

21. Jahrestagung

der Deutschen Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung

gemeinsam mit

der Deutschsprachigen Arbeitsgruppe

der Internationalen Society of Forensic Genetics (ISFG)

17.– 19. Juni 2026

Dresden



Foto: Tomy Heyduck (DML-BY)

Tagungspräsident:
Prof. Dr. med. Steffen Heide
Studiendekan Medizin, Institutsdirektor

Wissenschaftliche Leitung:
Dr. med. Uwe Schmidt
Leiter forensische Medizin

Institut für Rechtsmedizin
Medizinische Fakultät, TU Dresden

Inhaltsverzeichnis

■	Grußwort	3
■	Allgemeine Informationen	4
■	Programmübersicht	6
	Mittwoch, 17.06.2026	6
	Donnerstag, 18.06.2026	7
	Freitag, 19.06.2026	9
■	Kurzfassungen der Vorträge am Donnerstag	10
■	Kurzfassungen der Vorträge am Freitag	21
■	Eigene Notizen	29

Liebe Kolleg*innen, liebe Teilnehmer*innen, liebe Gäste

Mit großer Freude dürfen wir Sie 2026 zum ersten Mal zur Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung (DGAB e.V.) in Dresden begrüßen. Als Wissenschaftsstandort bietet die Stadt Dresden mit ihrer Exzellenzuniversität eine geeignete Plattform für den Austausch von Wissen und der Entwicklung neuer innovativer Ideen. Hierfür wurde als Kongressort das Zentrum für Regenerative Therapien (CRTD) gewählt. Dieses befindet sich auf dem Universitäts-Campus Johannstadt in unmittelbarer Nähe zum Universitätsklinikum und spiegelt somit den idealen Platz für die Schnittstelle aus Forschung und Anwendung wider.

Das bewährte Programm als Kombination aus Fortbildungsangeboten, wissenschaftlichen Vorträgen und Diskussionen findet auch in diesem Jahr Anwendung. Wir beginnen am 17. Juni 2026 mit zwei Fortbildungen zu den Grundlagen der Abstammungsuntersuchung sowie gonosomaler STR-Marker. Selbstverständlich darf die etablierte Biostatistik-Weiterbildung nicht fehlen, die in diesem Jahr als Online-Fortbildung am 23. Juni 2026 angeboten wird.

Das wissenschaftliche Programm am 18. und 19. Juni 2026 findet im Hörsaal des Zentrums für Regenerative Therapien statt. Das modern gestaltete Foyer bietet viel Raum für den wissenschaftlichen Austausch und Diskussionen.

Um dem Flair der Stadt Dresden gerecht zu werden, wird der Netzwerkabend im imposanten Ballhaus Watzke an der Elbe mit einem wunderschönen Altstadtblick stattfinden. Hier haben wir nicht nur die Möglichkeit den wissenschaftlichen Dialog fortzusetzen, sondern auch das Ambiente eines der ältesten Ballsäle Dresdens zu genießen.

Wir möchten uns ganz herzlich bei allen Referierenden, Sponsoren und Organisatoren bedanken. Ohne die wissenschaftlichen Präsentationen, finanziellen Mittel und helfenden Hände wäre eine Ausrichtung einer solchen Jahrestagung nicht möglich.

Wir freuen uns auf Ihren Besuch und die Teilnahme an der diesjährigen Tagung und wünschen uns allen eine erfolgreiche und interessante Fachveranstaltung. Vielleicht können Sie auch darüber hinaus die Gelegenheit nutzen, die kulturellen und architektonischen Highlights von „Elbflorenz“ näher kennenzulernen.

Steffen Heide, Direktor des Instituts für Rechtsmedizin
Abteilung der Forensischen Genetik der Rechtsmedizin Dresden

Veranstaltungsorte:

Kongress / Fortbildungen

CRTD – Zentrum für Regenerative Therapien TU Dresden,
Fetscherstraße 105, 01307 Dresden

Get-together (17.06.2026, ab 18.00 Uhr)

SchillerGarten,
Schillerplatz 9, 01309 Dresden

Von der Haltestelle „**Blasewitzer / Fetscherstraße**“ bis Haltestelle „**Dresden Blasewitz Schillerplatz**“ mit der **Trambahnen 6 und 12**.

Netzwerkabend

Ball- & Brauhaus Watzke,
Kötzschenbroder Straße 1, 01139 Dresden

Donnerstag, 18.06.2026, 19.00 Uhr

Hinweise für Teilnehmende:

Anmeldung / Registration

Das Kongressbüro befindet sich im EG des CRTD, direkt rechts neben dem Eingang.
Die Öffnungszeit des Kongressbüros ist 8.30 Uhr.

Hinweise für Referierende:

Technik

Für die Tagung werden Windows PCs verwendet. Diese laufen mit dem Windows 11 Betriebssystem und Office PowerPoint.

Das Standard Format ist 16 : 9.

Es wird empfohlen Standard Schriftarten zu verwenden, da Ihre speziellen Schriften nicht auf den PCs hinterlegt sind und deshalb nicht richtig dargestellt werden können.

Vortragsannahme

Die Vortragspräsentationen sollen im Kongressbüro abgegeben werden. Bitte bringen Sie Ihren Vortrag auf einem gängigen Datenträger mit und geben Sie den Vortrag **rechtzeitig** ab.

Sie haben Fragen?

Carl Gustav Carus Management GmbH

Fetscherstraße 74
01307 Dresden

Tel.: 0351 458 3861

E-Mail.: sabine.hellner@ukdd.de

Institut für Rechtsmedizin

Medizinische Fakultät TU Dresden

Fetscherstraße 74
01307 Dresden

Tel.: 0351 458 2972

E-Mail.: manuel.pfeifer@ukdd.de

09.00 – 17.00 Uhr **Fortbildung 1**
Raum: **Grundlagen Abstammungsbegutachtung**

09.00 – 11.00 Uhr Familienrecht (Jens Gnisa)

11.00 – 11.30 Uhr **Kaffeepause**

11.30 – 12.30 Uhr Normativer Rahmen (Robert Martin)

12.30 – 13.30 Uhr **Mittagspause**

13.30 – 14.30 Uhr Labormethoden (Marina Nastainczyk-Wulf)

14.30 – 15.30 Uhr Neue Marker (Uta Immel)

15.30 – 16.00 Uhr **Kaffeepause**

16.00 – 17.00 Uhr Gutachtenerstellung (Anja Klann)

09.00 – 17.00 Uhr **Fortbildung 2**
Raum: **Gonosomale Marker**

09.00 – 10.30 Uhr X-chr. Marker und Fallbeispiele (Christa Augustin, Michael Kohl)

10.30 – 11.00 Uhr **Kaffeepause**

11.00 – 12.30 Uhr X-chr. Marker und Fallbeispiele (Christa Augustin, Michael Kohl)

12.30 – 13.30 Uhr **Mittagspause**

13.30 – 15.00 Uhr Y-chr. Marker und Fallbeispiele (Peter Bugert)

15.00 – 15.30 Uhr **Kaffeepause**

15.30 – 17.00 Uhr Y-chr. Marker und Fallbeispiele (Peter Bugert)

09.00 – 17.00 Uhr **Fortbildung 3** **online am 23.06.2026**
online **Biostatistik**

09.00 – 10.30 Uhr Statistik Teil I (Rolf Fimmers)

10.30 – 11.00 Uhr **Kaffeepause**

11.00 – 12.30 Uhr Statistik Teil II (Rolf Fimmers)

12.30 – 13.30 Uhr **Mittagspause**

13.30 – 15.00 Uhr Statistik Teil III (Rolf Fimmers)

15.00 – 15.30 Uhr **Kaffeepause**

15.30 – 17.00 Uhr Statistik Teil IV (Rolf Fimmers)

Programm Donnerstag, 18.06.2026

09.00 Uhr	Anmeldung / Registrierung
10.30 – 10.45 Uhr	Begrüßung <i>Prof. Dr. med. Dr. Esther Troost, Prof. Dr. med. Steffen Heide</i>
10.45 – 12.15 Uhr	Wissenschaftliches Programm Teil I
<i>Raum:</i>	<i>Hörsaal</i>
<i>Vorsitz:</i>	<i>Kristina Schulze Johann, Malte Bamberg</i>
10.45 – 11.15 Uhr	Wildtiergenetik - Abstammung aus populationsgenetischer und phylogeographischer Sicht <i>Jörns Fickel</i>
11.15 – 11.30 Uhr	Copy-neutral Loss of Heterozygosity: eine genetische Besonderheit <i>Peter Bugert</i>
11.30 – 11.45 Uhr	Familie, Fragen & Fragmente: Herausforderungen bei der Interpretation von internationalen Abstammungsdaten <i>Jan Euteneuer</i>
11.45 – 12.00 Uhr	E aszinierend! I nnovativ! G efeiert! G eregelt? <i>Pia Jores</i>
12.00 – 12.15 Uhr	FIGG: Praxisbericht <i>Alexander Alberts-Dakash</i>
12.15 – 13.30 Uhr	Mittagspause
13.30 – 14.35 Uhr	Wissenschaftliches Programm Teil II
<i>Raum:</i>	<i>Hörsaal</i>
<i>Vorsitz:</i>	<i>Micaela Poetsch, Hartmut Fischer</i>
13.30 – 13.50 Uhr	Ergebnisse des aktuellen Ringversuchs <i>Uta Immel</i>
13.50 – 14.05 Uhr	Allelfrequenzen und populationsgenetische Parameter von Mikrohaplotyp-Markern <i>Christian Lang</i>
14.05 – 14.20 Uhr	STR-basierte Chimärismusanalyse: Vergleichende Analyse des IVDR-konformen Mentype® Chimera Kit mit PowerPlex® 16 HS-System <i>Melissa Mühl</i>
14.20 – 14.35 Uhr	KI in der forensischen Genetik: eine Bestandsaufnahme <i>Thomas Simon</i>
14.35 – 15.10 Uhr	Kaffeepause

Programm Donnerstag, 18.06.2026

15.10 – 16.10 Uhr **Wissenschaftliches Programm Teil III**

Raum: *Hörsaal*

Vorsitz: *Theresa Seider, Daniel Zaumsegel*

15.10 – 15.25 Uhr **Vom Auftrag zum Gutachten – effiziente Softwarelösung
in der forensischen Molekularbiologie**

Jürgen Becker

15.25 – 15.40 Uhr **Die Gonosomen – Freunde und Helfer!?**

Marina Nastainczyk-Wulf

15.40 – 15.55 Uhr **X-chromosomale Analyse anonym geborene Kinder**

Lisa-Marie Klaue

15.55 – 16.10 Uhr **Neue Kits, neue Chancen, neue Herausforderungen**

Katja Anslinger

16.20 – 17.30 Uhr **DGAB Mitgliederversammlung**

Peter Bugert, Uta Immel, Marina Nastainczyk-Wulf, Michael Kohl

ab 19.00 Uhr **Netzwerkabend**

Ball- & Brauhaus Watzke, Kötzschenbroder Straße 1, 01139 Dresden

- 09.15 – 09.45 Uhr** **Treffen der deutschen Arbeitsgruppe ISFG e.V.**
Raum: *Hörsaal*
Sabine Lutz-Bonengel, Uta-Immel, Juliane Sanft, Manuel Pfeifer
- 10.00 – 11.15 Uhr** **Wissenschaftliches Programm Teil IV**
Raum: *Hörsaal*
Vorsitz: *Juliane Sanft, Valentina Leonie Birne*
- 10.00 – 10.15 Uhr **Wenn Proben aus Abstammungsfällen zum Problem werden.
Wie das PowerPlex® 18E System den Unterschied machen kann.**
Maximilian Neis
- 10.15 – 10.30 Uhr ***Plättchenantigen CD36 – neu entdeckt!***
Lea Wörner
- 10.30 – 10.45 Uhr **PCR Multiplexing in reality – combined with Liquid Handling
expertise**
Michael Hammer
- 10.45 – 11.00 Uhr **Identifizierungen und ihre Herausforderungen**
Jana Naue
- 11.00 – 11.15 Uhr **Rekonstruktion von Verwandtschaftsverhältnissen in Spurenfällen
Unter Verwendung vollkontinuierlicher Rechenmodelle**
Laura Lachen
- 11.15 – 11.45 Uhr** ***Kaffeepause***
- 11.45 – 12.30 Uhr** **Wissenschaftliches Programm Teil V**
Raum: *Hörsaal*
Vorsitz: *Anja Klann, Magdalena Bogusr*
- 11.45 – 12.00 Uhr **Verwandtensuche bei DNA-Reihenuntersuchungen
nach §81h STPO**
Burkhard Rolf
- 12.00 – 12.15 Uhr **Differentielle Extraktion bei Sexualdelikten:
Vergleich der milden differentiellen Lyse mit
konventionellen Extraktionskits**
Marlene Lienesch
- 12.15 – 12.30 Uhr **Stabilität und Zuverlässigkeit von Markern zur
Identifizierung von Körperflüssigkeiten –
Eine Studie zur Persistenz von DNA-Methylierung**
Helen Konrad
- 12.30 – 13.00 Uhr** **Abschluss und Ausblick**

Donnerstag, 18.06.2026

11.15 – 11.30 Uhr

Copy-neutral Loss of Heterozygosity: eine genetische Besonderheit

P. Bugert¹, S. Oulghazi², G. Rink¹, H. Blnig², S. Seyboth³, S. Bräuninger²

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

²Institut für Transfusionsmedizin und Immunämatologie, Goethe Universität Frankfurt, DRK-Blutspendedienst Baden-Württemberg – Hessen gGmbH, Frankfurt

³Institut für Transfusionsmedizin und Immunämatologie, DRK-Blutspendedienst Baden-Württemberg – Hessen gGmbH, Baden-Baden

Die *Copy-neutral Loss of Heterozygosity* (CN-LOH) beschreibt einen genetischen Mechanismus, bei dem durch Rekombination ein Allel verloren geht und durch das andere Allele ersetzt wird. Daraus resultiert eine Isodisomie, also das Vorliegen zwei identischer Allele. Dieser Mechanismus kann kleinere chromosomale Bereiche oder auch ganze Chromosomen betreffen. Die fehlerhafte Aufteilung der homologen Chromosomen in der zweiten meiotischen Teilung ist der häufigste Mechanismus, der zur uniparentalen Isodisomie führt. Isodisomien können aber auch im Rahmen der somatischen Zellteilung insbesondere in proliferativen Geweben (z.B. Knochenmark, Darmepithel) auftreten. Der Verlust der Heterozygotie kann die Entstehung von Krankheiten begünstigen, wenn dadurch pathologische Varianten homozygot vorliegen. An einem aktuellen Fall wird gezeigt, wie eine partielle CN-LOH am Chromosom 1p entdeckt und charakterisiert wurde.

Donnerstag, 18.06.2026

11.30 – 11.45 Uhr

Familie, Fragen & Fragmente: Herausforderungen bei der Interpretation von internationalen Abstammungsdaten

Jan Euteneuer¹, Maria Seidel¹, Johanna Preuß-Wössner¹

¹Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Schleswig-Holstein, Kiel

Bei Familienzusammenführungen im Auftrag von Personen aus Nicht-EU-Ländern ist oft aufgrund fehlender oder unzureichender Unterlagen eine genetische Untersuchung zur Feststellung der biologischen Elternschaft notwendig.

Im hier präsentierten Fall war ein junges Mädchen aus dem Iran in unserem Institut vorstellig und erbat nach Aufforderung der Visastelle des Bundesamts für Auswärtige Angelegenheiten (BfAA) ein Abstammungsgutachten. Mit Unterstützung einer Anwaltskanzlei wären bereits DNA-Profile ihrer mutmaßlichen Eltern und Schwester in Teheran erstellt worden.

Die uns übermittelten DNA-Profile (STR-Systeme entsprachen denen des Identifiler, Thermo Fisher, plus SE33) lagen jedoch ausschließlich als Fragmentlängen vor, was einen direkten Abgleich mit unseren mittels PowerPlex Fusion 6C (Promega) generierten Allelwerten unmöglich machte. Die auf Nachfrage zur Verfügung gestellten Elektropherogramme (SoftGenetics GeneMarker V3.0.1) wiesen die übliche Darstellung mit Allelwerten auf, der Abgleich resultierte aber in gleich drei Ausschlusskonstellationen zwischen Antragstellerin und den mutmaßlichen Eltern: eine 1-Schritt-Mutation von Vater zum Kind sowie zwei Halb-Schritt-Mutationen (SE33: 33 → 32.2 von Vater zu Kind, D19S433: 15 → 15.2 von Mutter zu Kind). Da mehrere solch seltener Mutationsereignisse innerhalb eines Falls jedoch als unwahrscheinlich erachtet und vielmehr ein methodischer Fehler vermutet wurde, erfolgte eine Anfrage zur Übersendung der DNA-Extrakte. Diese konnten uns tatsächlich zur Verfügung gestellt werden, und die folgende Analyse in unserem Labor mittels PowerPlex Fusion 6C resultierte in korrigierten Allelwerten ohne Ausschlusskonstellationen.

Dieser Fall verdeutlicht sowohl die gebotene Vorsicht bei Abgleich und Interpretation von Daten, die mit unterschiedlichen Methodiken erstellt wurden und unterstreicht damit auch die empfohlene Praxis, Abstammungsuntersuchung in einem bzw. in methodisch aufeinander abgestimmten Laboren durchzuführen.

Donnerstag, 18.06.2026

11.45 – 12.00 Uhr

Faszinierend! **I**nnovativ! **G**efeiert! **G**eregelt?

Pia Jores¹

¹Qiagen GmbH, Hilden, Germany

Die forensisch-investigative **g**enetische **G**enealogie (FIGG) ermöglicht das erfolgreiche Fischen im Trüben: Die Identifizierung von unbekanntem Überresten oder mutmaßlichen Tätern selbst bei herausforderndem DNA-Probenmaterial und ohne Referenzproben, insbesondere in sog. Cold Cases. Durch den Abgleich eines SNP-Profiles in einer dafür zugänglichen öffentlichen Datenbank, wie zum Beispiel *GEDmatch*, lassen sich nahe und weiterentfernte Verwandte der Zielperson aufspüren, welche die Rekonstruktion von Stammbäumen erlauben und letztendlich dabei helfen, die gesuchte Person zu ermitteln. Ermittlungsbehörden vieler Länder sind *fasziniert* und empfangen die *innovative* Methode mit offenen Armen. Auch in den Medien wird FIGG wiederholt als der Durchbruch in einigen spektakulären Fällen *gefeiert*, aber kann sie vernünftig gesetzlich *geregelt* werden?

Wie hat sich die FIGG in verschiedenen Ländern seit der Erstanwendung im Golden-State-Killer-Fall entwickelt?

Donnerstag, 18.06.2026

12.00 – 12.15 Uhr

FIGG: Praxisbericht

Alexander Alberts-Dakash¹

¹Büro für forensische Genealogie, Hannover

Forensisch-investigative genetische Genealogie (FIGG) ist im deutschsprachigen Raum ein noch relativ junges Feld, obwohl die Methode international bereits seit min. 15 Jahren Anwendung findet. Doch wie funktioniert eine FIGG-Analytik in der Praxis? Welche Daten werden dabei erzeugt, ausgewertet und miteinander abgeglichen? Da der Datenabgleich in Europa und Nordamerika derzeit hauptsächlich über drei DTC-Datenbanken erfolgt, können die Resultate je nach Herkunftspopulation und Herkunftsland der zu identifizierenden Person erheblich variieren. Welche Ergebnisse sind daher bei deutschen FIGG-Fällen zu erwarten und wie lassen sich diese für die Ermittlungsarbeit nutzbar machen? Während sich FIGG-Anwendungen in Deutschland bislang in der Pilotphase befinden, wird international bereits an der Regulierung und Qualitätssicherung des Feldes gearbeitet. Diese Entwicklungen sollen abschließend kurz vorgestellt werden.

Donnerstag, 18.06.2026

13.50 – 14.05 Uhr

Allelfrequenzen und populationsgenetische Parameter von Mikrohaplotyp-Markern

Christian Lang^{1,2}, Gabi Rink¹, Birgit Omengo², Peter Bugert¹

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

²inno-train Diagnostik GmbH, Kronberg

Mikrohaplotyp (MH) Loci sind polymorphe genetische Marker, die in der forensischen Genetik und medizinischen Diagnostik zunehmend an Bedeutung gewinnen. Sie verfügen über eine geringe Länge von weniger als 200 Basenpaaren und sind durch zwei oder mehr eng beieinanderliegende SNPs definiert, die in verschiedenen Haplotypkombinationen vorkommen. Ziel des Forschungsprojekts ist die Entwicklung eines MH-Panels für die Diagnostik. Nach der Auswahl potentieller Marker aus der Literatur, wurde ein Panel aus 74 MH Markern erstellt, mittels Multiplex-PCR amplifiziert und NGS-basiert analysiert. Die Allelfrequenzen wurden an 960 DNA-Proben gesunder Personen der deutschen Population ermittelt. Aus den Daten konnten populationsgenetische Parameter (*Polymorphism Information Content, PIC; Power of Discrimination, PD; Expected Heterozygosity, He; Effective Number of Alleles, A_e; Hardy-Weinberg Equilibrium, HWE*) berechnet werden. Aus der weiteren Analyse wurden 20 MH Marker aufgrund geringer Sequenzabdeckung (Reads <50) oder unspezifischer Amplifikate ausgeschlossen. Die verbleibenden 54 MH Marker wiesen mit insgesamt 358 verschiedenen Allelen und signifikanten populationsgenetischen Parametern eine hohe genetische Variabilität auf. Somit bietet das MH Markerpanel die Voraussetzungen für Analysen sowohl von Verwandtschaft und Identität, als auch von Mischspuren und Chimerismus.

Donnerstag, 18.06.2026

14.05 – 14.20 Uhr

STR-basierte Chimärismusanalyse unter der Problemstellung der IVDR: Vergleich des IVDR-konformen Multiplex-PCR-Kit Mentype® Chimera mit Powerplex® 16 HS System

Melissa Mühl¹, Monique Zwar¹ Andreas Büttner¹, Iris Lindner²

¹Institut für Rechtsmedizin, Universitätsmedizin Rostock, Rostock, Deutschland

Die STR-basierte Chimärismusdiagnostik hat sich aufgrund ihrer hohen Sensitivität und Reproduzierbarkeit als Goldstandard für die Verlaufskontrolle nach allogener Stammzelltransplantation etabliert. Mit Inkrafttreten der europäischen In-vitro-Diagnostik-Verordnung (IVDR, EU 2017/746) ergeben sich jedoch neue regulatorische Anforderungen an diagnostische Verfahren. Labore stehen vor der Herausforderung bestehende Methoden entweder durch CE-IVD-zertifizierte Systeme zu ersetzen oder als In-house-Tests (Laboratory Developed Tests, LDT) unter Einhaltung umfangreicher Dokumentations- und Validierungsanforderungen weiterzuführen.

Vor diesem Hintergrund wurde die Eignung des IVDR-konformen Mentype® Chimera Kits (Fa. Biotype) als mögliche Alternative zum etablierten PowerPlex® 16 HS-System (Fa. Promega) untersucht. Im Rahmen einer Masterarbeit erfolgte eine vergleichende Analyse beider Multiplex-PCR-Systeme hinsichtlich Sensitivität, Robustheit, Reproduzierbarkeit und Marker-Informativität. Um die Leistungsfähigkeit der beiden Multiplex-PCR-Systeme zu testen, wurden 95 klinische Routineproben aus der Chimärismusdiagnostik analysiert, die anhand etablierter Befundkategorien (kein Anhalt, Verdacht, <5%, 5–25%, ~50% Empfängeranteil) klassifiziert wurden.

Die Ergebnisse zeigten eine sehr hohe Übereinstimmung beider Multiplex-PCR-Systeme hinsichtlich der quantitativen Chimärismusbestimmung. Das Mentype® Chimera Kit überzeugte insbesondere durch eine höhere Marker-Informativität bei verwandten Spender-Empfänger-Konstellationen und bietet damit Vorteile bei der Analyse von Geschwistertransplantationen. Im Vergleich zum PowerPlex® 16 HS-System traten unter Nutzung des Mentype® Chimera Kits bei Patientenproben mit sehr geringem Empfängeranteil häufiger Artefakte sowie eine größere Variabilität der Messergebnisse auf. Das etablierte PowerPlex® 16 HS-System erwies sich bei diesen Konstellationen als reproduzierbarer und robuster.

Die Ergebnisse bilden die Grundlage für die Etablierung des PowerPlex® 16 HS-Systems als In-house-Test (LDT). Ziel ist es, die regulatorischen Anforderungen der IVDR im eigenen Labor umzusetzen und gleichzeitig die langfristige Verfügbarkeit einer leistungsfähigen Chimärismusdiagnostik sicherzustellen.

Donnerstag, 18.06.2026

14.20 – 14.35 Uhr

KI in der forensischen Genetik: eine Bestandsaufnahme

Thomas Simon¹, Stephan Köhnemann¹

¹Thermo Fisher Scientific

Künstliche Intelligenz ist in der forensischen Genetik kein abstraktes Zukunftsthema mehr, sondern begegnet uns bereits heute auf unterschiedlichen Ebenen: als KI-Agent im digitalen Produktsupport, als LLM-basiertes Werkzeug zur gezielten Abfrage umfangreichen Produkt- und Applikationswissens, als strategischer Bestandteil von Kooperationen mit Technologiepartnern wie OpenAI und NVIDIA sowie als Machine-Learning-Komponente in analytischen Softwarelösungen.

Der Vortrag gibt eine kompakte Standortbestimmung und ordnet ein, was unter „KI“ im forensischen Kontext tatsächlich zu verstehen ist. Dabei wird bewusst zwischen Large Language Models, Machine Learning, Expertensystemen und probabilistischen Genotypisierungswerkzeugen unterschieden. Am Beispiel von GeneMapper PG wird gezeigt, wie Machine-Learning-basierte Modelle bereits heute in der forensischen DNA-Interpretation eine Rolle spielen können. Gleichzeitig richtet sich der Blick auf aktuelle Entwicklungen in Praxis und Literatur — von automatisierten Referenzproben-Workflows über publizierte Ansätze zur Schätzung der Contributor Number und Mischspureninterpretation bis hin zur MPS-/NGS-basierten Datenanalyse.

Im Mittelpunkt steht nicht die Frage, ob KI forensische Sachverständige ersetzt, sondern wo sie kontrolliert, validiert und nachvollziehbar unterstützen kann. Die zentrale Botschaft lautet: KI ist kein Autopilot, sondern kann als Assistenzsystem für eine kontrollierte, nachvollziehbare und qualitätsgesicherte forensische Genetik dienen.

Donnerstag, 18.06.2026

15.10 – 15.25 Uhr

Vom Auftrag zum Gutachten – effiziente Softwarelösungen in der forensischen Molekularbiologie

Jürgen Becker¹

¹Prosektis UG, Bad Saarow

Die forensische Molekularbiologie steht vor der Herausforderung, komplexe Prozesse von der Probenannahme bis zur Gutachtenerstellung effizient, nachvollziehbar und rechtssicher zu gestalten. Insbesondere in der Abstammungsbegutachtung sind hohe Anforderungen an Qualitätssicherung, Dokumentation und Datenintegration zu erfüllen. Der Vortrag beleuchtet zentrale Anforderungen an moderne Softwarelösungen entlang des gesamten Workflows – vom Auftragseingang über Laborprozesse und Datenanalyse bis hin zur Erstellung gerichtsfester Abstammungs-, Identitäts- und Spurengutachten. Dabei werden typische Engpässe, Fehlerquellen und Potenziale zur Automatisierung aufgezeigt. Anhand eines konkreten Softwareansatzes wird demonstriert, wie durchgängige Digitalisierung und benutzerzentrierte Oberflächen die Effizienz steigern und gleichzeitig die Qualität und Transparenz der Ergebnisse verbessern können. Der vorgestellte Lösungsansatz zeigt praxisnah, wie sich Labor- und Gutachtenprozesse nahtlos verbinden lassen. Der Beitrag richtet sich an Fachleute aus der Abstammungsbegutachtung und forensischen Analytik, die ihre Arbeitsabläufe zukunftssicher gestalten und von innovativen Softwarekonzepten profitieren möchten.

Donnerstag, 18.06.2026

15.25 – 15.40 Uhr

Die Gonosomen – Freund und Helfer!?

Marina Nastainczyk-Wulf¹

¹Institut für Rechtsmedizin Halle, Universitätsmedizin Halle

Kleine retrospektive Betrachtung anhand ausgewählter Fallbeispiele.

Ist der Einsatz gonosomaler Typisierungen zielführend?

Vorstellungen von Abstammungs- und Identifizierungsfällen, bei denen gezielt gonosomale Typisierungen zur Klärung der Verwandtschaftsverhältnisse ergänzend zu den autosomalen Systemen durchgeführt wurden.

Donnerstag, 18.06.2026

15.40 – 15.55 Uhr

X-chromosomale Analyse anonym geborener Kinder

Lisa-Marie Klaue¹, Manuel Pfeifer¹, Steffen Heide¹

¹Institut für Rechtsmedizin Dresden, Medizinische Fakultät, TU Dresden

Im Jahr 2000 wurde in Hamburg die erste Babyklappe eingerichtet. Darauf folgte die Eröffnung von ca. 100 Babyklappen in ganz Deutschland, die überwiegend von privaten Vereinen und kirchlichen Trägern betreut werden. Sie sollen es Eltern ermöglichen ihr Neugeborenes ohne Kenntnis ihrer Person einem sicheren Umfeld anzuvertrauen. Alternativ können Mütter ihr Kind im Rahmen einer anonymen Geburt in einer geschützten Umgebung wie einer Klinik gebären. Nachdem ein Baby in Obhut genommen wurde, wird es nach einer gesundheitlichen Untersuchung in eine Adoptivpflegefamilie vermittelt.

Das Jugendamt und die Rechtsmedizin Dresden trafen 2014 eine Vereinbarung zur Abstammungsuntersuchung anonym geborener und in der Babyklappe abgelegter Kinder. Grundlage stellt das Recht auf Kenntnis der Abstammung dar, welches als Bestandteil des Allgemeinen Persönlichkeitsrechts 1989 eingeführt wurde. Aufgrund der fehlenden Präsenz der leiblichen Eltern ist die Untersuchung von Geschwisterschaften für diese Kinder von zentraler Bedeutung. Durch die Zustimmung des Vormunds und der Adoptivpflegeeltern werden die X-chromosomalen STR-Systeme bestimmt und die genetischen Daten in einer hausinternen Datenbank gespeichert. Dies ermöglicht den Abgleich eines anonym geborenen bzw. abgelegten Babys mit zuvor untersuchten Kindern. In seltenen Fällen legt eine Mutter mehrmals ein Neugeborenes in der Babyklappe ab. Ein solcher Fall wird in diesem Beitrag vorgestellt. In einem Zeitraum von 2012 bis 2024 wurden 7 Kinder abgelegt, die starke Übereinstimmungen in ihren X-chromosomalen Systemen aufwiesen. Anhand der erhaltenen Ergebnisse soll eine Aussage über die Wahrscheinlichkeit für Voll- und Halbgewwisterschaften getroffen werden.

Donnerstag, 18.06.2026

15.55 – 16.10 Uhr

Neue Kits, neue Chancen, neue Herausforderungen

Katja Anslinger¹, Birgit Bayer¹

¹Institut für Rechtsmedizin, LMU, München

Die Einführung der 8-Farben-Chemie sowie die Entwicklung eines neuen Enzyms zur drastischen Reduktion von Stutter-Artefakten revolutionieren derzeit die forensische STR-Analytik. In unserem Labor wurde das 8-Farben-Mini-STR-System PowerPlex® 18E System (Promega) für die Analyse degradierter DNA-Proben aus Hautschuppen, Knochen und Haaren validiert und erfolgreich in den Routine-Workflow integriert. Kapillarelektrophoretische Messdaten, erzeugt auf dem Spectrum CE System (Promega), wurden zudem vergleichend sowohl mit der GeneMarker® HID-Software (SoftGenetics) als auch mit der GeneMapper™ ID-X-Software (Thermo Fisher Scientific) ausgewertet. Darüber hinaus erfolgten erste Tests zum Einsatz des vollkontinuierlichen Rechenmodells EuroForMix zur Berechnung partieller PowerPlex®-18E-Replikate stark degradierter Ein-Personen-Spuren.

Ergänzend wurden erste Versuchsreihen und Untersuchungen mit einem Prototyp des Paradyme™ 27GY-8-Farben-Kits durchgeführt, der eine „reduced Stutter Polymerase“ (RSP) enthält, unter anderem auch an ausgewählten Routineproben.

Der Beitrag beleuchtet den Informationsgewinn, den der gezielte Einsatz beider Systeme bei der Untersuchung anspruchsvoller Spurenmaterialien und komplexer Spurenkonstellationen erbringt. Zudem werden die Herausforderungen bei der Implementierung der 8-Farben-Chemie in die Laborroutine sowie die zukünftigen Aufgaben im Zusammenhang mit dem Einsatz von STR-Kits mit RSP-Polymerase diskutiert.

Freitag, 19.06.2026

10.00 – 10.15 Uhr

**Wenn Proben aus Abstammungsfällen zum Problem werden.
Wie das PowerPlex® 18E System den Unterschied machen kann.**

Maximilian Neis¹

¹Promega GmbH, Walldorf

Sie werden sich zu Recht fragen, warum auf einer Fachtagung zur Abstammungsbegutachtung ein Kit aus der Spurenanalytik vorgestellt wird. Lassen Sie es mich kurz erläutern: In Abstammungs- und Identitätsfällen handelt es sich in aller Regel um Einzel- und nicht um Mischspuren. Ordnungsgemäß entnommene und gelagerte Mundschleimhautproben geben keinen Anlass, besonderes Augenmerk auf einen extrem kurzen Amplifikationsbereich oder eine hohe Inhibitorresistenz zu legen. Wie Sie wissen – Ausnahmen bestätigen diese Regel: Exhumierte Knochen oder Zähne im Rahmen von Erbschafts- oder Verwandtschaftsanalysen oder anderweitig umweltexponiertes und unsachgemäß gelagertes Probenmaterial bspw. zur Identitätsfeststellung sind nur zwei mögliche Beispiele.

Anhand echter Fälle zeigen wir Ihnen, wie mit dem PowerPlex® 18E System die möglicherweise entscheidenden, zusätzlichen Allele nachgewiesen werden können.

Freitag, 19.06.2026

10.15 – 10.30 Uhr

Plättchenantigen CD36 – neu entdeckt!

L. Wörner¹, D. Skawran¹, K. Kemp¹, G. Rink¹, H. Klüter¹, P. Bugert¹

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

CD36 (*cluster of differentiation 36*) ist ein multifunktionales Membranprotein im menschlichen Organismus. Seine gewebsspezifische Expression und Funktion im physiologischen sowie pathologischen Kontext begründet sich auf einem hochpolymorphen Gen, dessen Regulationsmechanismen noch nicht vollständig verstanden sind. Mit Blick auf die Immunhämatologie trägt auf Plättchen exprimiertes CD36 (Glykoprotein IV) das Plättchenspezifische Nak-Antigen. Im Zusammenhang mit einer CD36-Defizienz stehende anti-Nak(CD36)-Isoantikörper können nicht nur verschiedene Formen der Thrombozytopenie verursachen. Sie spielen auch für die serologische Untersuchung von Blutgruppenantigenen eine Rolle und wurden in den vergangenen Jahren im Kontext fetaler Anämien beschrieben. Seit 2023 ist CD36 als 45. Blutgruppensystem von der ISBT (*International Society for Blood Transfusion*) anerkannt. Vor diesem Hintergrund wurden potentiell CD36-defiziente Spendendenproben sowie serologisch auffällige Patientinnenproben mittels Long-Read-Nanoporesequenzierung zur Identifizierung möglicher Varianten im *CD36*-Gen untersucht. Erste Ergebnisse dieser Untersuchung werden im Vortrag vorgestellt und diskutiert.

Freitag, 19.06.2026

10.30 – 10.45 Uhr

PCR Multiplexing in reality – combined with Liquid Handling expertise

Michael Hammer¹

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

Freitag, 19.06.2026

10.45 – 11.00 Uhr

Identifizierungen und ihre Herausforderungen

Jana Naue¹, Ulrike Schmidt¹

¹Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Freiburg, Medizinische Fakultät,
Albert-Ludwig-Universität Freiburg

Die Identifizierung unbekannter Leichname auf Basis molekulargenetischer Analysen ist eine weit verbreitete Tätigkeit in forensischen Laboratorien. Die Identifizierung erfolgt hierbei entweder über Abstammung oder den Abgleich mit Gegenständen aus dem persönlichen Gebrauch.

Während der Großteil dieser Fälle ohne Schwierigkeiten erfolgreich analysiert und die Leichname dadurch identifiziert werden können, gibt es zudem komplexere Einzelfälle. Im Rahmen des Vortrages sollen einige Fälle präsentiert werden, die in der Rechtsmedizin Freiburg untersucht wurden und bei denen Besonderheiten auftraten. Hierdurch soll beispielhaft gezeigt werden, welche biologischen, organisatorischen und analytischen Herausforderungen auftreten können.

Freitag, 19.06.2026

11.00 – 11.15 Uhr

Rekonstruktion von Verwandtschaftsverhältnissen in Spurenfällen unter Verwendung vollkontinuierlicher Rechenmodelle

Laura Lacher¹, Christian Blumenschein¹, Jan Dreßler¹, Michael Kohl¹

¹Universität Leipzig, Institut für Rechtsmedizin

Die Berechnung einer Dekonvolution unter der Verwendung vollkontinuierlicher Modelle ist in komplexen Spurenfällen alltäglich. Besondere Aufmerksamkeit bedürfen jedoch vor allem Fälle in denen biologische Verwandtschaften vermutet werden.

In einem komplexen Spurenfall von Steuerhinterziehung konnten unter Zuhilfenahme vollkontinuierlicher Rechenmodelle an zwei von insgesamt 79 Spuren drei unbekannte Personen identifiziert werden. Zwischen zwei der Personen konnte ein Vater-Sohn-Verhältnis nachgewiesen werden. Die enge verwandtschaftliche Beziehung führte aufgrund der Merkmalsübereinstimmung zu einer erschwerten Interpretation der Spurenauswertung. Die Software GenoProof Mixture 5.1.8 kann, trotz vielfältiger Merkmalsübereinstimmungen, aus einer komplexen DNA-Mischspur die Profile nahe verwandter Personen sicher ableiten und lieferte damit eine gerichtsverwertbare Aussage zur Beteiligung jeder einzelnen Person.

Fälle mit biologischer Verwandtschaft gelten in der Spurenauswertung als besonders fehleranfällig. Die Likelihood Ratio Berechnungen (LR) der vollkontinuierlichen Modelle behandeln Verwandtschaft nicht als Ausnahme, sondern rechnen sie direkt in das statistische Modell ein. Für genau diese Konstellationen sind sie älteren Ansätzen überlegen.

Dieser Fall verdeutlicht die Signifikanz vollkontinuierlicher Modelle in Spurenfällen mit Verwandtschaftsverhältnissen.

Freitag, 19.06.2026

11.45 – 12.00 Uhr

Verwandtensuche bei DNA-Reihenuntersuchungen nach §81h STPO.

Burkhard Rolf¹, Katharina Hannig¹, Sina Steinwende¹, Astrid Philip¹, Iva Cevra¹

¹Eurofins Medigenomix Forensik GmbH

Bei DNA-Reihenuntersuchungen nach §81h STPO erlaubt der Gesetzgeber nicht nur die Feststellung, ob das Spurenmaterial von einer der untersuchten Personen stammt, es darf auch untersucht werden, ob Verwandte in gerader Linie oder in der Seitenlinie bis zum dritten Grad unter den Probanden sind. In dem Vortrag wird das Vorgehen bei solchen Fragestellungen an einem Fallbeispiel dargestellt.

Freitag, 19.06.2026

12.00 – 12.15 Uhr

Differentielle Extraktion bei Sexualdelikten: Vergleich der milden differentiellen Lyse mit konventionellen Extraktionskits

Marlene Lienesch¹, Anne Middendorf¹, Marielle Vennemann¹

¹Institut für Rechtsmedizin Münster

Die Spurenlage bei Sexualdelikten stellt forensische Labore häufig vor große Herausforderungen. In Abstrichen und Asservaten sind männliche Zellen oft nur in geringer Menge vorhanden, während die weibliche Zellkomponente überwiegt. Dies führt dazu, dass das DNA-Profil der geschädigten Person die männliche Komponente überlagert und eine vollständige Auswertung des männlichen Profils erschwert oder verhindert wird.

Zur Verbesserung der Trennbarkeit wird die Methode der milden differentiellen Lyse eingesetzt, die eine Separation von Spermien- und Nicht-Spermienzellen ermöglicht, und somit die Gewinnung eines männlichen DNA-Profiles begünstigt. Das Protokoll der milden differentiellen Lyse nach Wiegand et al.¹ erfordert einen erhöhten Bearbeitungsaufwand und führt teilweise zu schwer interpretierbaren Mischprofilen.

Im Rahmen dieser Arbeit werden neue kommerzielle Systeme der differentiellen Extraktion betrachtet. Die milde differentielle Lyse wird mit dem kommerziellen Maxwell® DE-System (Promega, Madison, USA) verglichen. Ergänzend wird das EZ2 DNA Investigator Sep&Prep Kit (Qiagen, Hilden, Deutschland) evaluiert.

Die Ergebnisse zeigen, dass das Maxwell® DE-System im Vergleich zur milden differentiellen Lyse eine deutlich effektivere Trennung der Zellfraktionen ermöglicht und zu eindeutigeren, besser interpretierbaren DNA-Profilen führt. Darüber hinaus werden erste Anwendungserfahrungen mit dem EZ2 DNA Investigator Sep&Prep Kit vorgestellt.

¹Wiegand P, Schürenkamp M, Schütte U. DNA extraction from mixtures of body fluid using mild preferential lysis. Int J Legal Med. 1992;104(6):359-60. doi: 10.1007/BF01369558. PMID: 1515365.

Freitag, 19.06.2026

12.15 – 12.30 Uhr

Stabilität und Zuverlässigkeit von Markern zur Identifizierung von Körperflüssigkeiten – Eine Studie zur Persistenz von DNA-Methylierung.

Helen Konrad¹, Micaela Poetsch¹

¹Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Essen

Das wachsende Interesse an der Ursprungsebene von DNA wirft Fragen zur Zuverlässigkeit der Analyse und zur Stabilität der chemischen Bindung zwischen der Methylgruppe und einer CpG-Stelle im Laufe der Zeit auf. Bleibt die zelltypspezifische Methylierung unter dem Einfluss von Umweltbedingungen konstant und lassen sich verschiedene Sekrete auch nach längerer Zeit identifizieren bzw. von anderen Körperflüssigkeiten unterscheiden?

In dieser Studie wurde die Persistenz der Methylierung anhand der bereits publizierten CpG-Marker unseres Workflows zur Bestimmung von sieben Körperflüssigkeiten in unterschiedlichen Outdoor Szenarien untersucht. Dazu wurden artifizielle Proben von Mitarbeitern des Instituts im Freien gelagert, wobei sie lediglich vor direktem Regen von oben geschützt wurden, nicht aber vor Sonneneinstrahlung und Temperaturschwankungen. Die Proben wurden nach einer, nach zwei Wochen und danach alle 14 Tage bis zum Erreichen einer maximalen Lagerung von 20 Wochen analysiert. In einem belüfteten Versuchsaufbau konnten nach einer Woche sechs Sekrete eindeutig identifiziert werden, einzige Ausnahme war Nasenblut. Nach vier Wochen waren es nur vier, nach zehn Wochen zwei und nach 20 Wochen lediglich Menstrualblut, das als identifiziert gewertet werden konnte. In einem unbelüfteten Versuchsaufbau konnten nach einer Woche ebenfalls sechs Sekrete eindeutig bestimmt werden, einzige Ausnahme war auch hier Nasenblut. Nach vier Wochen waren es nur drei, nach zehn Wochen eins und nach 20 Wochen lediglich Blut, das identifiziert werden konnte, allerdings nur mit einem der zwei Blut Marker.

Insgesamt konnte in der Studie gezeigt werden, dass eine Zuverlässige Identifizierung von Körperflüssigkeiten in Outdoorszenarien nur für ein kurzes Intervall möglich war, da die Methylierung nicht lange stabil blieb.

A series of horizontal dotted lines for taking notes.