2</sup> Bundeskriminalamt, Wiesbaden, Deutschland

<sup>3</sup> Landeskriminalamt Hamburg, Hamburg, Deutschland

<sup>4</sup> Landeskriminalamt Rheinland-Pfalz, Mainz, Deutschland

Die molekulargenetische Identifizierung von Cannabis stellt ein relativ neues Arbeitsgebiet für forensische Laboratorien in Deutschland dar.

Um die bestehenden Untersuchungsverfahren zur Diskriminierung von Cannabis zu validieren, haben sich Wissenschaftler des BKA Wiesbaden, LKA Rheinland Pfalz, LKA Hamburg und der Rechtsmedizin Münster zur Arbeitsgruppe „The Hemp Collaboration (THC)“ zusammengeschlossen. In einer Pilotstudie wurde unbekanntes Probenmaterial von Pflanzen an zwei forensische Laboratorien parallel verschickt und unter den folgenden Fragestellungen untersucht:

1. Können Pflanzen der Gattung Cannabis von anderen Pflanzengattungen molekulargenetisch unterschieden werden?
2. Können unterschiedliche Cannabis-Pflanzen molekulargenetisch unterschieden werden?
3. Kommen die beiden Labore zu vergleichbaren Ergebnissen?

Die Ergebnisse der Pilotstudie werden in diesem Vortrag präsentiert.

## Pilotstudie zur COX I mtDNA Variation von Calliphoridae Spezies in Deutschland und Spanien

Maite GilArriortua <sup>1,2</sup>, Petra Babucke <sup>3</sup>, Marta I. Saloña Bordas <sup>1</sup>, Stephan Köhnemann <sup>3</sup>, Marian M. de Pancorbo <sup>2</sup>, Heidi Pfeiffer <sup>3</sup>.

<sup>1</sup> Dpto. de Zoología y Biología Celular Animal. Facultad de Ciencia y Tecnología. Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU), Bilbao, Spain

<sup>2</sup> BIOMICs Research Group. Universidad del País Vasco/ Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU), CIEA, Vitoria-Gasteiz, Spain

<sup>3</sup> Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Münster, Münster, Deutschland

Die forensische Entomologie wendet die Kenntnisse über die Struktur und Dynamik von Insektengemeinschaften an, um zum Beispiel das post mortem Intervall zu bestimmen. Eine eindeutige morphologische Identifikation bestimmter Insektenarten ist nicht immer möglich, daher stellt die DNA-Analyse eine gute Alternative zur morphologischen Analyse dar.

Das Ziel dieser Pilotstudie ist es Cytochrom Oxidase I (COX I) Variationen der mitochondriale DNA (mtDNA) von Schmeißfliegenpopulationen (*Calliphoridae*) in Deutschland und Spanien zu ermitteln.

Die molekulare Analyse wurde für ein 654 mer langes COX I-Fragment der mtDNA mittels Sanger-Sequenzierung durchgeführt. Es wurden ca. 350 Proben aus Spanien, Raum Baskenland, und 50 Proben aus Deutschland, Raum Münsterland, analysiert. Insgesamt wurden sieben Arten der Familie Calliphoridae erfasst: *Calliphora vicina*, *Calliphora vomitoria*, *Chrysomya albiceps*, *Lucilia sericata*, *Lucilia caesar*, *Lucilia ampullacea* und *Lucilia illustris*.

---

This work was supported by the Basque Government and the University of the Basque Country (UPV/EHU): SA-2011/00133, SA-2010/00078, AE-2011-1-1

## **Einzelschuppenanalyse in der Spurenfallarbeit**

Lina Winkler<sup>1,2</sup>, Ate Kloosterman<sup>2</sup>, Carsten Hohoff<sup>1</sup>, Bernd Brinkmann<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster

<sup>2</sup> Nederlands Forensisch Instituut (NFI), Leerstoel Forensische Biologie, Instituut voor Biodiversiteit en EcosysteemDynamica, Universiteit van Amsterdam

Lange Zeit ging man davon aus, dass eine einzelne Hautschuppe keine typisierbare Zellkern-DNA enthält. In der forensischen Praxis ist das Sammeln von Klopfgut aus Bekleidungsgegenständen und von Einzelhautschuppen auf Mikrospurenfolien etabliert. Die Analyse menschlicher Zellkern-DNA aus einer Einzelschuppe bietet die Möglichkeit, das Auftreten von DNA-Mischspuren zu vermeiden.

Im Rahmen dieses Beitrags sollen die Möglichkeiten und Grenzen einer Einzelschuppenanalyse skizziert werden.

Die Hautschuppen wurden z.B. aus getragenen Bekleidungsgegenständen gewonnen und mit Hilfe eines Stereomikroskops vereinzelt. Verschiedene DNA-Extraktionsmethoden wurden anschließend vergleichend angewendet. Der Zusatz von Tensiden während der DNA-Extraktion und ihr Einfluss auf das Ergebnis der STR-Analyse wurden des Weiteren getestet. Die Quantifizierung der extrahierten menschlichen Zellkern-DNA erfolgte mittels quantitativer real-time PCR.

Die ersten Erkenntnisse dieser Studie werden vorgestellt, diskutiert und anhand von praxisbezogenen Beispielen präsentiert.

## **Wann ist man ein Mann?**

### **Grenzen der forensischen Geschlechtsbestimmung mittels Amelogenin**

Beatrice Strohbücker<sup>1,2</sup>, Carsten Hohoff<sup>2</sup>, Bernd Brinkmann<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Unit Forensic Science, Department Life Sciences and Technology, University of Applied Science van Hall Larenstein and NHL University of Applied Science, Leeuwarden

<sup>2</sup>Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster

Zur forensischen Geschlechtsbestimmung wird routinemäßig ein Dimorphismus im Amelogenin-Gen untersucht. In über 10000 Proben, die in den vergangenen zwei Jahren im IFG untersucht wurden, fanden sich fünf Proben mit einer Diskrepanz hinsichtlich der Geschlechtsangabe im Untersuchungsantrag und dem Amelogenin-Befund: in den fünf als männlich bezeichneten Referenz-Proben wurde kein AML-Y dargestellt. Mittels hochauflösender Y-STR-Typisierung wurde geprüft, ob Y-STRs nachweisbar sind. Interessanterweise wiesen drei Proben einen Ausfall derselben vier Y-STRs auf (DYS576, DYS481, DYS570 und DYS458).

Im Rahmen dieses Vortrags werden unterschiedliche Erklärungsansätze unter besonderer Berücksichtigung der chromosomalen Lokalisierung der Y-STRs diskutiert.

## Vorgangs- und Fallmanagement in einem Landeskriminalamt – Ein Praxisbericht

Frank Götz<sup>1</sup>, Rainer Hermann<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Qualitytype AG, Moritzburger Weg 67, 01109 Dresden

<sup>2</sup>Landeskriminalamt Niedersachsen, Schützenstraße 25, 30161 Hannover

Kriminaltechnische Institute stehen heute vor der Herausforderung, immer größere Fallzahlen bei stets steigenden Qualitätsansprüchen zu bearbeiten.

Um diesen Anforderungen gerecht zu werden, führte das Landeskriminalamt Niedersachsen 2010 ein neues abteilungsübergreifendes System zur Bearbeitung aller Tatvorgänge sowie der Asservatenverwaltung ein. Zusätzlich wurden Managementsysteme für Kernbereiche wie beispielsweise DNA-Analyse, Daktyloskopie und Formspuren eingeführt.

Die Herausforderungen und Probleme bei der Entwicklung dieses Projektes sowie die eigentliche Umsetzung sollen hierbei beschrieben werden. Des Weiteren werden die entwickelten Lösungen, die neu definierten Arbeitsprozesse und die Erfahrungen nach einem Jahr der praktischen Erprobung dargestellt.

## Neuentwicklungen zur schnellen Amplifikation von Datenbankproben

Gottfried Weichhold, \*Nicola Oldroyd, Julio Mulero and \*Lori Hennessy

Life Technologies GmbH, Frankfurter Str. 129 B, 64293 Darmstadt, Germany

\*Life Technologies, 850 Lincoln Centre Dr., Foster City, CA 94404, USA

Forensische DNA Datenbanken wurden in den letzten Jahren weltweit geschaffen oder erweitert. Auch in Europa wurden neue Datenbanken (z.B. Italien) gegründet und in 2011 mit der Analyse eines erweiterten Markersets begonnen. Die nationalen Datenbanken enthalten oft viele Hunderttausend oder gar mehrere Millionen Profile. Die Erfassung dieser Daten stellt hohe Ansprüche hinsichtlich Zuverlässigkeit und Effizienz an die Labore.

Life Technologies entwickelt seit vielen Jahren sehr erfolgreiche Produkte für die forensische DNA-Analyse. Jetzt wird eine Reihe neuer Produkte vorgestellt, die eine sichere und beschleunigte Untersuchung von Blut- oder Speichelproben ermöglichen. Gemeinsam mit der Firma Copan entwickelte, optimierte Probenahmesets für Blut- und Speichelproben (FLOQSwabs™, NUCLEICards™) vereinfachen die Probennahme und erhöhen die Ausbeute. Der Prep-n-Go™ Buffer setzt in wenigen Minuten ohne Erhitzen DNA vom Probenträger frei, die dann für eine direkte Amplifikation eingesetzt werden kann. Mit dem AmpFISTR® NGM SElect™ Express PCR Amplification Kit ist anschließend eine extrem schnelle Amplifikation bei gewohnt hoher Profil-Qualität möglich.

In dieser Präsentation wird die vereinfachte und beschleunigte Analyse von Datenbankproben mit dem neuartigen AmpFISTR® NGM SElect™ Express PCR Amplification Kit dargestellt. Es werden Ergebnisse aus der Validierung sowie von Routine-Proben aus Anwender-Laboren gezeigt.

## Entwicklung von molekulargenetischen Analysesystemen zur Rekonstruktion von Pigmentierungsmerkmalen

Christopher Phillips<sup>1</sup>, Jens Söchtig<sup>1,3</sup>, Yarimar Ruiz<sup>1</sup>, Olalla Maroñas<sup>1</sup>, Antonio Gomez-Tato<sup>2</sup>, Jose Alvarez-Dios<sup>2</sup>, María Casares de Cal<sup>2</sup>, Susanne Hummel<sup>3</sup>, Verena Seidenberg<sup>3</sup>, Raquel Cruz<sup>4</sup>, Maria J Rodriguez-Cid<sup>5</sup>, Manuel Fondevila<sup>1</sup>, Kristian Reich<sup>6</sup>, Rotraut Mößner<sup>7</sup>, Ángel Carracedo<sup>1,4</sup>, María V Lareu<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Luis Concheiro, Institut für Forensische Wissenschaften, Universität Santiago de Compostela

<sup>2</sup>Fakultät für Mathematik, Universität Santiago de Compostela, Spanien

<sup>3</sup>Johann Friedrich Blumenbach, Institut für Zoologie und Anthropologie, Universität Göttingen

<sup>4</sup>Arbeitsgruppe Medizinische Genomik CIBERER, Universität Santiago de Compostela, Spanien

<sup>5</sup>Augenklinik, Universitätskrankenhaus Santiago de Compostela, Spanien

<sup>6</sup>Dermatologikum Hamburg, Hamburg

<sup>7</sup>Klinik für Dermatologie, Venerologie und Allergologie, Universitätsmedizin Göttingen

Die Analyse tandem-repetitiver DNA-Sequenzen zu Identifizierungszwecken ist heute eines der wichtigsten Werkzeuge der molekulargenetischen Spurenkunde. Es gibt jedoch immer Fälle, in denen die DNA-Spur weder mit dem DNA-Profil des mutmaßlichen Spurenlegers, noch mit einem anderen Profil aus einer Datenbank übereinstimmt. Im Hinblick auf eine Personenkreisbegrenzung könnten forensische Ermittlungen zukünftig davon profitieren, wenn mit genetischen Analysemethoden Kenntnisse über das äußere Erscheinungsbild einer unbekannt Person gewonnen werden könnten. Gegenwärtig ist diese Technologie noch nicht ausgereift, wobei der Forschungsschwerpunkt auf der Bestimmung der biogeographischen Herkunft und der Augen-, Haar- und Hautfarbe liegt.

Das hier vorgestellte Projekt behandelt die Anwendungsmöglichkeiten einer DNA-basierten Rekonstruktion der individuellen Pigmentierung im Kontext forensischer Untersuchungen. Hierfür wurden Methoden zur Typisierung von Einzelnukleotid-Polymorphismen (engl. *Single Nucleotide Polymorphism*, abgek. SNPs) in mit der Pigmentierung assoziierten Genen entwickelt. Die Multiplex-Assays wurden benutzt, um die Sensitivität bei der Untersuchung von Spurenmaterial und die statistische Aussagekraft verschiedener SNP-Markersysteme in mehreren europäischen Populationsgruppen zu untersuchen. Zur Ermittlung von Genotyp-Phänotyp-Korrelationen wurden Model-basierte Cluster Algorithmen (*STRUCTURE*), diagnostische Tests (engl. *Receiver Operating Characteristic*) und Online-Klassifikatoren (*Snipper app suite*) verwendet.

Die Ergebnisse zeigen, dass blaue und braue Augen sowie roten Haare mit der für forensischen Analysen erforderlichen statistischen Signifikanz identifiziert werden. Dagegen erreicht die Rekonstruktion von komplexen Augenfarben oder blonden bis schwarzen Haaren bislang nicht dieses Sicherheitsniveau. Die Defizite könnten auf fehlende Markerabdeckung, Umwelteinflüsse und/ oder epigenetische Effekte zurückgeführt werden.

Doch obwohl die biologische Komplexität der Pigmentierungsmerkmale bis heute noch nicht endgültig verstanden ist, wird die Prädiktion dieser und weiterer phänotypischer Charakteristika zukünftig absehbar möglich sein.

## **Fixierung von Zellen zur Analyse mittels Laser-Mikrodissektion**

Vergleichende Untersuchungen an forensischem Spurenmaterial

Fischer E.J.<sup>1,3</sup>, Laberke P.J.<sup>2</sup>, Kübler E.<sup>3</sup>, Balitzki B.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut für Rechtsmedizin, Universität Basel, Basel

<sup>2</sup> Institut für Rechtsmedizin, Kantonsspital St. Gallen, St. Gallen

<sup>3</sup> Fachhochschule Nordwestschweiz, Hochschule für Life Sciences, Muttenz

Die Frage nach dem biologischen Ursprung einer Spur spielt bei kriminalistischen Ermittlungen oft eine entscheidende Rolle. Die erstellten DNA-Profile können jedoch keinen Aufschluss über den Zelltyp geben, da die analysierte Kern-DNA in allen Zellen identisch vorliegt. Die Lasermikrodissektion (LM) erlaubt die spezifische Separation einzelner selektierter Zielzellen aus komplex zusammengesetzten mikroskopischen Präparaten. Dazu wird das gewünschte Material mit einem UV-Laser aus seiner Umgebung ausgeschnitten und mit einem Laserpuls in ein PCR-Reaktionsgefäß katapultiert. Die mikroskopischen Präparate werden auf speziell beschichteten Objektträgern angefertigt. Es ist daher notwendig die in der Forensik bisher verwendeten Fixier- und Anfärbemethoden hinsichtlich ihrer Eignung für die Lasermikrodissektion zu überprüfen.

Für den Einsatz der LM in der forensischen Routine wurde daher eine Methode zur optimalen Fixierung und Färbung von Spermatozoen etabliert.

Dazu wurden die Spermienzahlen vor und nach verschiedenen Fixierungen und Färbungen miteinander verglichen. Abhängig von den verwendeten Objektträgern, Fixiermethoden und histologischen Färbungen, zeigten sich Unterschiede in der Anzahl der Spermatozoen im nativen und behandelten Präparat.

Die Fixierung mittels Fixations-Spray erwies sich als ungeeignetste Methode zur Vorbereitung von Präparaten für die LM bei gleichzeitiger Verwendung von beschichteten Objektträgern.



## **Identifizierung von Körperflüssigkeiten: Nachweis forensisch relevanter Markerproteine mittels real-time immuno-PCR**

Daniel Kazdal, Klaus Bender

Universitätsmedizin der Johannes Gutenberg-Universität Mainz  
Institut für Rechtsmedizin Mainz

Die Immuno-PCR ist eine alternative hochsensible Methode, die es ermöglicht unterschiedliche biologische Spuren anhand von Markerproteinen gewebe- bzw. zellspezifisch zu identifizieren. Die Immuno-PCR basiert auf der bekannten ELISA-Technik. Zur Signalverstärkung ist der Detektions-Antikörper im Gegensatz zum ELISA mit einem kurzen DNA-Strang gekoppelt und nicht mit einem Enzym. Dieser wird in einer PCR als Template verwendet. Der Nachweis dieser PCR-Produkte ist somit ein indirekter Beleg für das untersuchte Markerprotein. Mit Hilfe der Immuno-PCR ist es möglich die hohe Spezifität eines Immunoassays mit der exponentiellen Vermehrung der PCR zu kombinieren.

Unter Verwendung eines real time-PCR-Systems und TaqMan-Sonden bietet die Immuno-PCR weitere Möglichkeiten: Mehrere Marker können in einem Multiplex-Assay in nur einem Versuchsansatz simultan nachgewiesen werden. Dadurch kann limitiertes Probenmaterial effizient eingesetzt werden. Anhand von Eichgeraden oder durch eine relative Quantifizierung können die Mengen an nachgewiesenen Markerproteinen bestimmt werden. Dies kann die Interpretation von Mischspuren unterstützen.

Das Verfahren ist außerdem mit DNA- und mRNA-Analysen kombinierbar, so dass z.B. der Überstand aus der Probeninkubation für eine STR-Analyse verwendet werden kann. Mit einer geeigneten Methode, die es erlaubt Proteine, DNA und RNA aus derselben Probe zu isolieren, wäre zusätzlich ein mRNA Multiplex zum Bestätigen oder Erweitern des Assays möglich.

## **Multiplex aus 21 Insertions-/Deletionspolymorphismen zur Vorhersage der biogeografischen Herkunft unbekannter Spurenleger**

Zaumsegel, D., Rothschild, M. A., Schneider, P. M.

Institut für Rechtsmedizin, Uniklinik Köln, Melatengürtel 60/62, 50823 Köln

Insertions-/Deletionspolymorphismen (Indels) werden seit einigen Jahren als neue Markerklasse für die Forensische Genetik genutzt. Diese Marker verbinden die vorteilhaften genetischen Eigenschaften von Single Nucleotide Polymorphismen (SNPs), wie z. B. niedrige Mutationsrate, genetische Stabilität und kurze Amplikonlänge, mit den technischen Vorteilen der klassischen Short Tandem Repeat Marker (einfache Detektion mittels fluoreszenzmarkierter PCR und Kapillarelektrophorese).

Der hier präsentierte Multiplex-PCR-Assay wurde entwickelt, um die biogeografische Herkunft unbekannter Spurenleger vorherzusagen; die Marker sind hingegen nicht zur Diskriminierung und Identifizierung im Falle konkreter Tatverdächtiger geeignet. Es wurden 21 Indels mit ausreichenden Allelfrequenz-Unterschieden zwischen den großen kontinentalen Bevölkerungsgruppen (Afrika, Europa, Asien) ausgewählt und in einer Multiplex-PCR gemeinsam amplifiziert. Aufgrund der kurzen Fragmentlänge der Amplikons (50 – 200 bp) und der hohen Sensitivität (ca. 0,5 ng genomische DNA pro Ansatz) ist der Assay besonders zur Untersuchung von forensisch-genetischem Spurenmaterial geeignet.

Wir präsentieren labortechnische und forensische Validierungsdaten sowie die Ergebnisse einer populationsgenetischen Studie mit ca. 400 Proben aus Afrika, Europa, dem Nahen und Mittleren Osten, sowie Ost- und Südost-Asien, in welcher die Aussagekraft des Assays untersucht wurde.

## **Ergebnisse der GEDNAP-Ringversuche 42 und 43**

Carsten Hohoff<sup>1</sup>, Katrin Schnöink<sup>1</sup> und Bernd Brinkmann<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Forensische Genetik GmbH, Münster

Im Rahmen dieses Beitrags wird die Auswertung der von den GEDNAP-Teilnehmern eingereichten Ergebnisse und Originaldaten für die unterschiedlichen Module (Spurencharakterisierung, autosomale STRs, Y-STRs, X-STRs, Biostatistik und mtDNA) hinsichtlich der sechs Referenzproben, acht Spuren sowie der erstmalig versendeten Minimalspuren vorgestellt.

Ein Schwerpunkt liegt in der Darstellung von Fehlern und der Ermittlung ihrer Ursachen.

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

Im Anschluss werden den Teilnehmern die individuellen Auswertungsunterlagen ausgehändigt.

## **Datenbank zum Vergleich von DNA-Profilen gegen Labormitarbeiter**

Dumitru Lupanciu, Michael Jung

bj-diagnostik GmbH Hannah-Vogt-Str. 1, 37085 Göttingen, Germany

DNA-Profile von Kunden müssen mit den DNA-Profilen von Labormitarbeitern, und den Positivkontrollen des Labors abgeglichen werden. Für diese Arbeit haben wir eine Datenbank gestützte Software entwickelt. Der Vergleich basiert im wesentlichen auf einer batchweisen Orientierung, d.h. jeder batch von DNA-Profilen kann als batch in der Datenbank gespeichert werden. Jeder batch kann gegen die Mitarbeiter, gegen die Positivkontrollen oder gegen einen anderen batch verglichen werden.

Das Ergebnis des Vergleichs wird als half match und full match ausgegeben.

Darüber hinaus kann ein batch auch gegen DNA-Mischprofile aus Spurenanalysen verglichen werden, um Kontaminationen von Spuren durch Labormitarbeiter zu erkennen.

Die Software bietet die Möglichkeit eine user Hierarchie anzulegen.

In der Datenbank gespeicherte DNA-Profildaten können gesperrt oder auch gelöscht werden, wenn dies aus Datenschutzgründen geboten ist.

## **Samplotype i-sep® DL - Eine Neuentwicklung für die Probenaufbereitung in der Forensik**

Dr. Helge Schnerr

Biotype Diagnostic GmbH, Moritzburger Weg 67, 01109 Dresden

Nach Sexualdelikten müssen Mischspuren aus Sperma und anderen Körpersekreten (Vaginalsekret, Blut, Speichel) untersucht werden. Diese Untersuchungen stellen in der forensischen Praxis eine besondere Herausforderung dar. Um zu verhindern, dass das DNA-Profil des Opfers das des Täters überlagert, bedarf es der differentiellen Lyse, um den deutlichen Überschuss an weiblicher DNA effizient abzutrennen.

Samplotype **i-sep®** DL zur Isolierung von Nukleinsäuren beruht auf einem neuentwickelten Konzept, dass inkubieren und **separieren** in einem Reaktionsgefäß erlaubt. Die Röhrcchen sind mit einer reversibel abdichtenden Reaktionskammer zur schrittweisen Lyse mit anschließender Abtrennung der flüssigen Reaktionsprodukte ausgestattet. Wobei die Beschaffenheit der Membran die durch Lyse freigesetzte DNA passieren lässt, aber die intakten Spermienköpfe zurückhält. Dies ist die Voraussetzung für die Durchführung der differentielle Lyse in einem geschlossenen System ohne den Transfer des Spurenträgers, ohne Unsicherheiten über den Verbleib des Spermienpellets oder zusätzliche Pipettierschritte.

Die präsentierten Ergebnisse zeigen die schnelle und einfache sequentielle Präparation von DNA aus Mischproben, unter Verwendung der äußerst effiziente Lyse und Abtrennung über Zentrifugationssäulen selbst aus geringen Probenmengen.

## **Multidisciplinary analysis of ancient skeletal remains and the transfer of experience to the forensic case work**

Vanek D.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Forensic DNA Service, Prague, Czech Republic

<sup>2</sup> Charles University in Prague, 2nd Faculty of Medicine, Prague, Czech Republic

Historically the first DNA study of an ancient material was performed on the 140 year old museum specimen of quagga skin by sequencing 229 bp part of mitochondrial DNA. The results of the first aDNA analysis of the human origin appeared in 1985 when S.Paabo described his successful attempt to retrieve and analyse nuclear Alu repetitive sequence family DNA from a 2400 years old Egyptian mummy of a child. The invention of PCR boosted aDNA studies, but the majority of studies stick to the sequences of the mitochondrial genome and only a minority focuses on much more difficult studies of nuclear DNA. Last decade improvements in molecular-biological technologies helped to overcome some of the restricting problems that limited the scope of analysis mainly to the mitochondrial DNA that is abundant in the mammalian cells. Especially the transfer of improvements from the field of forensic genetics (inhibitor-free DNA extraction, multiplex PCR, short STR amplicons, qPCR) enabled to extend the testing also on the nuclear DNA, including Y-chromosome STR typing. Currently available techniques for ancient DNA analysis using the “forensic” procedures can be combined with the classical anthropological examination, advanced imaging and CT scanning techniques and isotope analysis to improve the quality of information retrieved from the ancient artefacts. Multidisciplinary approach to the examination of the ancient human remains can thus help to verify the results of DNA analysis and bring more precise interpretation of the findings. “Ancient” methodologies and procedures can be very useful in the forensic case work. The presenting author will also describe, as an example, the complex analysis of 700 years old skeletal remains found in an unusual grave.

## EVALUIERUNG DES PROTOTYPS „POWERPLEX® Y 23 SYSTEM“ DER PROMEGA GMBH

Purps J\*, Nagy M, Roewer L

Abteilung Forensische Genetik, Institut für Rechtsmedizin und forensische Wissenschaften, Charité-Universitätsmedizin Berlin

Short Tandem Repeat Marker auf dem Y-Chromosom (Y-STR) gewinnen in der forensischen Fallarbeit bei der Erstellung von Spurenprofilen sowie bei der Verwandtschaftsanalyse zunehmend an Bedeutung. Kommerziell erhältliche Multiplex-Kits erlauben die Analyse mehrerer verschiedener STR Loci in einer PCR-Reaktion und generieren so hochinformativ Haplotyp-Profile. Das jüngst entwickelte Y-STR Kit PowerPlex® Y 23 System der Firma Promega beinhaltet neben den bereits aus dem Kit AmpFLSTR® *Yfiler*<sup>TM</sup> (Applied Biosystems) bekannten 17 Loci sechs neue single-copy Y-STRs, die u. a bereits von Butler et al. 2006, Lim et al. 2007 und Rodig et al. 2008 publiziert worden sind. Dazu gehören DYS481, DYS533, DYS549, DYS643 und die zwei schnellmutierenden Systeme DYS570 und DYS576 (RM-YSTR) mit Mutationsraten von  $1,24 \times 10^{-2}$  bzw.  $1,43 \times 10^{-2}$  (Ballantyne et al. 2010). Die sechs neuen Systeme zeigen im Vergleich mit den meisten anderen Standard-Loci eine hohe Haplotyp-Diversität (0,72-0,90) und eine entsprechend erhöhte Diskriminationskapazität. Die Analyse des gesamten 23-loci Haplotyps lässt daher eine bessere Unterscheidung von patrilinearen Verwandten, auch solchen ersten Grades, erwarten. In meinen Arbeiten wurde der PowerPlex® 23 Y-STR Kit im Rahmen eines Beta-Tests auf seine Sensitivität, Mischspur-Performance und Praxis-tauglichkeit getestet. Der AmpFLSTR® *Yfiler*<sup>TM</sup> Kit diente als Referenz. Schwierige Kontaktsuren aus Sexualdelikten wurden in die Testung einbezogen. Die Ergebnisse zeigen im Vergleich zum Y-Filer eine höhere Empfindlichkeit sowie eine bessere Balance der Systeme. Bisher ineffizient amplifizierte Systeme wie DYS19 wurden durch neue Primer optimiert. Die Kombination aller bereits verwendeten mit den 6 neuen hochvariablen Loci folgt dem Prinzip der Systemerweiterung und ermöglicht die Verwendung bereits existierender Haplotyp-Datenbanken, deren Referenzproben um die neuen Loci erweitert werden können.

## **Thanatopraktische Behandlung von Fäulnis- und Wasserleichen zur Verbesserung der Qualität von Fingerabdrücken**

Gahr B<sup>1</sup>, Drewitz M<sup>2</sup>, Vöth R<sup>3</sup>, Ritz-Timme S<sup>1</sup>

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

<sup>2</sup> Landeskriminalamt NRW, SG 31.5/ Operative Fallanalyse

<sup>3</sup> Transrep International GmbH, Frankfurt/Main

Zur Identifizierung von Leichen werden auch in Zeiten immer neuer molekulargenetischer Möglichkeiten nach wie vor häufig Fingerabdrücke genutzt. Liegen allerdings bereits fortgeschrittene Leichenveränderungen vor, ist die Abnahme der Fingerabdrücke durch die Erweichung der Fingerbeeren/ Waschhautbildung im Rahmen der Fäulniserscheinungen und/oder z.B. der Folgen längerer Wasserliegezeit erheblich erschwert bzw. sogar unmöglich.

Thanatopraktische Verfahren ermöglichen bei Anwendung auf den gesamten Körper eine morphologische Rekonstruktion auch bei hochgradig postmortal veränderten Leichen u.a. dadurch, dass dem Gewebe Feuchtigkeit entzogen wird und seine ursprüngliche Spannung und sein Volumen annähernd wiederhergestellt werden. Daraus ergab sich die Frage, inwiefern thanatopraktische Verfahren die Verwendung von Fingerabdrücken zur Identifizierung auch bei fortgeschrittenen Leichenveränderungen ermöglichen und das bislang übliche, die Integrität der Leiche zerstörenden Verfahren der Fingerabdrucknahme in solchen Fällen ersetzen können.

Dieser Ansatz wird derzeit in interdisziplinärer Zusammenarbeit von Rechtsmedizin, Kriminalpolizei (Landeskriminalamt) und Thanatopraxie geprüft.

Die bisherigen Ergebnisse sind vielversprechend: Bereits nach etwa einer Stunde (im günstigen Fall bereits nach etwa 15 Minuten) war es in der Regel problemlos möglich, Abdrücke aller zuvor deutlich fäulnisveränderter Finger zu nehmen. Bis mindestens etwa fünf Stunden nach der Behandlung zeigte sich ein weitgehend unverändertes Bild. Auswertungen der Fingerabdruckbögen durch Sachverständige des Landeskriminalamtes zeigten, dass die so gewonnenen Fingerabdrücke sowohl für einfache Identifizierungszwecke, als auch für die Einstellung in das AFIS (Automatisiertes Fingerabdruckidentifizierungssystem) geeignet sind. Das Verfahren ließ sich nach Rekonstruktion auch bei teilweiser bis subtotaler Ablösung der Oberhaut erfolgreich anwenden.



## Das Ende von Luminol? (Blutspurensuchlösungen)

Stephanie Kaspari

Coloprint GmbH, Kappeler Straße 145, D-40599 Düsseldorf

Der Zwiespalt zwischen einer DNA-Sicherung und der Visualisierung von latenten Blutspuren ist allgegenwärtig. Die vielen unterschiedlichen und zu berücksichtigenden Faktoren und der hinreichend bekannte und wissenschaftlich belegte Aspekt, dass der Einsatz von Chemie immer einen negativen Einfluss auf die DNA hat, machen es zu einem komplexen und sehr sensiblen Thema.

Die gängigen Mittel wie Luminol oder Bluestar sind weltweit bekannt und seit vielen Jahren im Einsatz. Diese Mittel sind zwar effektiv, haben aber auch deutliche Nachteile. Bis dato ist es nicht gelungen ein möglichst DNA-schonendes Verfahren sowie eine ausreichende Leuchtdauer & Leuchtintensität zu vereinbaren.

Lösungen mit einem Hohen Wasserstoffperoxidanteil versprechen ein intensiv abstrahlendes Licht und eine ausreichend lange Leuchtdauer. Dies ist sowohl wichtig um eine mögliche Spur zu detektieren, als auch die Spur fototechnisch zu dokumentieren. Der hohe Anteil, von Wasserstoffperoxid (meist 3%+/-) birgt ein erhöhtes Risiko die DNA anzugreifen oder zu zerstören. Lösungen mit einem reduzierten Wasserstoffperoxidanteil (ca. 1% bei Luminol) haben den Nachteil, dass die Leuchtdauer deutlich verkürzt wird und auch die Lichtintensität zu wünschen übrig lässt. Wir sprechen hier von einer max. Leuchtdauer im Sekundenbereich (0,8 – 3 Sek.)

Eine Blutspurensuchlösung ist also demnach nichts Neues. Die Revolution hier liegt in der Weiterentwicklung des Produktes durch Umsetzungen von neu gewonnenen Erkenntnissen unter Berücksichtigung von oben genannten Faktoren.

Der Erfolg von LumiScene ist mit dem reduzierten Wasserstoffperoxidanteil zu begründen, der diese Lösung in aller erster Linie DNA-freundlicher macht.

Durch Zugabe von Fluorescein ist es zudem gelungen, eine Beeinträchtigung der Leuchtintensität auszuschließen. Mehr noch, wir bewegen uns hier in einem Lichtspektrum welches im Vergleich zu Luminol oder anderen Blutspurensuchlösungen, in dunkler Umgebung für das menschliche Auge 5-6 mal leichter zu erkennen ist.

Entwickelt wurde LumiScene von zwei niederländischen Kriminaltechnikern (Martin Eversdijk und René Geldermann).

Seit der Einführung 2009 verzeichnet LumiScene vielfache Erfolge.

## **Investigator Quantiplex HYres – Wie eine neue Methode zur Bestimmung der DNA Konzentration die STR Analyse verbessern kann: Mehr als nur DNA Quantifizierung**

Di Pasquale F., Cornelius S., König M., Bochmann L., Prochnow A., Engel H.

QIAGEN GmbH, Hilden, Germany

Typischerweise stellt die DNA Quantifizierung den ersten analytischen Arbeitsschritt in der forensischen Fallarbeit dar und sollte nicht nur als Prozessschritt zur Bestimmung der DNA Konzentration, sondern auch zur Qualitätssicherung verstanden werden.

QIAGEN präsentiert Daten des neuen Quantifizierungskits Investigator HYres Kit, das den männlichen DNA Anteil am humanen Gesamt-DNA-Anteil bestimmen kann. Das Kit basiert auf der „Fast Cycling“ PCR- sowie auf der Scorpion-Technologie, die eine DNA Quantifizierung in nur 51 Minuten auf dem Rotor-Gene Q ermöglicht. Somit stellt das Kit eine neue Lösung zur schnellen und akkuraten Konzentrationsbestimmung humaner und männlicher DNA für Referenzproben wie auch tatortrelevantem Spurenmaterial dar.

Darüber hinaus ist der Nachweis möglicher Inhibitoren durch eine ausbalancierte Interne Kontrolle gewährleistet, die wiederum keinen Einfluss auf das eigentliche Quantifizierungsergebnis nimmt. Die Ergebnisse zeigen, dass Investigator Quantiplex HYres eine sehr schnelle, sensitive und robuste DNA Quantifizierung ermöglicht, die eine verbesserte Korrelation zu den STR Ergebnissen im Vergleich zu anderen qPCR Methoden darstellt und dadurch zu einer reduzierten Anzahl an wiederholten Analysen, einem minimierten Arbeitsaufwand und einem effizienteren Arbeitsablauf im Labor führt.

## **Investigator ESSplex SE Plus – Schnelle, sensitive und robuste Amplifikation der 17 Marker des Europäischen Standardsatzes plus SE33**

Müller D., Fischer C., Pakulla S., Bochmann L., Prochnow A., Scherer M.

QIAGEN GmbH, Hilden, Germany

Forensische DNA-Labore stehen vor der Herausforderung, innerhalb kürzester Zeit Ergebnisse zur genetischen Identifizierung von tatortrelevanten Materialien zu erzielen. So wird neben entscheidenden Qualitätsparametern wie Empfindlichkeit und Robustheit, die Geschwindigkeit zunehmend zu einem wichtigen Parameter von STR-Analysen.

Aus diesem Grund entwickelt QIAGEN eine neue Produktfamilie, die sogenannte „Investigator Plus STR Kits“, die alle wichtigen Kriterien für eine schnelle und zuverlässige Analyse der anspruchsvollsten forensischen Proben erfüllen. Das Investigator ESSplex SE Plus Kit basiert auf der „Fast Cycling“ PCR-Technologie, die eine Standardamplifikation mit 30 Zyklen in ca. 90 Minuten ermöglicht. In Validierungsversuchen wurde mit diesem Protokoll ein gut ausbalanciertes, vollständiges Profil mit 100 pg Template- DNA erzielt. Selbst eine einzige genomische DNA-Kopie führte bei regulären Schwellenwerten in der Standardanalyse zu gut nachweisbaren Peakhöhen. Das Kit ist sehr robust gegenüber etwaigen PCR-Inhibitoren. Konzentrationen z. B. bis zu 200 ng/µl Huminsäure oder bis zu 1000 µM Hematin werden toleriert, sodass keine allelischen Dropouts in einem der 17 amplifizierten Genloki festgestellt wurden.

Die Ergebnisse zeigen, dass Investigator ESSplex SE Plus eine sehr schnelle, sensitive und robuste Amplifikation von 17 Genloki der Marker des europäischen Standardsatzes und SE33 ermöglicht. Dies führt zu einer reduzierten Anzahl an wiederholten Analysen, einem minimierten Arbeitsaufwand und einem effizienteren Arbeitsablauf im Labor.

## Next Generation Forensic DNA Instrumentation Solutions from Hamilton Robotics

Laurent Baron

Hamilton Bonaduz AG, Via Crusch 8, CH-7402 Bonaduz GR, Switzerland

Within all areas of forensic science, there is a constant need for new strategies and techniques - and development of matching instrumentation. The modern forensic DNA crime laboratory constantly seeks ways to reduce casework backlogs – and to rethink DNA sample preparation and analysis processing using instruments that are robust and performance-verified. Thus, it is crucial that this instrumentation be designed to not only meet the capacity and but also fit within the physical and technical support limitations of both small and large throughput forensic DNA laboratories. Hamilton robotic installations in crime labs worldwide are being used to address daily sample processing needs and relieve backlogs. These installations have enabled forensic scientists to develop improved solutions for DNA processing and to shorten the time leading to data analysis and reporting. Furthermore, the experience acquired through this large customer base has given Hamilton Robotics a unique expertise for both casework and reference sample processing and lead us to automate most vendor assays from DNA extraction to CE setup.

Therefore Hamilton Robotics is now proposing of range of dedicated solutions to Forensics DNA analysis.

### ID Starlet Workstation:

Fully automates entire suite of validated DNA preparation, quantitation, normalization/dilution and STR setup methods, supporting complete sample tracking with built-in flexibility to adapt to most existing laboratory workflow.

EasyPunch: Automated Hamilton FTA card puncher and liquid handling pipetting system with card cassette carriers, novel card gripper, and high resolution imaging and software system for a walk-away card punch and DNA sample processing solution.

AutoLys: New complete solution to fully automate the casework lysis process. Sample Lysis preparation has become a major bottleneck in Casework sample analysis. With new dedicated automation friendly sample tube with built-in spin column, a contamination free, fully automated process with complete sample tracking becomes possible.

## **Biologische Spuren im Waffenlauf – Modell und Wirklichkeit**

C. Courts<sup>1</sup>, C. Schyma<sup>1</sup>, B. Madea<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Rechtsmedizin, Universität Bonn

Spuren von Backspatter, die aus dem Lauf einer Feuerwaffe nach einem suizidalen oder homizidalen aufgesetzten Schuss gewonnen werden, können eine wertvolle Quelle forensischer Evidenz darstellen.

Eine systematische Untersuchung der Persistenz und Überdauerungsfähigkeit solcher Spuren, insbesondere von Opfer-DNA im Waffenlauf lag jedoch bisher nicht vor. Unser Ziel war, das Spurenaufkommen in realen Fällen aufgesetzter Schüsse zu quantifizieren und parallel ein Modell zu generieren, das vergleichbare Ergebnisse liefert und die beliebige und variable Reproduktion von Szenarien mit aufgesetztem Schuss gestattet.

Dazu wurden drei verschiedene Modelle generiert und evaluiert: ein Gelatinemodell, ein auf einer spongiösen Matrix basierendes Modell und ein Kopfmodell mit gelatinegefüllten Halbschalen aus Acryl. Die Performance der Modelle wurde verglichen mit den Ergebnissen der Untersuchung einer Reihe von 18 realen Fällen.

Die Probenahme erfolgte bei allen Fällen und Modellen, indem das innere des Waffenlaufs von der Mündung und der hinteren Öffnung aus jeweils nach dem ersten Kontaktschuss und nach einem weiteren in einen Kugelfang abgegebenen Schuss abgerieben wurde. Aus den Proben extrahierte DNA wurde quantifiziert und bis zu 20 verschiedene STR-Systeme wurden amplifiziert und analysiert.

Obwohl für die Modelle eine heterogene Verteilung der Erfolgsraten bei der STR-Profilierung resultierte, konnten bei allen Modellen vollständige STR-Profile selbst nach einem weiteren Schuß erzeugt werden. Auch bei den aus der realen Fallarbeit stammenden Fällen gelang eine zur Identifizierung ausreichende STR-Profilierung in rund 90 % der Fälle. Zudem zeigten Vergleiche, dass die Modellkonstruktionen Ausmaß und Verteilungswerte von Backspatter-Spuren im Waffenlauf, wie sie bei realen Fällen auftreten, sogar unterschätzten.

In dieser Studie zeigen wir erstmalig und systematisch, dass die Gewinnung STR-typisierbarer Opfer-DNA aus Blutspuren im Waffenlauf möglich und selbst nach der physikalischen Beanspruchung durch einen Nachschuss nicht ausgeschlossen ist.

# Der forensische Ejakulatnachweis im Spiegel der Geschichte

K. Albrecht<sup>1,2</sup>, S. Ückert<sup>2</sup>, M. Klintschar<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Rechtsmedizin, Medizinische Hochschule Hannover

<sup>2</sup>Klinik für Urologie, Medizinische Hochschule Hannover

## Einleitung:

Der Nachweis humanen Ejakulats im Rahmen der forensischen Aufklärung von Sexualdelikten gehört zur rechtsmedizinischen Routinetätigkeit. In den vergangenen zwei Jahrhunderten wurden zahlreiche Methoden beschrieben, welche unabhängig vom lichtmikroskopischen Nachweis der Spermatozoen, versucht haben seminales Plasma zu verifizieren. Diese Verfahren reichen von der Erkennung des Geruchs und der äußeren Beschreibung eines verdächtigen Fleckes, über einfache chemische Reaktionen, wie der Ausfällung von Kristallen oder dem biochemischen Nachweis der sauren Phosphatase, bis hin zur Detektion des prostataspezifischen Antigens (PSA).

## Methodik:

In der Präsentation wird ein Rückblick über die Entwicklung verschiedener forensischer Nachweismethoden von Ejakulat und seinen Inhaltsstoffen gegeben und anhand von historischen Beispielen verdeutlicht.

## Ergebnisse:

Frühe historische Abhandlungen beschrieben insbesondere augenscheinliche Veränderungen vermeintlicher Ejakulatspuren auf unterschiedlichen Materialien, nach mechanischer Aufarbeitung und insbesondere die chemische Reaktion zwischen verdächtigen Spuren und verschiedenen Reagenzien. Vor Beginn des 20. Jahrhunderts etablierte sich beispielgebend die sog. „Florence-Reaktion“, bei der das Spurenmaterial mit konzentrierter Jod-Jodkalilösung beträufelt wurde. Infolge bildeten sich nadelartige Kristalle. Uhlenhuth, welcher die nach ihm benannte Methode einer Präzipitinreaktion zur Differenzierung von Blutproben im Jahr 1901 veröffentlichte, experimentierte gleichsam mit Antisera gegen Spermproteine. 1929 stellte der Franzose Simonin als orientierende Voruntersuchung seine Methode zur Betrachtung eines verdächtigen Samenfleckes unter UV-Licht vor. Puranen berichtete im Jahr 1936 über eine Ausfällungsmethode unter Zusatz von Naphtolgelbsatz, bei sich Sperminkristalle mit schwalbenschwanzähnlichen Einschnitten an den Schmalseiten dieser Gebilde darstellen würden. Der andrologische Ansatz zur Untersuchung des seminalen Plasmas fällt in die 1930' er Jahre und beschrieb den biochemischen Nachweis der in der Prostata synthetisierten sauren Phosphatase. Versuchsreihen erfolgten insbesondere an Ejakulatproben von Männern mit zuvor diagnostizierter Azoospermie. Kaye quantifizierte erstmals die Präsenz der sauren Phosphatase auf Stoffproben und sah eine Aktivität von 25IU/1m<sup>2</sup> als beweisend an. Ende der sechziger Jahre beschrieb der Franzose Farriaux eine Identifizierungsmethode von seminaler Flüssigkeit durch den Nachweis der X-Fraktion der Lactatdehydrogenase (LDH-X). Im Jahr 2002 präsentierte Sato den sog. „SMITEST“ (PSA-card) zur Verifizierung des prostataspezifischen Antigens. In verschiedenen Schriften wurde zudem auf die Möglichkeit des Nachweises selektiver Spurenelemente hingewiesen. Stellvertretend sei das prostatasche Sekretionsprodukt Zink erwähnt.

## Schlussfolgerungen:

Der analytische Nachweis humaner Ejakulatspuren gehört zum Tätigkeitsspektrum der forensischen Medizin. In den vergangenen zwei Jahrhunderten wurden zahlreiche Methoden beschrieben um fragliche Spermaspuren als solche zu bestätigen. Als sicherer Beweis dient jedoch heute wie in früherer Zeit der mikroskopische Nachweis von Spermatozoen.

---

PD Dr. med. Knut Albrecht, Institut für Rechtsmedizin, Medizinische Hochschule Hannover, Carl-Neuberg-Straße 1, D-30625 Hannover, Tel.: 0511/ 532-4570, Mail: albrecht.knut @mh-hannover.de

## **Application of the SPERM HY-LITER™ Kit: Immunohistochemical detection of human sperm in *post-mortem* forensic samples.**

Alexander Kurz<sup>1</sup>, Christine Elbert<sup>1</sup>, Ulrike Schacker<sup>2</sup>, Barbara Siebertz<sup>2</sup>, Richard Zehner<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institute of Forensic Medicine, Goethe-University Frankfurt, Frankfurt, Germany;

<sup>2</sup> Galantos Genetics GmbH, Mainz, Germany.

An important evidence of sexual assault (SAE) is the detection of spermatozoa in forensic samples, confirming the ejaculation of sperm. Standard analyses of SAE forensic samples are based on classical histological techniques, e.g. staining with hematoxylin/eosin (H/E).

However, microscopic inspections of SAE forensic samples following these standard approaches have to face several difficulties. Histological staining methods are not sperm-specific and depend on the classical morphology of the sperm for a successful identification. Molecular processes which accompany progressive stages of decay result in cell morphology alterations and complicate the microscopic detection of sperm. Accordingly, false-positive cells may be “recognized” as sperm or “real” sperm cells might be overlooked.

The commercially available SPERM HY-LITER™ Kit has been shown to improve the specificity as well as the sensitivity of histological sperm detection by utilizing a human sperm-specific antibody coupled to a fluorescent dye under various experimental conditions [Miller *et al.*, 2011].

Here, the SPERM HY-LITER™ Kit was employed to test the application of this immunohistochemical detection system in *post-mortem* forensic samples of different stages of decay obtained from oral, rectal, vaginal and urethral swabs. Further, frozen forensic samples which had been positively inspected by H/E staining earlier were reanalyzed utilizing the SPERM HY-LITER™ Kit and compared with the results obtained previously.

---

Miller K. W. *et al.*, 2011, Journal of Forensic Sciences, *Developmental Validation of the SPERM HY-LITER™ Kit for the Identification of Human Spermatozoa in Forensic Samples.*

## Biss durch die Zeltwand

Naue, J.<sup>1,2</sup>, Lutz-Bonengel, S.<sup>1</sup>, Pietsch, K.<sup>3</sup>, Sanger, T.<sup>1</sup>, Schlauderer, N.<sup>1</sup>, Schmidt, U.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut fur Rechtsmedizin, Universitatsklinikum Freiburg, Freiburg, Deutschland

<sup>2</sup> Fakultat fur Biologie, Universitat Freiburg, Freiburg, Deutschland

<sup>3</sup> Chemisches und Veterinaruntersuchungsamt Freiburg, Freiburg, Deutschland

Forensische DNA-Analysen beinhalten auch die Untersuchung von Spuren nicht menschlicher Herkunft, z. B. nach Bissverletzungen durch Tiere. Ein Standardverfahren ist die Sequenzierung artspezifischer Abschnitte der mtDNA, jedoch ist die Aussagekraft bei Mischspuren begrenzt, sofern nicht zusatzliche zeitaufwendige Verfahren wie die Klonierung eingesetzt werden.

In dem vorgestellten Fall wurde ein 7 Jahre alter Junge von einem zunachst unbekanntem Tier durch eine Zeltwand hindurch ins Gesicht gebissen. Mit Hilfe eines auf Real-Time PCR und Schmelzkurvenanalyse beruhenden Screening-Assays, das die mitochondrialen Gene *12S rRNA* und *Cytochrom b* detektiert, konnten gezielt und probenschonend weitere Untersuchungen durchgefuhrt und so die Art des „Angreifers“ bestimmt werden. Die Ergebnisse wurden durch Klonierung und Sequenzierung uberpruft und bestatigt. Die durchgefuhrten Analysen werden vorgestellt.



**Interdisciplinary investigation of documents: A protocol for interdisciplinary investigation and a case study for DNA and fingerprints**

Kokshoorn, B., Koomen, L.H.J. & Kloosterman, A.D.

Latent fingerprint detection techniques and sampling of biological traces for DNA-analysis can potentially be mutually deleterious.

To maximize the results that can be obtained from traces on documents the effect of commonly used latent fingerprint detection techniques on DNA have been studied.

These results were subsequently used to construct a methodology for combined biological trace and fingerprint examinations of documents.

Here we present the resulting interdisciplinary approach that was developed at the Netherlands Forensic Institute.

This protocol not only optimizes the combined examination of DNA and fingerprints but also allows for other document analysis techniques (ink/paper and handwriting comparison).

The use of this new protocol is illustrated by a case study.



**Abendveranstaltung**  
**24.02.2012**  
**Einlass ab 19 Uhr**

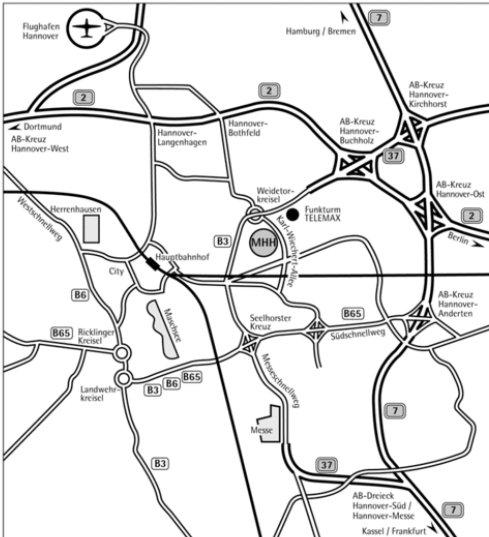
Die Original MHH Live Band ist musikalischer Botschafter der Medizinischen Hochschule Hannover im Rahmen des Projektes MUSIC HELPS HEALING, welches im Jahr 2010 gegründet wurde. Die Band ging hierbei aus einer kleineren Besetzung aus Mitarbeitern der Klinik für Plastische, Hand- und Wiederherstellungschirurgie hervor. Das Besondere bei der neuen deutlich größeren Band bleibt aber, dass sich die Band ausschließlich aus Mitarbeitern der MHH zusammensetzt.

Die Original MHH Live Band macht es sich zur Aufgabe bestimmte Projekte der MHH durch ihre Live-Konzerte als show-act, sowie auch durch die Einnahmen der Konzerte zu unterstützen.

Auf der Bühne ist es das Ziel durch ein Programm-Mix, wie z. Bsp. Songs von Barry White, Tom Jones, Joe Cocker und Kool & The Gang aus den 70er und 80er Jahren bis zu aktuellen Songs von Ronan Keating und Robbie Williams das Publikum zu begeistern.

Die Besetzung der Original MHH Live Band besteht aus den ehemaligen Mitgliedern des Mesh Graft Orchestra der Klinik für Plastische Chirurgie mit Prof. Peter. M. Vogt am Bass, Dr. Andreas Jokuszies am Schlagzeug, Dr. Heiko Sorg an der Trompete und Dr. Andreas Steiert am Keyboard. Durch einen Aufruf in der MHH-Info bekam die Original MHH Live Band ihr neues Gesicht, Dr. Alexander Hanke, der durch seine Stimme das vielseitige Repertoire der Band von Tom Jones bis Robbie Williams möglich macht. Zusätzlich konnte durch die MHH-Info die Original MHH Live Band eine komplette Brass-Section mit Dr. Michael Möller (saxes, Klinik für Anästhesiologie), Rüdiger Mus (Posaune, Krankentransport) und Heiko Sorg (Trompete, Gründungsmitglied PHW) besetzen. Überraschend war, dass die Campus-Welt der MHH einen erfahrenen und exzellenten Percussionisten, Rainer Schreeb (Zahntechnik) hervorbrachte.

# Willkommen in Hannover



## Mit dem Auto

**Aus Richtung Kassel** auf der A7 bis zum Autobahn-Dreieck Hannover-Süd fahren, weiter auf der A37 in Richtung Hannover. Die A37 geht in den Messeschnellweg über.

**Aus Richtung Hamburg** auf der A7 bis zum Autobahn-Kreuz Hannover-Kirchhorst, weiter auf der A37 in Richtung Hannover.

**Aus Richtung Dortmund oder Berlin** auf der A2 bis zum Autobahn-Kreuz Hannover-Buchholz, weiter auf der A37 in Richtung Hannover.

Auf der A37 bzw. dem Messeschnellweg fahren Sie bis zum Weidetorkreisel und biegen dort in die Karl-Wiechert-Allee ein (vgl. Skizze). Dann sind es nur noch wenige Minuten bis zur MHH.

## Mit der Deutschen Bahn (DB)

**Linie R3** von Hannover Hbf Richtung Celle, an Haltestelle Karl-Wiechert-Allee umsteigen nach oben in U 4 => Roderbruch

**Linie S3** von Hannover Hbf Richtung Celle, an Haltestelle Karl-Wiechert-Allee umsteigen nach oben in U 4 => Roderbruch

**Linie R9** von Hannover Hbf Richtung Hildesheim, an Haltestelle Karl-Wiechert-Allee umsteigen nach oben in U 4 => Roderbruch

## Mit der Stadtbahn (üstra)

**Linie U 4** Von Garbsen über Kröpcke Richtung Roderbruch; Haltestelle Medizinische Hochschule (nicht direkt vom Hauptbahnhof: entweder vom Hbf 400m zu Fuß zur Station Kröpcke oder mit den Linien U 1 / 2 / 8 (Messe) vom Hbf Tiefgeschoss zwei Stationen bis zum Aegidientorplatz, dort auf gleicher Bahnsteigebene gegenüber umsteigen in Linie U 4)

## Mit dem Bus (üstra)

jeweils nicht vom Hbf, nur Umsteigerbindung von Straßenbahnen

**Linie 123** von Peiner Str. (U 1 / 2 / 8) Richtung Buchholz (U 3 / 7) bzw. umgekehrt; Haltestelle Medizinische Hochschule

**Linie 124** von Am Brabrinke (U 1 / 2) Richtung Misburg bzw. umgekehrt; Haltestelle Misburger Straße (zur Zahnklinik)

**Linie 127** vom Kantplatz (U 4 / 5) Richtung Lahe (U 3) bzw. umgekehrt; Haltestelle Medizinische Hochschule

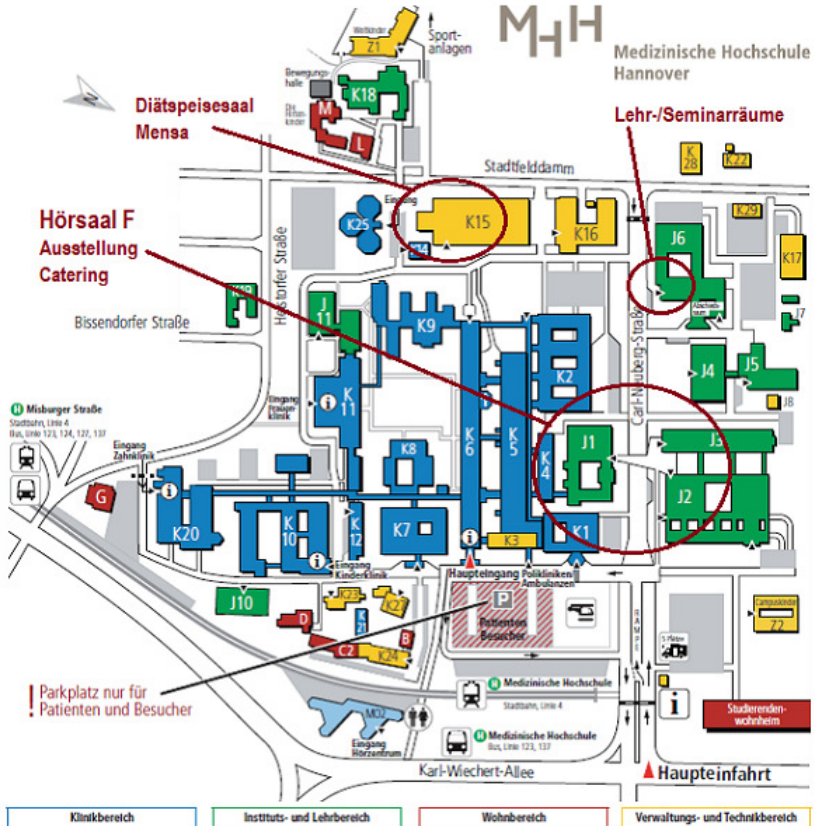
**Linie 137** vom Kantplatz (U 4 / 5) Richtung Spannhagengarten (U 3 / 7) bzw. umgekehrt; Haltestelle Medizinische Hochschule

Fragen, Wünsche und Anregungen zum Spurenworkshop richten Sie bitte immer gerne an:

**r-km RIEGGER - KONGRESSMANAGEMENT**

Im Grün 4 • D-79252 Stegen • Telefon +49(0)7661 / 99037 • [riegger@r-km.de](mailto:riegger@r-km.de) • [www.r-km.de](http://www.r-km.de)

# Willkommen in der MHH



*Vielen Dank für Ihre Unterstützung:*

applied  
biosystems®  
by life technologies™

**HAMILTON**



**Promega**



Bio type®

Biotype Diagnostic GmbH

**abf diagnostics** GmbH

**aura optic** GmbH

**coloprnt** GmbH

**Eurofins Medigenomix** GmbH

**Galantos Genetics** GmbH

**KISKER BIOTECH** GmbH & Co. KG

**MACHEREY-NAGEL** GmbH & Co. KG

**NIPPON GENETICS EUROPE** GmbH

**Prionics Deutschland** GmbH

**Qualitype** AG

**s e r a c** Manfred R. Hofmann

Serologische Reagenzien GmbH