



EMPOP Workshop im Rahmen des DGRM Spurenworkshops

Donnerstag, 22. Februar 2018
14 – 17 Uhr, Congress Center Basel

Wir starten bei der im Labor ermittelten mtDNA Sequenz einer Spur (nach der Sanger- oder MPS-Methodik) und verwenden die Datenbank EMPOP zur Ermittlung der relativen Häufigkeit des Haplotyps, zur Bestimmung der Haplogruppe und zur phylogeographischen Interpretation der Sequenz. Wir besprechen die unterschiedlichen Abfragemodalitäten und deren Relevanz für die Fallarbeit. Schließlich üben wir anhand von praktischen Beispielen, wie die Interpretation im Gutachten gestaltet werden kann.

TeilnehmerInnen sind eingeladen, eigene Sequenzen mitzubringen oder ganze Fallbeispiele.

Dieser Workshop vermittelt praktisches Wissen für die forensische Fallarbeit und führt in die mitochondriale Phylogenie ein. Das optimale Zielpublikum hat Erfahrung mit der Sequenzierung der mtDNA; dies ist aber nicht Bedingung für eine Teilnahme.

Referent:

ao. Univ.-Prof. Dr. Walther Parson

E-Mail-Adresse für Fragen zum Programm

walther.parson@i-med.ac.at

Teilnehmerzahl:

3-20 Personen

Gebühr 80 EUR
inkl. Pausenverpflegung

Zu dieser Fortbildung melden Sie sich bitte über den 38. Spurenworkshop an.