

- basic prototype tool for forensic age estimation. *Forensic Sci Int Genet* 48:102322. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2020.102322>
11. Holländer O, Schwender K, Haas C et al (2021) Forensische DNA-Methylierungsanalyse. Erster, technischer Ringversuch der Arbeitsgruppe „Molekulare Altersschätzung“ der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin. <https://doi.org/10.1007/s00194-021-00492-7>
 12. Hong SR, Shin K-J, Jung S-E et al (2019) Platform-independent models for age prediction using DNA methylation data. *Forensic Sci Int Genet* 38:39–47. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.10.005>
 13. Horvath S (2013) DNA methylation age of human tissues and cell types. *Genome Biol* 14:3156. <https://doi.org/10.1186/gb-2013-14-10-r115>
 14. Mehta B, Daniel R, Phillips C, McNevein D (2017) Forensically relevant SNaPshot® assays for human DNA SNP analysis: a review. *Int J Legal Med* 131:21–37. <https://doi.org/10.1007/s00414-016-1490-5>
 15. Naue J, Hoefsloot HCJ, Kloosterman AD, Verschuere PJ (2018) Forensic DNA methylation profiling from minimal traces: how low can we go? *Forensic Sci Int Genet* 33:17–23. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.11.004>
 16. Naue J, Hoefsloot HCJ, Mook ORF et al (2017) Chronological age prediction based on DNA methylation: massive parallel sequencing and random forest regression. *Forensic Sci Int Genet* 31:19–28. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.07.015>
 17. Pfeifer M, Bajanowski T, Helmus J, Poetsch M (2020) Inter-laboratory adaptation of age estimation models by DNA methylation analysis—problems and solutions. *Int J Legal Med* 134:953–961. <https://doi.org/10.1007/s00414-020-02263-7>
 18. Schwender K, Holländer O, Klopffleisch S et al (2021) Development of two age estimation models for buccal swab samples based on 3 CpG sites analysed with pyrosequencing and minisequencing. *Forensic Sci Int Genet* 53:102521. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2021.102521>
 19. Vidaki A, Ballard D, Aliferi A et al (2017) DNA methylation-based forensic age prediction using artificial neural networks and next generation sequencing. *Forensic Sci Int Genet* 28:225–236. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.02.009>
 20. Weidner CI, Lin Q, Koch CM et al (2014) Aging of blood can be tracked by DNA methylation changes at just three CpG sites. *Genome Biol* 15:R24. <https://doi.org/10.1186/gb-2014-15-2-r24>
 21. Zbieć-Piekarska R, Spólnicka M, Kupiec T et al (2015) Development of a forensically useful age prediction method based on DNA methylation analysis. *Forensic Sci Int Genet* 17:173–179. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.05.001>

Rechtsmedizin 2021 · 31:216
<https://doi.org/10.1007/s00194-021-00486-5>

Online publiziert: 26. Mai 2021

© Springer Medizin Verlag GmbH, ein Teil von Springer Nature 2021



S. Egger¹ · D. Wand² · E. Scheurer¹ · I. Schulz¹ · D. Dion¹ · B. Balitzki¹

¹ Institut für Rechtsmedizin, Gesundheitsdepartement Basel-Stadt, Universität Basel, Basel, Schweiz

² Institut für Medizinische Genetik und Pathologie, Universitätsspital Basel, Basel, Schweiz

Erratum zu: Fehlerhafte Geschlechtsbestimmung aufgrund partieller Deletion des Y-Chromosoms

Erratum zu:
 Rechtsmedizin 2020

<https://doi.org/10.1007/s00194-020-00373-5>

Leider wurden bei diesem Beitrag die Autoren D. Dion und B. Balitzki nicht genannt. Die korrigierte Autorenreihenfolge finden Sie oben, der Originalbeitrag wurde entsprechend korrigiert.

Wir bitten, dies zu entschuldigen.

Korrespondenzadresse

I. Schulz

Institut für Rechtsmedizin, Gesundheitsdepartement Basel-Stadt, Universität Basel
 Pestalozzistraße 22, 4056 Basel, Schweiz
 iris.schulz@bs.ch

Die Online-Version des Originalartikels ist unter <https://doi.org/10.1007/s00194-020-00373-5> zu finden.