

# 20. Jahrestagung

der Deutschen Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung  
gemeinsam mit der  
Deutschsprachigen Arbeitsgruppe der International  
Society of Forensic Genetics (ISFG)

25.-27. Juni 2025

Konferenzzentrum Ernst von Bergmann

Mit einem herzlichen Gruß aus Potsdam –Ihr  
Brandenburgisches Landesinstitut für Rechtsmedizin



## Inhaltsverzeichnis

Grußwort	3
Informationen zur Tagung	
– Orte	4
– Hinweise	5
Programm	
– Programm – Mittwoch 25.06.2025	6
– Programm – Donnerstag 26.06.2025	7
– Programm – Freitag 27.06.2025	8
– Übersicht der Referenten	9
Abstracts	
V1 Haplotypen, Hybridisierung und High-Tech – Wie moderne genomische Technologien die Molekulargenetik revolutionieren	10
V2 Über mögliche und „unmögliche“ Verwandtschaftskonstellationen oder weil wir ja sonst nichts zu tun haben	11
V3 Zwillinge von zwei Vätern	12
V4 Afrika ist nicht gleich Afrika – Anhand von zehn komplexen Abstammungsfällen wird die Bedeutung der Verwendung akkurater Populationsfrequenzen dargestellt	13
V5 Entwicklung eines NGS-basierten Mikrohaplotypen Panels für die Anwendung in der medizinischen Diagnostik: Ein aktueller Überblick	14
V6 Vorstellung Ergebnisse Ringversuche DGAB 2024b und 2025a	15
V7 Verwandt oder nicht-verwandt? Das ist die Frage...	16
V8 DNA-Extraktion aus Knochen mit unbekannter Liegezeit und -bedingungen: Vergleich einer manuellen mit einer automatisierten Extraktionsmethode	17
V9 Volltreffer? – Genetische Vergleichsanalysen mit GenoProof® Suite	18
V10 Welche Methode für welche Frage? Eine Übersicht über die verschiedenen Ansätze in der Abstammungsanalyse	19
V11 Umbettung und Identifizierung von Kriegstoten in Deutschland	20
V12 Nanoporesequenzierung in der forensischen Genetik und Immunhämatologie	21
V13 30 Jahre Kapillarelektrophorese	22
V14 Ruhe im Elektropherogramm – die Reduced Stutter Polymerase	23
V15 Abstammungsuntersuchungen bei fraglichem Inzest	24
V16 „Versteckte Ausschlüsse“ bei Elternschaften – Ein komplexer Fall und viele Fragen	25
V17 Bedeutung des Theta-Faktors bei (Halb-)Geschwisterschaftsabklärungen	26
V18 Das Transkriptom als molekularer „Zeit“-Zeuge?	27
Über Potsdam	28–30

## Herzlich Willkommen in Potsdam

Sehr geehrte Kolleginnen und Kollegen,

wir freuen uns sehr, Sie erneut in Potsdam begrüßen zu dürfen, dieses Mal zur Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Abstammungsbegutachtung (DGAB). Die Tagung selbst findet im ehemaligen Wohnhaus des bekannten Chirurgen Ernst von Bergmann statt, welches schon seit mehr als 100 Jahren als Ort der Bildung dient. Die Villa besticht nicht nur durch eleganten Charme und einen weitläufigen Garten, sondern gleichsam durch einen direkten Blick über den Tiefen See und auf den Park Babelsberg.

Dem wissenschaftlichen Programm, welches am 26. und 27. Juni 2025 stattfindet, gehen am 25. Juni 2025 traditionell die Workshops voraus, wobei der bewährte und gewohnte Tagungsablauf beibehalten werden wird.

Zum Gesellschaftsabend laden wir Sie in diesem Jahr gerne in die stilvolle „Garage Du Pont“ ein, wo französische Lebensart und die Begeisterung für historische Automobile harmonisch aufeinandertreffen.

Wir freuen uns auf Ihren Besuch in unserer idyllischen Stadt an den Havelseen und hoffen, dass Sie hier eine wunderschöne Zeit verbringen. Diese verknüpft mit einer lebendigen Tagung, interessanten Fachveranstaltungen sowie insbesondere mit zahlreichen informativen und inspirierenden Gesprächen.

Wir heißen Sie herzlich willkommen in Potsdam, der Stadt der Schlösser und Gärten!

Knut Albrecht, Hartmut Fischer, der Vorstand der DGAB und das gesamte Team des Brandenburgischen Landesinstituts für Rechtsmedizin (BLR)



Knut Albrecht, Tagungspräsident



Hartmut Fischer, Wissenschaftliche  
Leitung



Peter Bugert, Präsident DGAB

## Orte

### Kongress: Villa Bergmann

Berliner Straße 62,  
14467 Potsdam,  
Deutschland

### Get-together (Mi.): PYC – Potsdamer Yacht Club e. V.

Königstraße 3A,  
14109 Berlin,  
Deutschland

Wir bitten alle, die sich für das Get-Together angemeldet haben oder planen dabei zu sein, zu berücksichtigen, dass wir angesichts der erfreulich hohen Zahl an Anmeldungen die Location aus Kapazitätsgründen wechseln mussten.

Wir treffen uns am Mittwoch, 25.06.2025 ab 17:30 Uhr im Potsdamer Yachtclub, der nicht in Potsdam, sondern in Berlin zu finden ist, dafür direkt am Großen Wannsee.

Vom **Tagungsort** gelangt man direkt mit dem Bus 316 dorthin:

Von Haltestelle „Potsdam, Glienicker Brücke“ bis Haltestelle „Am Kleinen Wannsee (Berlin)“. Der Bus fährt am späten Nachmittag noch alle 20 min und ist für die 10 Haltestellen 10 min unterwegs. Von der Haltestelle sind es dann nur noch 120 m in Fahrtrichtung Berlin.

Der Ort kann auch bequem vom **Potsdamer Hauptbahnhof** oder aus Richtung **Berlin** über den S-Bahnhof Wannsee (S7, RE1 u.a.) erreicht werden. Von dort sind es dann nur noch 700 m bzw. gute 10 min zu Fuß.

### Gesellschaftsabend: Garage Du Pont

Berliner Straße 88,  
14467 Potsdam,  
Deutschland

## Hinweise

### Anmeldung / Registration

Das Tagungsbüro befindet sich im Eingangsbereich des Tagungszentrums Villa Bergmann und öffnet täglich um 8:30 Uhr.

### Hinweise für Referenten:

#### Rechner

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

#### Beamer

Standard ist das Format 16 : 9.

#### Schriften

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

#### Vortragsannahme/Vortragsdauer

Bitte reichen Sie den Vortrag vor Beginn der Tagung online ein, damit die Präsentation auf dem Präsentationsrechner vorliegt und ein reibungsloser Ablauf vor Ort gewährleistet ist. Auch Änderungen können vorab online eingereicht werden. Bei kurzfristigen Anpassungen vor Ort wenden Sie sich bitte an das Organisationsteam.

#### Aussteller



## Programm - Mittwoch 25.06.2025

Anfangszeit	Programmübersicht
08:30	Öffnung Tagungsbüro Anmeldung
09 c.t.	<b>Workshops 1/2/3 Grundlagen der Abstammungsbegutachtung/Gonosomale Marker/Biostatistik</b>
	Kaffeepause
	<b>Workshops 1/2/3 Grundlagen der Abstammungsbegutachtung/Gonosomale Marker/Biostatistik</b>
	Mittagspause
	<b>Workshops 1/2/3 Grundlagen der Abstammungsbegutachtung/Gonosomale Marker/Biostatistik</b>
	Kaffeepause
bis 17:00	<b>Workshops 1/2/3 Grundlagen der Abstammungsbegutachtung/Gonosomale Marker/Biostatistik</b>
ab 17:30:00	<b>Get Together - Potsdamer Yacht Club PYC, Berlin-Wannsee</b>

	Workshop: Grundlagen der Abstammungsbegutachtung	Workshop: Gonosomale Marker	Biostatistik		
09:00-09:15				09:00-09:15	
09:15-09:30	<b>Familienrecht (Referent: Dr. iur. Alexander Witt, Richter am OLG Hamburg)</b>	<b>Y-Chromosmale Marker: Grundlagen, Biostatistik und Fallbeispiele (Dr. rer. medic. Maria Seidel, Rechtsmedizin Kiel)</b>	<b>Statistik Teil I (Dr. rer. nat. Rolf Fimmers, Institut für Forensische Statistik und Qualitätssicherung GbR)</b>	09:15-09:30	
09:30-09:45				09:30-09:45	
09:45-10:00				09:45-10:00	
10:00-10:15				10:00-10:15	
10:15-10:30				10:15-10:30	
10:30-10:45				Kaffeepause	Kaffeepause
10:45-11:00			10:45-11:00		
11:00-11:15	Kaffeepause	<b>X-chromosomale Marker I: Grundlagen (Dr. rer. nat. Christa Augustin, Rechtsmedizin Hamburg)</b>	<b>Statistik Teil II (Dr. rer. nat. Rolf Fimmers, Institut für Forensische Statistik und Qualitätssicherung GbR)</b>	11:00-11:15	
11:15-11:30				11:15-11:30	
11:30-11:45	<b>Normativer Rahmen (Referent: Dr. med. Robert Martin, Institut für Blutgruppenserologie und Genetik, Hamburg)</b>				11:30-11:45
11:45-12:00					11:45-12:00
12:00-12:15					12:00-12:15
12:15-12:30					12:15-12:30
12:30-12:45	Mittagspause	Mittagspause	Mittagspause	12:30-12:45	
12:45-13:00				12:45-13:00	
13:00-13:15				13:00-13:15	
13:15-13:30				13:15-13:30	
13:30-13:45	<b>Labormethoden (Referent: Prof. Dr. rer. nat. Peter Bugert, Institut für Transfusionsmedizin und Immunologie, Mannheim)</b>	<b>X-Chromosmale Marker II: Biostatistik und Fallbeispiele (Dr. rer. med. Michael Kohl, Rechtsmedizin Leipzig)</b>	<b>Statistik Teil III (Dr. rer. nat. Rolf Fimmers, Institut für Forensische Statistik und Qualitätssicherung GbR)</b>	13:30-13:45	
13:45-14:00					13:45-14:00
14:00-14:15					14:00-14:15
14:15-14:30					14:15-14:30
14:30-14:45	<b>Neue Marker (Referentin: Dr. rer. nat. Uta-Dorothee Immel, Rechtsmedizin Mainz)</b>	Kaffeepause	Kaffeepause	14:30-14:45	
14:45-15:00					14:45-15:00
15:00-15:15					15:00-15:15
15:15-15:30					15:15-15:30
15:30-15:45	Kaffeepause	<b>Journal Club (Dr. rer. nat. Uta-Dorothee Immel, Rechtsmedizin Mainz, und Prof. Dr. rer. nat. Peter Bugert, Institut für Transfusionsmedizin und Immunologie, Mannheim)</b>	<b>Statistik Teil IV (Dr. rer. nat. Rolf Fimmers, Institut für Forensische Statistik und Qualitätssicherung GbR)</b>	15:30-15:45	
15:45-16:00				15:45-16:00	
16:00-16:15	<b>Gutachtenerstellung (Referentin: Dr. rer. nat. Anja E. Klann, Rechtsmedizin Greifswald)</b>			16:00-16:15	
16:15-16:30				16:15-16:30	
16:30-16:45				16:30-16:45	
16:45-17:00				16:45-17:00	

## Programm - Donnerstag 26.06.2025

Anfangszeit	Programmübersicht
08:30	Öffnung Tagungsbüro Anmeldung
10:30	Eröffnung
BLOCK 1 Vorsitz: A. Gosch, A. Heinrich	
10:45	V1- Haplotypen, Hybridisierung und High-Tech – Wie moderne genomische Technologien die Molekulargenetik revolutionieren
11:30	V2 - Über mögliche und „unmögliche“ Verwandtschaftskonstellationen oder weil wir ja sonst nichts zu tun haben
11:45	V3 - Zwillinge von zwei Vätern
12:00	V4 - Afrika ist nicht gleich Afrika - Anhand von zehn komplexen Abstammungsfällen wird die Bedeutung der Verwendung akkurater Populationsfrequenzen dargestellt
12:15	V5 - Entwicklung eines NGS-basierten Mikrohaplotypen Panels für die Anwendung in der medizinischen Diagnostik: Ein aktueller Überblick
12:30	Mittagspause
BLOCK 2 Vorsitz: M. Poetsch, N. von Wurmb-Schwark	
13:30	V6 -Vorstellung Ergebnisse Ringversuche DGAB 2024b und 2025a
13:50	V7 - Verwandt oder nicht-verwandt? Das ist die Frage...
14:10	V8 - DNA-Extraktion aus Knochen mit unbekannter Liegezeit und -bedingungen: Vergleich einer manuellen mit einer automatisierten Extraktionsmethode
14:30	V9 - Volltreffer? - Genetische Vergleichsanalysen mit GenoProof® Suite
14:45	Kaffeepause
BLOCK 3 Vorsitz: S. Lutz-Bonengel, A. Pahl	
15:15	V10 - Welche Methode für welche Frage? Eine Übersicht über die verschiedenen Ansätze in der Abstammungsanalyse
15:30	V11 - Umbettung und Identifizierung von Kriegstoten in Deutschland
16:30	Mitgliederversammlung DGAB mit Vorstandswahlen
18:00	Abendveranstaltung - Garage Dupont

## Programm - Freitag 27.06.2025

Anfangszeit	Programmübersicht
08:30	Öffnung Tagungsbüro Anmeldung
09:15	Sitzung der deutschsprachigen Arbeitsgruppe der ISFG
BLOCK 4 Vorsitz: B. Rolf, M. Pfeifer	
10:00	V12 - Nanoporesequenzierung in der forensischen Genetik und Immunhämatologie
10:20	V13 - 30 Jahre Kapillarelektrophorese
10:40	V14 - Ruhe im Elektropherogramm - die Reduced Stutter Polymerase
11:00	Kaffeepause
BLOCK 5 Vorsitz: A. Klann, M. Templin	
11:30	V15 - Abstammungsuntersuchungen bei fraglichem Inzest
11:50	V16 - „Versteckte Ausschlüsse“ bei Elternschaften – Ein komplexer Fall und viele Fragen
12:10	V17 - Bedeutung des Theta-Faktors bei (Halb-)Geschwisterschaftsabklärungen
12:30	V18 - Das Transkriptom als molekularer „Zeit“-Zeuge?
12:50	Verabschiedung
13:00	Ende der Tagung / Lunchpaket

## Übersicht der Referenten

Vortragstitel	Vorname	Nachname	Institut
<b>V1</b> Haplotypen, Hybridisierung und High-Tech – Wie moderne genomische Technologien die Molekulargenetik revolutionieren	Tim	Steiert	Institut für Klinische Molekularbiologie, Kiel
<b>V2</b> Über mögliche und „unmögliche“ Verwandtschaftskonstellationen oder weil wir ja sonst nichts zu tun haben	Nicole	von Wurmb-Schwark	ForGen-Forensische Genetik und Rechtsmedizin, Hamburg
<b>V3</b> Zwillinge von zwei Vätern	Christa	Augustin	Institut für Rechtsmedizin Hamburg
<b>V4</b> Afrika ist nicht gleich Afrika - Anhand von zehn komplexen Abstammungsfällen wird die Bedeutung der Verwendung akkurater Populationsfrequenzen dargestellt	Micaela	Poetsch	Institut für Rechtsmedizin Essen
<b>V5</b> Entwicklung eines NGS-basierten Mikrohaplotypen Panels für die Anwendung in der medizinischen Diagnostik: Ein aktueller Überblick	Christian	Lang	Institut für Transfusionsmedizin und Immunologie DRK-Blutspendedienst Baden-Württemberg-Hessen
<b>V6</b> Vorstellung Ergebnisse Ringversuche DGAB 2024b und 2025a	Rolf	Fimmers	Institut für Forensische Statistik und Qualitätssicherung GbR
<b>V7</b> Verwandt oder nicht-verwandt? Das ist die Frage...	Sabine und Ferdinand	Lutz-Bonengel und Suchanek	Abteilung für Mathematische Stochastik / Kriminaltechnisches Institut / Institut für Rechtsmedizin Freiburg
<b>V8</b> DNA-Extraktion aus Knochen mit unbekannter Liegezeit und -bedingungen: Vergleich einer manuellen mit einer automatisierten Extraktionsmethode	Marlene	Lienesch	Institut für Rechtsmedizin Münster
<b>V9</b> Volltreffer? - Genetische Vergleichsanalysen mit GenoProof® Suite	Viktoria	Borsdorf	qualitytype GmbH
<b>V10</b> Welche Methode für welche Frage? Eine Übersicht über die verschiedenen Ansätze in der Abstammungsanalyse	Ondrej	Krsicka	QIAGEN GmbH
<b>V11</b> Umbettung und Identifizierung von Kriegstoten in Deutschland	Joachim	Kozlowski	Volksbund Deutsche Kriegsgräberfürsorge e.V.
<b>V12</b> Nanoporesequenzierung in der forensischen Genetik und Immunhämatologie	Lea	Wörner	Institut für Transfusionsmedizin und Immunologie DRK-Blutspendedienst Baden-Württemberg-Hessen
<b>V13</b> 30 Jahre Kapillarelektrophorese	Andrea	Fischer	Thermo Fisher Scientific
<b>V14</b> Ruhe im Elektropherogramm - die Reduced Stutter Polymerase	Maximilian	Neis	Promega GmbH
<b>V15</b> Abstammungsuntersuchungen bei fraglichem Inzest	Burkhard	Rolf	Eurofins Medigenomix Forensik GmbH
<b>V16</b> „Versteckte Ausschlüsse“ bei Elternschaften – Ein komplexer Fall und viele Fragen	Jan	Fleckhaus	Institut für Rechtsmedizin München
<b>V17</b> Bedeutung des Theta-Faktors bei (Halb-)Geschwisterschaftsabklärungen	Martin	Zieger	Institut für Rechtsmedizin Bern
<b>V18</b> Das Transkriptom als molekularer "Zeit"-Zeuge?	Annica	Gosch	Institut für Rechtsmedizin Köln

# **V1. Haplotypen, Hybridisierung und High-Tech – Wie moderne genomische Technologien die Molekulargenetik revolutionieren**

T. Steiert

Institut für Klinische Molekularbiologie, Universitätsklinikum Schleswig-Holstein, Kiel

Invited Speaker

## **V2. Über mögliche und „unmögliche“ Verwandtschaftskonstellationen oder weil wir ja sonst nichts zu tun haben**

N. von Wurmb-Schwark, J.-H. Modrow

ForGen-Forensische Genetik und Rechtsmedizin, Hamburg

Abstammungsgutachten sind wunderbar, wenn einfache Terzette untersucht werden. Auch sogenannte Defizienzgutachten, z. B. wenn nur das Kind und ein fraglicher Elternteil oder auch Geschwisterschaften zu überprüfen sind, gehören zu den häufigen Aufgaben eines Abstammungsgutachters und gehören daher zur Routine. Insbesondere aber im Rahmen von Familienzusammenführungen sind die Konstellationen, die Umstände und oder die Fragestellungen oft anders und geringfügig komplizierter bzw. „berechenbarer“. Nicht immer passen die Kinder zum angegebenen Vater oder zur Mutter bzw. dem Geschwister und es gibt verschiedenste Möglichkeiten der Erklärungen. Wir berichten von einem besonderen Fall, der unser Labor sehr beschäftigt hat und der auch insbesondere in Zeiten des Qualitätsmanagements ganz neue Aspekte für Chancen und Risiken, Fehlerquellen und Ähnliches darstellt.

### **V3. Zwillinge von zwei Vätern**

C. Augustin, B. Ondruschka

Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf, Hamburg

Bei einer Abstammungsbegutachtung mit Zwillingen stellte sich heraus, dass der Putativvater nur der Erzeuger eines der beiden Zwillinge war. Bei näherer Befragung der Familie wurde berichtet, dass es sich um eine Leihmutterschaft mit Eizellspende gehandelt habe. Hypothesen für die Ursache des unerwarteten Ergebnisses werden diskutiert. Die rechtliche Lage bezüglich Leihmutterschaft und Eizellspende in Deutschland und in anderen europäischen Ländern wird vorgestellt.

## **V4. Afrika ist nicht gleich Afrika - Anhand von zehn komplexen Abstammungsfällen wird die Bedeutung der Verwendung akkurater Populationsfrequenzen dargestellt**

M. Poetsch<sup>1</sup>, J.-H. Modrow<sup>2</sup>, H. Konrad<sup>1</sup>, N. von Wurmb-Schwark<sup>2</sup>

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

<sup>2</sup> ForGen-Forensische Genetik und Rechtsmedizin, Hamburg

Abstammungsgutachten mit Beteiligten aus afrikanischen oder asiatischen Ländern werden seit mehreren Jahren insbesondere im Rahmen von Familiennachzug mehr und mehr in deutschen Laboren erstellt. Aufgrund fehlender Ausweispapiere oder stark erschwelter Kommunikationsmöglichkeiten kommt es immer wieder vor, dass das genaue Herkunftsland nicht zu eruieren ist. Für die Berechnung der Verwandtschaftswahrscheinlichkeit ist aber nicht nur das korrekte Aufstellen der zu vergleichenden Hypothesen, sondern auch die Verwendung akkurater Populationsfrequenzen von großer Bedeutung. Mag das bei bedingten Verwandtschaftsfragen (Mutter bzw. Vater-Kind oder einfacher Terzettfall) nicht allzu sehr ins Gewicht fallen, kann es bei entfernteren Konstellationen (u. a. Geschwister, Halbgeschwister) durchaus eine große Rolle spielen. Es soll gezeigt werden, inwieweit sich die errechneten Verwandtschaftswahrscheinlichkeiten und ggf. die jeweiligen Beurteilungen bei Verwendung unterschiedlicher Populationsfrequenzen in zehn komplexen Abstammungsfällen ändern können.

## V5. Entwicklung eines NGS-basierten Mikrohaplotypen Panels für die Anwendung in der medizinischen Diagnostik: Ein aktueller Überblick

C. Lang<sup>1,2</sup>, T. Höhl<sup>1</sup>, G. Rink<sup>1</sup>, P. Bugert<sup>1</sup>

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

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

Mikrohaplotypen-Loci sind innovative genetische Marker, die in der Genetik, Populationsforschung und personalisierten Medizin eine vielversprechende Rolle einnehmen. 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. Zu den Vorteilen dieser Marker gegenüber anderen Markern (STRs, diallelischen SNPs) zählen das Fehlen von Stotterartefakten, die geringen Sequenzlängen, niedrige Mutations- und Rekombinationsraten sowie ein hoher Polymorphismusgrad. Für das hier vorgestellte Mikrohaplotypen-Panel wurden die Loci nach spezifischen Kriterien ausgewählt, darunter eine maximale Länge von 80 bp, das Vorhandensein von mindestens drei SNPs und eine Verteilung auf verschiedenen Chromosomen. Nach einer ersten Auswahl von 112 Markern wurde ein Primerdesign für 82 Mikrohaplotypen-Loci erfolgreich entwickelt, gefolgt von ersten Multiplex-Testungen und Analysen von DNA-Gemischen mittels Hochdurchsatz-Sequenzierung. Der Schwerpunkt der diagnostischen Anwendung des Mikrohaplotypen-Panels liegt insbesondere in der Transplantationsmedizin. Bei Patienten nach einer Stammzell- oder Organtransplantation kann durch die regelmäßige Analyse der Mikrohaplotypen eine Transplantatabstoßung frühzeitig erkannt werden. Die Verwendung von Mikrohaplotypen-Loci mit sehr kurzen Sequenzen (< 80 bp) ermöglicht auch die Analyse von zellfreier DNA im Blut und damit die Anwendung bei Organtransplantation.

## **V6. Vorstellung Ergebnisse Ringversuche DGAB 2024b und 2025a**

R. Fimmers

Institut für Forensische Statistik und Qualitätssicherung GbR

## V7. Verwandt oder nicht-verwandt? Das ist die Frage...

F. Suchanek<sup>1</sup>, S. Schwarz<sup>2</sup>, S. Lutz-Bonengel<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Abteilung für Mathematische Stochastik, Albert-Ludwigs-Universität Freiburg, Freiburg

<sup>2</sup> Kriminaltechnisches Institut, Landeskriminalamt Baden-Württemberg, Stuttgart

<sup>3</sup> Institut für Rechtsmedizin Freiburg, Universitätsklinikum Freiburg, Medizinische Fakultät, Albert-Ludwigs-Universität Freiburg, Freiburg

Bei der molekularbiologischen Untersuchung eines Tötungsdelikts wurde zunächst eine 2-Personen Mischspur vom Geschädigten und ein Teilmuster von einer weiteren unbekannt Person gefunden. Die unbekannt Person teilt sich in dieser Mischspur vergleichsweise viele Allele mit dem Geschädigten, so dass eine mögliche Verwandtschaft zwischen den beiden Spurenverursachern nicht ausgeschlossen werden konnte. Um diese Hypothese zu prüfen, wurde eine Y-STR-Analyse sowie eine Untersuchung der mitochondrialen DNA durchgeführt. Des Weiteren wurden mittels softwaregestützter Simulation die Wahrscheinlichkeiten unterschiedlicher Szenarien berechnet. Zudem wurde der Fall genutzt, um die Anwendbarkeit vertiefender mathematischer Analyseverfahren – wie etwa der Schätzung des Verwandtschaftskoeffizienten – im Kontext von Mischspuren zu evaluieren. Alle Ergebnisse weisen in dieselbe Richtung. Im weiteren Verlauf der Spurenuntersuchung gelang es, einen Hauptspurenanteil des unbekannt Spurenverursachers zu erhalten. Das DNA-Muster des Hauptspurenanteils ergab im Abgleich mit den leiblichen Eltern eines Tatverdächtigen keine Ausschlüsse.

## V8. DNA-Extraktion aus Knochen mit unbekannter Liegezeit und -bedingungen: Vergleich einer manuellen mit einer automatisierten Extraktionsmethode

M. Lienesch<sup>1</sup>, H. Bauer<sup>1</sup>, K. Schulze Johann<sup>1</sup>, S. Banken<sup>1</sup>, M. Schürenkamp<sup>1</sup>, V. Birne<sup>2</sup>, R. Zehner<sup>2</sup>, F. Holz<sup>2</sup>, C.-G. Birngruber<sup>2</sup>, M. Vennemann<sup>1</sup>

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

<sup>2</sup> Institut für Rechtsmedizin Frankfurt am Main, Goethe-Universität Frankfurt am Main, Frankfurt am Main

Seit Jahren befindet sich Mexiko in einer forensischen Krise. Über 115.000 als vermisst gemeldete Personen und 71.000 nicht identifizierte Leichen stellen eine große Belastung für betroffene Familien, die Zivilgesellschaft und den Rechtsstaat dar. Zur Bewältigung dieser Krise unterstützt und finanziert der Bevölkerungsfonds der Vereinten Nationen (UNFPA) das in Mexiko durchgeführte Projekt „Identificación Humana (IDH)“. Ein Ziel des Projekts ist es, in Zusammenarbeit mit außermexikanischen Universitäten und unter Berücksichtigung der lokalen Gegebenheiten fortlaufend Strategien zur Weiterentwicklung des Identifizierungsprozesses unbekannter Verstorbener zu entwickeln. Die DNA-Analyse menschlicher Überreste, die häufig einer längeren Liegezeit und unbekanntem Liegebedingungen ausgesetzt waren, spielt eine zentrale Rolle im Identifizierungsprozess. Um ein STR-Profil zu erhalten, das sich für den Abgleich mit Referenzprofilen von hinterbliebenen, lebenden Verwandten eignet, ist eine hohe Quantität und Qualität der DNA aus den Überresten erforderlich. Die DNA-Extraktion aus Knochen stellt dabei eine große Schwierigkeit dar, da die harte Struktur des Knochens zwar Schutz bietet, jedoch äußere Einflüsse wie ultraviolette Strahlung und ein feucht-warmes Klima die DNA-Struktur erheblich schädigen können. Darüber hinaus führen Schädigungen mit Hitze- oder chemischen Einwirkungen am Leichnam zu einer besonderen Schwierigkeit für forensische Labore, da diese den Erhaltungszustand der Knochen zusätzlich verschlechtern können. Das Ziel dieser Arbeit war es, mithilfe unterschiedlicher Extraktionsmethoden möglichst viele DNA-Profile aus den verfügbaren Proben zu erstellen, die später mit den DNA-Profilen der mütterlichen Referenzproben (Speichelproben) abgeglichen werden, und somit eine Identifizierung der Opfer zu ermöglichen. Im Rahmen dieses von UNFPA Mexiko unterstützten Projekts, das die rechtsmedizinischen Institute in Frankfurt am Main und Münster einbezieht, wurden an 88 Knochenfragmenten unbekannter Leichen aus Mexiko DNA-Extraktionen mit zwei verschiedenen Extraktionsmethoden durchgeführt. Eine dieser Methoden nutzte das AutoMate Express Nucleic Acid Extraction System (Thermo Fisher), bei dem die Extraktion unter Verwendung des PrepFiler Express BTA Lysepuffers, DTT und Proteinase K in einem automatisierten Verfahren erfolgte. Zudem wurde eine Silika-Membran-basierte, manuelle Methode nach Dabney und Meyer (2019) angewandt, die speziell für hoch fragmentierte DNA-Moleküle in Knochen und Zähnen entwickelt wurde. Dabei erfolgte die Knochendekalkifizierung und -lyse zunächst mit EDTA und Proteinase K, bevor die DNA mittels des High Pure Viral Nucleic Acid Kit (Roche) extrahiert wurde. Nach der DNA-Quantifizierung (PowerQuant) folgten autosomale sowie Y-chromosomale STR-Analysen mittels AmpfISTR Globalfiler (Thermo Fisher) bzw. Powerplex Y23 (Promega). Die Ergebnisse beider Extraktionsmethoden werden vergleichend dargestellt und diskutiert und später mit den mütterlichen Referenzproben abgeglichen, um mögliche genetische Übereinstimmungen festzustellen und somit eine Identifizierung der unbekanntem Personen zu ermöglichen.

## V9. Volltreffer? - Genetische Vergleichsanalysen mit GenoProof® Suite

V. Borsdorf, R. Baumann

qualitytype GmbH, Dresden

Die automatisierte Suche nach DNA-Profilen und Verwandten in STR-Datenbanken ist ein wichtiges Werkzeug, um vermisste Personen zu finden, unbekannte Verstorbene zu identifizieren oder bei der Aufklärung von Straftaten zu helfen. Dabei ist es entscheidend, große Mengen genetischer Daten schnell und zuverlässig miteinander vergleichen zu können. GenoProof® Suite ermöglicht es auf Grundlage populationsgenetischer Modelle automatisiert nach identischen Profilen oder Verwandtschaftsverhältnissen wie Eltern-Kind, Geschwistern oder Halbgeschwistern zu suchen. Im Vortrag werden die wichtigsten Funktionen, Suchstrategien und biostatistischen Grundlagen vorgestellt. Außerdem werfen wir einen Blick auf praktische Anwendungsszenarien sowie die Herausforderungen und Anforderungen bei der Auswertung genetischer Übereinstimmungen. Ziel ist es, Möglichkeiten und Grenzen automatisierter Datenbanksuchen darzustellen.

## V10. Welche Methode für welche Frage? Eine Übersicht über die verschiedenen Ansätze in der Abstammungsanalyse

D. Waidmann, O. Krsicka

QIAGEN GmbH, Hilden

Die Methoden in der forensischen Genetik und Abstammungsbegutachtung haben sich in den letzten Jahren erheblich weiterentwickelt, was zu verbesserten biostatistischen Ergebnissen führt. Short Tandem Repeat Marker (STRs) bilden die Grundlage der meisten Anwendungen zur menschlichen Identifizierung. Traditionell werden STRs mithilfe von längenbasierten Vergleichen auf Kapillarelektrophorese (CE)-Geräten analysiert. Speziell bei komplexeren Fragestellungen stellt Next-Generation Sequencing (NGS) eine bedeutende Weiterentwicklung im Vergleich zu CE-basierten Vaterschaftstests dar. NGS ermöglicht es den Anwendern, neben der Information über die Länge der STR-Marker auch die genaue Sequenzinformation sowie die Analyse von Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) zu erhalten. Die gleichzeitige Analyse von autosomalen, X- und Y-STRs sowie SNPs für maximale statistische Aussagekraft liefert wertvolle Informationen für komplexe Verwandtschaftsanalysen in nur einem Reaktionsansatz und spart dabei Probenmaterial. Im Vortrag stellen wir das QIAGEN CE- und NGS-Portfolio für die Abstammungsbegutachtung vor und zeigen in zwei Beispielen komplexer Fälle die Vorteile der NGS-basierten SNP-Analyse mithilfe des ForenSeq DNA Signature Prep Kits.

## **V11. Umbettung und Identifizierung von Kriegstoten in Deutschland**

J. Kozlowski

Volksbund Deutsche Kriegsgräberfürsorge e.V., Landesverband Brandenburg, Halbe

Invited Speaker

## **V12. Nanoporesequenzierung in der forensischen Genetik und Immunhämatologie**

L. Wörner, X. Merkle, G. Rink, H. Klüter, P. Bugert

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

Die Nanoporesequenzierung stellt eine third generation-Sequenziermethodik dar, die durch die Generierung besonders langer read-Sequenzen charakterisiert ist. Mit der Markteinführung im Jahr 2014 durch die Firma Oxford Nanopore Technology wurde die Nanoporesequenzierung Forschungsgegenstand in verschiedensten Fachgebieten und findet darüber hinaus Anwendung in der Routine, beispielsweise für die onkologische oder infektiologische Diagnostik. Mit einem Einstieg darüber, für welche Forschungsfragen in der forensischen Genetik die Nanoporesequenzierung Anwendung findet, liegt der Fokus dieses Beitrags auf dem Einsatz der Technologie in der immunhämatologischen Diagnostik. Vor dem Hintergrund der Vorteile, die die Nanoporesequenzierung im Hinblick auf Herausforderungen für die Blutgruppengenotypisierung bietet, wird der in Mannheim etablierte Sequenzierworkflow für die Nanoporen-basierte Blutgruppensequenzierung vorgestellt und Fallbeispiele aus der klinischen Praxis besprochen.

## V13. 30 Jahre Kapillarelektrophorese

A. Fischer, S. Köhnemann, B. Markstädter, T. Simon, G. Weichhold

Thermo Fisher Scientific, Darmstadt

Die Kapillarelektrophorese (CE) hat sich als zentrale Technologie in der forensischen DNA-Analyse etabliert, da sie eine hohe Auflösung, Automatisierung und Zuverlässigkeit bei der Analyse von Short Tandem Repeats (STRs) bietet. In einer Übersicht beschreiben wir die technologische Entwicklung von CE-Systemen, beginnend mit dem ABI PRISM 310 Genetic Analyzer im Jahr 1995 bis hin zum neuesten System, dem SeqStudio Flex HID von Thermo Fisher Scientific aus dem Jahr 2022. Der ABI PRISM 310 leitete den Übergang von manuellen Gelmethode zur automatisierten Einzelkapillar-STR-Analyse ein. Nachfolgesysteme wie die Serien 3100 und 3130 verbesserten die Datenqualität bei erhöhtem Probendurchsatz durch Multi-Kapillar-Arrays und weitere Optimierungen. Mit dem 3500xL-System (2010) wurden LED-basierte Optiken und vorkonfektionierte Verbrauchsmaterialien eingeführt, wodurch sich Arbeitsabläufe weiter vereinfachten. Das 2018 erschienene SeqStudio-System setzte mit einem einfach zu bedienenden Kartuschensystem neue Maßstäbe für kleinere Labore. Der aktuelle SeqStudio Flex HID (seit 2022) bietet modulare Skalierbarkeit von 8 oder 24 Kapillaren und damit eine effizientere und zuverlässige DNA-Analyse für Hochdurchsatzlabore. Diese Entwicklungen spiegeln den stetigen Bedarf an höherer Sensitivität und erhöhter Datensicherheit wider und unterstreichen die zentrale Rolle der CE in der modernen forensischen Genetik.

## V14. Ruhe im Elektropherogramm – die Reduced Stutter Polymerase

M. Neis

Promega GmbH, Walldorf

Bei der Beurteilung von Elektropherogrammen (EPG) führen Stutter-Artefakte immer wieder zu Fehlinterpretationen. Insbesondere bei Mischungen kann es zu Summationseffekten im Schwellwertbereich kommen und so die EPG-Auswertung und die Bestimmung der Anzahl an Spurenlegern stark beeinträchtigen. Stutter-Artefakte entstehen durch Verrutschen der DNA im reaktiven Zentrum der Polymerase um eine (oder mehrere) Repeat-Einheit(en) während der Synthese des komplementären Strangs bei der PCR. Um dies zu verbessern, hat sich Promega das Ziel gesetzt, eine neue Polymerase zu entwickeln, die eine drastische Verringerung der Stutter-Artefakte bewirken soll. Durch die Kombination struktureller Erkenntnisse, umfangreicher Effizienzoptimierung durch Aminosäuresubstitutionen mittels maschinellen Lernens und zahlreicher Tests mit einem eigens entwickelten 2-Marker-STR-Kit konnte die Reduced Stutter Polymerase (RSP) entwickelt werden. Dabei handelt es sich um ein auf der klassischen Taq-Polymerase basierendes, modifiziertes Enzym, das eine bis zu zehnfache, allelenspezifische Reduktion von Stutter-Artefakten ermöglicht – bei vergleichbarer Sensitivität und Prozessivität wie die ursprüngliche Polymerase. Die vorgestellten Ergebnisse demonstrieren den innovativen Mehrwert der RSP, welche erstmalig in dem neu benannten Paradyme 27GY System zu Einsatz kommen wird.

## V15. Abstammungsuntersuchungen bei fraglichem Inzest

B. Rolf, K. Hannig, M. Scheel

Eurofins Medigenomix Forensik GmbH, Ebersberg

Abstammungsuntersuchungen beantworten üblicherweise die Frage nach einer Verwandtschaft durch den Vergleich von einer „verwandt“- mit einer „unverwandt“-Hypothese. Steht ein fraglicher Inzest im Raum, gestaltet sich die Hypothesenbildung schwieriger. Eine getestete Person kann dann zum Beispiel gleichzeitig Großvater und Vater sein, oder nur der Großvater. Wir stellen einige Fallbeispiele vor und diskutieren die Hintergründe dieser Fälle und die biostatistischen Besonderheiten bei der Auswertung.

## V16. „Versteckte Ausschlüsse“ bei Elternschaften – Ein komplexer Fall und viele Fragen

J. Fleckhaus<sup>1</sup>, V. Brune<sup>1</sup>, S. Lutz-Bonengel<sup>2</sup>, J. Naue<sup>2</sup>, K. Anslinger<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut für Rechtsmedizin, Ludwig-Maximilians-Universität München, München

<sup>2</sup> Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Freiburg, Medizinische Fakultät, Albert-Ludwigs-Universität Freiburg, Freiburg

Im Rahmen von Familiennachzügen wird häufig von den Ausländerbehörden die separate Berechnung der Mutterschafts- sowie der Vaterschaftswahrscheinlichkeit gefordert. „Versteckte Ausschlüsse“ also solche, bei denen zwar Putativvater und Putativmutter jeweils ein Merkmal mit dem Kind teilen, jedoch dabei der heterozygote Genotyp des Kindes nicht vollständig erklärt wird, können bei der Abstammungsbegutachtung nicht ignoriert werden. In der Regel führt die individuelle Fallkonstellation dazu, dass ein versteckter Ausschluss keinen relevanten Einfluss auf die qualitative Bewertung des Falls hat, da sich zum Beispiel keine weiteren Ausschlusskonstellationen zu beiden Putativeltern ergeben, oder ein Putativelternteil so viele weitere Ausschlüsse zeigt, dass dieses allein deshalb nicht als Elternteil in Betracht kommt. Doch was ist zu tun, wenn ein „versteckter Ausschluss“ mit in die biostatistische Berechnung einbezogen werden muss und dabei die qualitative Bewertung bzw. die vergebenen Prädikate relevant beeinflusst? In diesem Vortrag wird über einen Abstammungsfall berichtet, bei dem genau diese Konstellation zutrifft. Das vorgestellte Fallbeispiel zeigt die möglichen Herausforderungen die sich bei der Untersuchung von Elternschaften durch „versteckte Ausschlüsse“ ergeben können und liefert eine Diskussionsgrundlage zum grundsätzlichen Umgang mit diesen.

## V17. Bedeutung des Theta-Faktors bei (Halb-)Geschwisterschaftsabklärungen

E. Tièche<sup>1</sup>, M. Uzuner<sup>1</sup>, D. Kling<sup>2</sup>, M. Zieger<sup>1</sup>

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

<sup>2</sup> Department of Forensic Sciences, University Hospital Oslo, Oslo

Abstammungsbegutachtungen sind von geeigneten Populationsdaten abhängig, für deren Erhebung in den letzten drei Jahrzehnten erhebliche Anstrengungen unternommen wurden. Es wurde jedoch vergleichsweise wenig Aufwand für die Messung der Populationssubstruktur auf verschiedenen geografischen Ebenen und für die Untersuchung ihrer Auswirkungen auf genetische Verwandtschaftstests betrieben. Das Konzept der Bevölkerungssubstruktur wird in der Forensik häufig als Näherung für den durchschnittlichen Grad an Verwandtschaft in einer bestimmten Population verwendet und durch den Korrekturfaktor Theta ( $\theta$ ) bei Berechnungen berücksichtigt. In der Praxis wird  $\theta$  häufig auf nationaler Ebene oder für aufgrund bestimmter Kriterien definierte Teilpopulationen ermittelt. Allerdings können infrastrukturbedingte, geografische und soziokulturelle Faktoren die Schätzung auf lokaler Ebene erheblich beeinflussen. Es ist somit schwierig, den richtigen Korrekturfaktor für einen bestimmten genetischen Verwandtschaftstest genau zu definieren. Im Gegensatz zu den Wahrscheinlichkeitsrechnungen für DNA-Treffer in der Forensik, gibt es bei genetischen Verwandtschaftstests auch keinen konservativen Ansatz, um diese Unsicherheit zu berücksichtigen. Die falsche Wahl des Theta-Korrekturfaktors kann einen erheblichen Einfluss auf das Testergebnis und somit potentiell auch auf das Leben der jeweiligen Testpersonen haben. Der Vortrag knüpft an die Ergebnisse an, die wir im Rahmen der DGAB-Tagung 2023 vorgestellt haben.

## V18. Das Transkriptom als molekularer “Zeit“-Zeuge?

A. Gosch, C. Courts

Institut für Rechtsmedizin, Uniklinik Köln, Köln

Ein wichtiges Aufgabengebiet der forensischen Molekularbiologie besteht in der Erstellung und dem Abgleich von DNA-Profilen aus menschlichem Gewebe und biologischen Spuren. Häufig ist die Kenntnis von DNA-Profilen allein jedoch nicht ausreichend, um die Abfolge der Geschehnisse und Aktivitäten an einem Tatort rekonstruieren zu können. Ein wichtiges Ziel, dem sich aktuelle Forschungsstudien widmen, besteht daher darin, aus biologischer Information Erkenntnisse über den Kontext eines Tatgeschehens zu gewinnen. Von besonderer Bedeutung sind dabei Informationen über Zeiträume und zeitliche Abfolgen.

Das menschliche Transkriptom, also die Gesamtheit aller RNA-Moleküle in biologischen Körperflüssigkeit bzw. Geweben, birgt eine Fülle komplexer Informationen über die Art und den Zustand des Gewebes bzw. des Spurenmaterials. Die Analyse des Transkriptoms, wie z.B. zur Identifikation von Körperflüssigkeiten durch den Nachweis zellspezifischer mRNA-Marker, brachte entscheidende Fortschritte für die forensische Molekularbiologie und wird heute in vielen Ländern von forensisch-molekularbiologischen Laboren routinemäßig eingesetzt. In der Abteilung für Forensische Molekulargenetik des Instituts für Rechtsmedizin Köln laufen aktuell verschiedene Forschungsprojekte, in denen das Potential von Transkriptomanalysen zur Einordnung forensisch-relevanter Zeitabläufe erkundet werden soll:

- In dem Projekt „RNAge“ wird der Zusammenhang zwischen der Expression bestimmter Transkripte in Blutspuren und dem Lebensalter des Spurenverursachers untersucht.
- Das Projekt „TrACES of Time“ hat die Erkundung des Potentials von Genexpressionsanalysen zur Feststellung des Depositionstageszeitpunkts menschlicher Blutspuren zum Ziel.
- In dem Projekt „WoundAge“ soll festgestellt werden, ob Schätzungen des Wundalters durch die Untersuchung der Genexpression in verwundetem Hautgewebe verbessert werden können.

Dieser Vortrag soll anhand von aktuellen Ergebnissen und Erkenntnissen aus den genannten Forschungsstudien einen Einblick in die Möglichkeiten – aber auch die methodischen Herausforderungen – von Transkriptomanalysen zur näheren Charakterisierung forensisch relevanter Zeitabläufe geben.

## **POTSDAM – „Nomen est Omen“:**

**Preußen, Originalität, Tradition, Schlösserlandschaft, Diplomatie, Arkadien, Multikulti**

Die mit dem Namen assoziierten Begriffe sind so facettenreich wie diese einzigartige Inselstadt selbst.

Als am 03. Juli 993 der 13-jährige König Otto III. (980-1002) seiner Tante Mathilde, der Äbtissin von Quedlinburg, auf dem Papier Potsdam und Geltow schenkte, obwohl ihm das Gebiet gar nicht gehörte, diente diese Schenkung zumindest der urkundlichen Erwähnung beider Orte. Drei Kreuzzüge später und durch geschickte Erbpolitik wurde Albrecht der Bär (1136-1170) Markgraf von Brandenburg. Knapp 500 Jahre später und nach völliger Zerstörung durch den 30-jährigen Krieg übernahm Friedrich Wilhelm, der Große Kurfürst (1620-88), jung, weltoffen und ideenreich die Stadt Potsdam und erhob sie zur zweiten Residenz neben Berlin.

Sich des Potenzials der Natur bedienend, bestand von Anfang an die Idee, aus der Insel Potsdam ein Paradies zu erschaffen, quasi eine Synthese von pragmatischem Nutzen und repräsentativer Schönheit.

### **Preußen**

Der Gestaltungswille preußischer Könige prägte die Stadt auf unterschiedlichste Weise.

Zunächst etablierten sie Manufakturen aller Art - Fayenceherstellung, Stoffproduktion und die Rubinglasproduktion seien beispielhaft genannt - und mit der Erlangung der Königswürde 1701 („König **in** Preußen“) wuchs auch in Potsdam ein selbstbewusstes Bürgertum heran. Ab 1713 erfolgte der Ausbau zur Garnisonstadt, der Potsdams Charakter über Jahrhunderte prägen sollte. Cleverer Weise organisierte der sog. „Soldatenkönig“ die Unterbringung der ca. 3.500 Soldaten in den Häusern der Bürger, die je nach räumlicher Größe und Vermögen zwei bis sechs Soldaten aufzunehmen und gegen eine geringe Entschädigung zu verköstigen hatten. Der Lustgarten wurde zum Exerzier- und Paradeplatz und 1724 erhielt die Stadt ein Militärwaisenhaus, heute Sitz von Ministerien und Umweltverbänden.

Das schönste preußische Erbe jedoch ist die stilvoll durchkomponierte Architektur- und Gartenkunst im gesamten Stadtgebiet, die Sie im Rahmen Ihres Aufenthalts bewundern können.

### **Originalität**

Neben den Schlössern gibt es zahlreiche einzigartige Bauten, wie die künstlichen Ruinen auf dem gleichnamigen Berg, den „Persiuspeicher“ im normannischen Stil und in jedem Winkel steht heut' „Schinkel“. Eine Dampfmaschine der Firma Borsig versteckte man in der Moschee an der Havelbucht, Drachen sitzen auf ihrem eigenen Haus, im Paradiesgärtchen stellte man Glasvasen auf das Stibadium, gezeltet wurde indoor im Zeltzimmer des Schlosses Charlottenhof. Imposante Löwen gaben einer berühmten Villa ihren Namen. Originell sind auch die beiden Privatmuseen – „Palazzo Barberini“ und das „Minsk“ von Kunstmäzen Hasso Plattner.

Die Wissenschaft hielt Einzug im futuristischen Einsteinturm und das Gebäude des Potsdam-Institut für Klimafolgenforschung e. V. (PIK) erhielt die Form eines „fidget spinner“, zu erkunden auf dem Telegrafenberg im Wissenschaftspark „Albert Einstein“.

Sie ist zwar golden und glänzt, aber verrät dem Besucher „Ceci n'est pas un château.“ (dt.: „Dies ist kein Schloss.“), die Aufschrift am Landtag des Landes Brandenburg (ehemals Stadtschloss).

Einzigartige Sichtachsen in der Landschaft verbinden viele Sehenswürdigkeiten der Stadt miteinander. Potsdam leistet sich neben den vielen hier lebenden (u. a. Bundeskanzler Olaf Scholz) auch einen städtischen „ViP“ (Verkehrsbetrieb Potsdam).

Außerordentlich und besonders interessant für die Profession des Rechtsmediziners sind kuriose Bestattungen:

So ließ man den ehemaligen Hofangestellten Jakob Paul Freiherr von Gundling („selbsternannter Diogenes und größter Trunkenbold Preußens“) 1731 in einem Fass auf dem Bornstedter Friedhof begraben. Friedrich II. selbst verfügte, bei seinen geliebten Windhunden auf der Terrasse des Schlosses Sanssouci ruhen zu wollen, ein Wunsch, der erst 205 Jahre später am 17. August 1991 um Mitternacht in Erfüllung ging.

Das Originellste in Potsdam heute ist ein „Blitzer“ in der Hans-Thoma-Straße. Ein daneben befindliches Schild verrät: „Hier werden Sie gelasert“.

## **Tradition**

Alte und neue Traditionen zu pflegen sieht sich die Stadt verpflichtet. So gilt Potsdam seit Jahren als Wissenschaftsstandort und beheimatet zwei Sternwarten, das Deutsche GeoForschungsZentrum (GFZ) sowie den Deutschen Wetterdienst und ist attraktiver Standort für Unternehmen wie SAP, Fraunhofer-Institut für Angewandte Polymerforschung, usw..

Mit dem Institut für Jüdische Studien und Religionswissenschaft an der Universität Potsdam, dem Hasso – Plattner – Institut sowie der Health and Medical University wurde die traditionelle Bildungslandschaft der Stadt (Universitäten und Fachhochschulen, Christliche Bildungseinrichtungen) zukunftsorientiert erweitert.

Eine lange Tradition hat Potsdam als Filmstadt. Die berühmten 1912 gegründeten „Traumfabriken“ in Babelsberg nutzen bis heute viele Örtlichkeiten der Stadt als Kulisse. Die durch die großen UFA - und DEFA - Filme berühmt gewordenen Studios werden auch gern von Hollywood-Produzenten genutzt. Für Kinder und Cineasten bietet der angeschlossene Filmpark neben atemberaubenden Stuntshows diverse andere Attraktionen. Hier können Sie Film (Filmhochschule) und Fernsehen (RBB) erlernen, erleben und als unser Tagungsgast die Hauptrolle ergreifen!

Traditionell ist inzwischen auch, dass der Potsdamer Weihnachtsmarkt alljährlich in blauem Licht erstrahlt. Die Musikfestspiele lassen den Sommer in Potsdam zu einem Klangerlebnis werden. Highlight, vor allem des Wassersports, ist die olympische Kaderschmiede, die in Potsdam ihr Zuhause hat.

## **Schlösserlandschaft**

Wer kennt ihn nicht, den berühmten Postkartenblick auf das sorglose Schloss „Sans, souci“. Drei große Parkanlagen und 16 Schlösser und Prunkbauten sorgen für Weltkulturgenuss hier auf dem Eiland.

Sehr empfehlenswert, sozusagen ein „must have“, ist die „Sanssouci“-App; Geschichte zum Mitnehmen bietet Ihnen die „PotsdamHistory“-App.

Lassen Sie sich überraschen!

## **Diplomatie**

Als vom 17.07.1945 bis 02.08.1945 im Schloss Cecilienhof die berühmte Potsdamer Konferenz tagte, wurde im Potsdamer Abkommen die politische Grundlage für eine demokratische Neuausrichtung Deutschlands festgeschrieben. Waffen schwiegen, die „Kunst der Verhandlung“ saß wieder gemeinsam am Tisch.

Auf der nahegelegenen Glienicker Brücke öffnete sich zwischen 1962 und 1986 mehrfach der „eiserne Vorhang“ für die berühmten Agentenaustausche als Folge diplomatischer Vermittlungen. Den klangvollen Namen „Bridge of Spies“ erhielt sie, als Steven Spielberg seinen gleichnamigen Film mit Hauptdarsteller Tom Hanks am Originalschauplatz drehte.

Stellen Sie doch einfach einmal einen Fuß auf die „Ostseite“ und einen auf die „Westseite“ der Brücke (Metallband auf der Mitte) und erleben Sie so ganz persönlich die Wiedervereinigung.

### **Arkadien**

Sowohl Friedrich der Große als auch Friedrich Wilhelm IV. (1795-1861) träumten von einem Rückzugsort der Schönheit, an dem Sie frei leben mochten. „Arkadien“, die Traumlandschaft der alten Griechen, fand in Potsdam die vielbewunderte preußische Interpretation ihrer selbst. Beide Könige zeichneten Handentwürfe für ihre großartigen Architekten; insbesondere der Italienbegeisterung Friedrich Wilhelms IV. verdankt die Stadt Potsdam ein südländisch anmutendes Flair.

Entdecken Sie bei abendlichen Spaziergängen durch die Stadt: Turmvillen, Potsdamer „Berge“, Seen, Parks. Und Ja! Sie dürfen uns Bewohner\*innen um diese phantastische Stadt ein bisschen beneiden.

### **Multikulti**

Weltoffenheit ist eine besondere Tugend der „Preußen“. Als der Große Kurfürst 1685 das „Edikt von Potsdam“ verabschiedete, um die aus Frankreich vertriebenen Hugenotten in der Mark Brandenburg aufzunehmen, eröffnete sich nachfolgend auch für andere Kulturen und Emigranten ein neuer Lebensraum. Es folgten Wiener Jüdische Familien, Holländische Handwerker, Böhmisches Weber und Spinner, ein russischer Soldatenchor, italienische Künstler, Schweizer Häuser, Chinoiserien, Japanische Kirschbäume, englischer Tudorstil, amerikanische Schauspieler u. v. m.. Zu den Exulanten der neuesten Zeit zählten Beamte der ehemaligen Rheinprovinzen, sowie indische Restaurantbetreiber usw.. Die Liste entbehrt der Vollständigkeit.

Fakt ist jedoch, dass alle Subjekte und Objekte in der Stadt ihre Spuren hinterließen - in Form der Russische Kolonie, des Französischen Doms, des Stadtteils „Alt Nowawes“ sowie des Schlosses und Parks Babelsberg, um nur einige zu nennen.

Konträre Mentalitäten und Meinungen sorgen jedoch auch immer für Zündstoff in der Stadt. Nach jahrelangem Ringen gelang es am 04. Juli 2024 eine Synagoge für alle jüdischen Gemeinden der Stadt zu eröffnen.

---

### **Schlusswort**

Mögen die berühmten preußischen Tugenden wie Fleiß, Ehrlichkeit, Pünktlichkeit, Toleranz uns allen eine interessante Tagung angedeihen lassen.

In Erfüllung der Tugend „Sparsamkeit“ hat Ihr Tagungspräsident Prof. Dr. med. Knut Albrecht die Gesamtorganisation „*pour le Roi de Prusse*“, wörtlich: „für den König von Preußen“, d. h. kostenfrei, mit seinen zielstrebigen, pflichtbewussten, verlässlichen Mitarbeitenden übernommen.

Für das Fachgebiet Rechtsmedizin wünsche ich Ihnen auch zukünftig exzellente Erfolge im Dienste der Gerechtigkeit: „*Suum cuique*“ („Jedem nach seinem Verdienst“)!

Ihre

Anette Müller