

Der genetische Fingerabdruck

- Meilenstein kriminalistischer Beweistechnik -



Dr. Harald Schneider

Hessisches Landeskriminalamt

dr.schneider@hlka.de

Teile dieses Manuskripts sind bereits erschienen unter:

Anders/Bratzke/Gotthardt/Parzeller

Die Bearbeitung von Tötungsdelikten -

*Ein praxisorientiertes Handbuch für das staatsanwaltliche
Ermittlungsverfahren*

Richard Boorberg Verlag

ISBN-Nr.: 3-415-03684-7

Der „genetische Fingerabdruck“ –

Meilenstein kriminalistischer Beweistechnik

Harald Schneider, Hessisches Landeskriminalamt, 65187 Wiesbaden

Weiterführende Literatur

Brodersen, Anslinger, Rolf, DNA-Analyse und Strafverfahren, 2003; **Hohoff, Brinkmann**, Trends in der forensischen Molekulargenetik, Rechtsmedizin, 2003, 183 - 189; **Schöneberg, Gerl, Oesterreich, Bastisch, Gerhard, Kärgel, Fesefeldt, Pflug**, DNA-Analyse von Hautabriebspuren; Kriminalistik, 2003, 497 - 499; **Wiegand, Rolf**, Analyse biologischer Spuren, Teil 1: Funktionelle Blutspurenmorphologie, Körpersekrete, Haare, Rechtsmedizin, 2003, 103 - 113; **Wiegand, Rolf**, Analyse biologischer Spuren, Teil 2: DNA-Typisierung, Rechtsmedizin, 2003, 375 - 383; **Wiegand, Rolf**, Analyse biologischer Spuren, Teil 3, Mitochondriale DNA und Y-chromosomale STRs, Rechtsmedizin, 2004, 473 - 484; **P. Schneider, Fimmers, H. Schneider und Brinkmann**, Allgemeine Empfehlungen der Spurenkommission zur Bewertung von DNA-Mischspuren, NStZ, 2007, 8, 447-450; **P. Schneider, H. Schneider, und R. Fimmers**, Allgemeine Empfehlungen der Spurenkommission zur statistischen Bewertung von DNA-Datenbank-Treffern, NStZ, 2010, Manuskript zur Publikation eingereicht

I. Einleitung

Der **genetische Fingerabdruck** gehört bereits seit 1989 zum Standardrepertoire kriminaltechnischer Untersuchungsmethoden. Dieses geradezu revolutionäre Verfahren hat aber erst in jüngster Zeit eine selbst für kühnste Optimisten nicht vorhersehbare Entwicklung genommen. So wurde die Palette untersuchbarer biologischer Spuren ganz wesentlich in Richtung mikroskopisch kleiner Blut-, Sekret-, Haut- und Haarspuren erweitert. Auch geringste, mit früheren Methoden nicht analysierbare Spuren (z.B. Hautschuppen an Tätermaskierungen, Kontakt- und Gebrauchsspuren an Tatwerkzeugen) sind nunmehr einer molekularbiologischen Untersuchung zugänglich.

Zwischenzeitlich ist es nahezu selbstverständlich, dass DNA-Befunde den oft entscheidenden Hinweis zur Aufklärung schwerster Kapitalverbrechen liefern oder aber zur Entlastung zuvor verdächtigter Personen beitragen. Mit den scheinbar „unbegrenzten“ Möglichkeiten der DNA-Analytik können aber nicht nur aktuelle, sondern auch Jahrzehnte zurückliegende Straftaten zweifelsfrei aufgeklärt werden. Der entscheidende Durchbruch dieses bahnbrechenden Verfahrens ist untrennbar mit der Einrichtung der **DNA-Analyse-Datei (DAD)** im Jahr 1998 verbunden. Seither steigt die Anzahl der Straftaten, die mit Hilfe einer DNA-Analyse zweifelsfrei geklärt werden konnten, unaufhaltsam von Jahr zu Jahr an.

Der vorliegende Beitrag unternimmt den Versuch, die auf dem heutigen Stand der Wissenschaft basierenden **Möglichkeiten und Grenzen der forensischen DNA-Untersuchung** in einer auch für den wissenschaftlichen Laien verständlichen Form zu erläutern sowie zukünftige Trends zu skizzieren.

II. Biologische Grundlagen

1. Was ist DNA ?

Träger der in den Genen enthaltenen Erbinformation sind bei allen Lebewesen die Nucleinsäuren. Bei allen höheren Organismen ist die genetische Information ausschließlich in Form der Desoxyribonucleinsäure (DNS, im Englischen DNA für **D**esoxyribo**N**ucleic **A**cid) gespeichert. Die DNA liefert gewissermaßen die Bauanleitungen für die unzähligen Eiweißmoleküle (Proteine) in den Zellen des jeweiligen Individuums. Der größte Teil der DNA befindet sich im Zellkern jeder einzelnen Zelle auf speziellen Verpackungseinheiten, den Chromosomen, und wird als **Kern-DNA** bezeichnet. Ein wesentlich kleinerer Anteil der DNA befindet sich außerhalb des Zellkerns in den Mitochondrien, den „Kraftwerken der Zelle“. Diese DNA wird als **mitochondriale DNA (mtDNA)** bezeichnet.

Biochemisch betrachtet handelt es sich bei der DNA um zwei fadenförmige Stränge, die - ähnlich einer verdrehten Strickleiter - zu einer charakteristischen Doppelschraube (DNA-Doppelhelix) umeinander gewunden sind (s. Abb. 1). Die Leiterstufen dieser „Doppelhelix“ bilden die Informationseinheiten des DNA-Moleküls. Man unterscheidet im Wesentlichen vier basische Leiterbausteine, die zum leichteren Verständnis mit den Buchstaben A (=Adenin), C (=Cytosin), G (=Guanin) und T (=Thymin) bezeichnet werden. Jeweils zwei der vier Basen sind paarweise angeordnet, wobei einem A auf dem einen Strang immer ein T und einem C immer ein G auf dem anderen Strang gegenüber steht. Man spricht im Zusammenhang mit dieser Gesetzmäßigkeit auch von der „Basenpaarungsregel“. Aus ihr folgt, dass die Information des einen Stranges quasi spiegelbildlich immer auch auf dem anderen Strang vorliegt. Die Verschlüsselung oder Kodierung der kompletten genetischen Information eines Lebewesens ist somit ausschließlich in der Abfolge dieser vier Bausteine verankert. Sie entspricht dem „**genetischen Code**“.

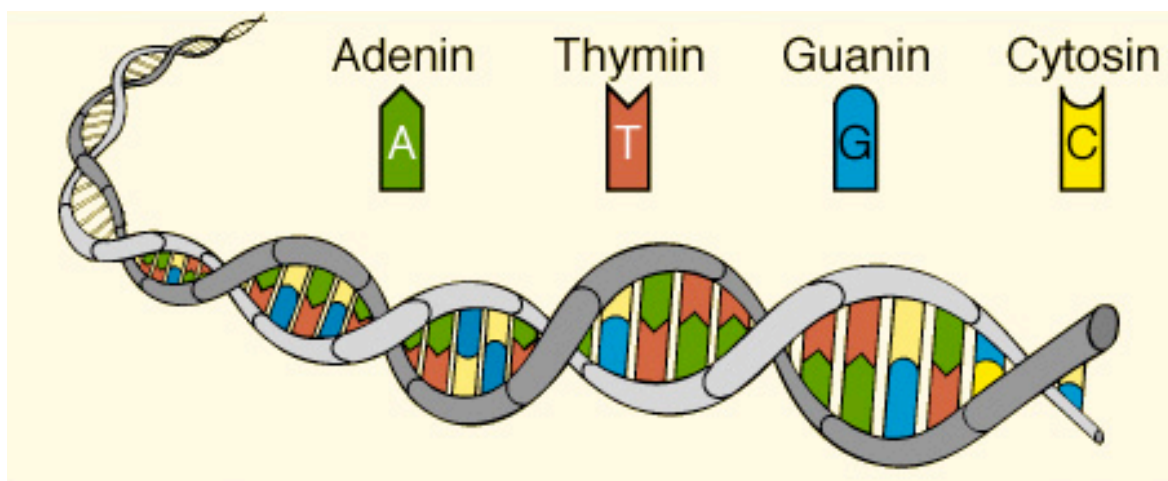


Abb. 1: Schematischer Aufbau der DNA-Doppelhelix

2. Kodierende und nichtkodierende DNA-Bereiche - Gene -

Grundsätzlich unterscheidet man auf der DNA kodierende und nichtkodierende Abschnitte. Als kodierende Bereiche bezeichnet man i.d.R. diejenigen Abschnitte des DNA-Moleküls, die abgelesen und in Proteine übersetzt werden können. Einzig und allein diese als **Gene** bezeichneten kodierenden Bereiche bilden die Grundlage für die Struktur, den Körperbau sowie alle Stoffwechselprozesse eines Lebewesens.

Eine Besonderheit des DNA-Doppelstranges besteht nun darin, dass nur ein verschwindend kleiner Teil - ca. zwei Prozent - der insgesamt 3,2 Milliarden Bausteine menschlicher DNA kodierend ist, während der überwiegende Teil der DNA aus nichtkodierenden, „persönlichkeitsneutralen“ Bereichen besteht. Es sei an dieser Stelle vorweggenommen, dass die forensische DNA-Analytik – mit Ausnahme eines geschlechtsspezifischen Merkmals - ausnahmslos Bereiche innerhalb dieser „inhaltslosen Füllmasse“ untersucht. Der von bestimmten Interessensgruppen im Zusammenhang mit dem genetischen Fingerabdruck häufig verwendete Begriff der **Genanalyse** oder **Genuntersuchung** ist somit nicht nur irreführend, sondern grundsätzlich falsch.

III. Forensisch nutzbare DNA-Systeme

1. Short Tandem Repeats (STRs)

Jede einzelne der Billionen kernhaltigen Zellen eines Menschen enthält einen identischen Satz an genetischer Information. Dabei spielt es keine Rolle, ob es sich um Blut, Gewebe, Speichel, Haare, Hautabrieb oder sonstiges biologisches Material humanen Ursprungs handelt. Vergleicht man jedoch die Erbinformation verschiedener Personen, so ergeben sich für die Basenabfolge an vergleichbaren DNA-Orten (Loci) erhebliche Unterschiede (Polymorphismen).

In der forensischen DNA-Analytik sind zur Erstellung der „genetischen Fingerabdrücke“ ausschließlich die **nichtkodierenden**, inhaltslosen **Abschnitte** des menschlichen Erbguts von Interesse. Die für die forensische Praxis derzeit wichtigsten Untersuchungsbereiche beschäftigen sich mit Längenunterschieden (Längenpolymorphismen) in so genannten **Short Tandem Repeats**. Bei diesen auch als Mikrosatelliten bezeichneten DNA-Abschnitten handelt es sich um kurze, sich vielfach wiederholende spezifische Basenabfolgen (z.B.: G-A-T-A), die sich zwischen verschiedenen Personen lediglich in der Anzahl der Wiederholungseinheiten (Repeats) und somit in ihrer Länge unterscheiden (s. Abb. 2).

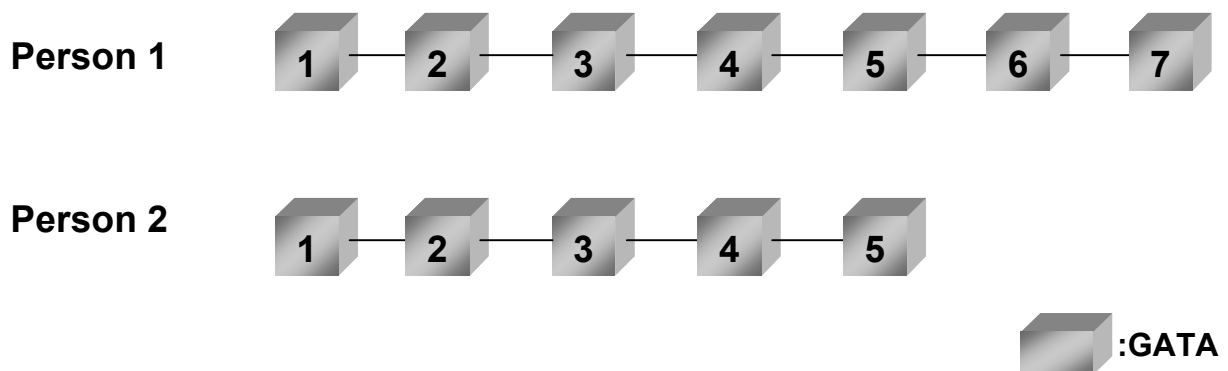


Abb. 2: Vereinfachte schematische Darstellung eines STR-Musters von 2 Personen

*Person 1 besitzt ein Merkmalsmuster mit 7 Wiederholungseinheiten (7 x GATA)
 Person 2 besitzt ein Merkmalsmuster mit 5 Wiederholungseinheiten (5 x GATA)*

Neueren Forschungsergebnissen der **Human Genome Organisation** („HUGO“) zufolge bestehen bis zu drei Prozent des gesamten menschlichen Erbmaterials aus STR-Sequenzen; d.h. es dürfte schätzungsweise bis zu einer Million solcher forensisch relevanter Systeme geben. Für die Einstellung eines DNA-Identifizierungsmusters in die DNA-Analyse-Datei (DAD) wurden bislang in Deutschland routinemäßig acht ausgewählte STR-Systeme typisiert: **SE33, D21S11, VWA, TH01, FIBRA, D3S1358, D8S1179, und D18S51**. Im Zuge der Kompatibilität der Daten mit anderen europäischen Ländern werden in Hessen routinemäßig noch drei zusätzliche STR-Systeme analysiert: **D2S1338, D16S539 und D19S433**. Gespeichert wird lediglich ein anonymer Zahlencode, wobei die Zahlenwerte der Anzahl der Wiederholungseinheiten in dem jeweiligen STR-System entsprechen (s. Abb. 3).

Hierbei ist zu erwähnen, dass jeder Mensch pro STR-System genau zwei Ausprägungen, **Allele** genannt, besitzt, wobei er eines der beiden Allele von seiner Mutter, das andere von seinem Vater ererbt hat. Man spricht hier auch häufig von Mischerbigkeit = Heterozygotie. In diesem Fall treten in einem STR-System zwei Merkmalsbanden auf. Hat eine Person jedoch

rein zufällig von beiden Elternteilen jeweils ein gleiches Merkmal ererbt, so weist sie in diesem DNA-System nur eine Merkmalsbande auf (Reinerbigkeit = Homozygotie).

STR-System	SE 33		D21S11		VWA		TH01		FIBRA		D3S1358	
	All. 1	All. 2	All. 1	All. 2	All. 1	All. 2	All. 1	All. 2	All. 1	All. 2	All. 1	All. 2
Person A	17	27	28	28	16	19	6	7	21	23	14	17

STR-System	D8S1179		D18S51		D2S1338		D16S539		D19S433		AMEL	
	All. 1	All. 2	All. 1	All. 2	All. 1	All. 2	All. 1	All. 2	All. 1	All. 2	All. 1	All. 2
Person A	10	13	16	17	23	25	12	13	14	16	X	Y

Abb. 3: Beispiel eines in der DNA-Datei gespeicherten Identifizierungsmusters

Prinzipiell stehen der Kriminaltechnik weit mehr als die benannten STR-Systeme für Untersuchungszwecke zur Verfügung, so dass bei speziellen Fragestellungen oder schwierigen Spurenlagen ein jeweils geeignetes Set an Untersuchungssystemen zusammengestellt werden kann. Wie wichtig eine sofortige Verfügbarkeit derartiger „Untersuchungswerkzeuge“ sein kann, zeigte sich im Zusammenhang mit der Flutkatastrophe in Südostasien. Bereits wenige Wochen nach diesem Ereignis einigten sich alle an der Identifizierung der unbekanntenen Toten beteiligten Staaten auf 16 international standardisierte STR-Systeme, so dass in den betroffenen Landeskriminalämtern umgehend mit den Untersuchungen von „Ante Mortem“-Proben der vermissten deutschen Staatsbürger begonnen werden konnte.

Neben den standardmäßig durchgeführten STR-Analysen gibt es in der forensischen Praxis noch weitere Untersuchungssysteme für spezielle Anwendungsbereiche, beispielsweise komplexe Mischspuren mit variierenden männlichen und weiblichen Spurenanteilen oder z.B. die häufig sehr schwierige Identifizierung und Zuordnung von Leichenteilen. Eine ausführliche Darstellung dieser häufig sehr speziellen Methoden würde den Rahmen des vorliegenden Manuskriptes sprengen. Nachfolgend sollen daher nur die wichtigsten Verfahren skizziert werden. Dem interessierten Leser wird ergänzend die angegebene weiterführende Literatur empfohlen.

2. Geschlechtsbestimmung

Wie zuvor erwähnt, ist die im Zellkern lokalisierte DNA der höheren Lebewesen – folglich auch die des Menschen – in Form von Chromosomen organisiert. Beim Menschen findet man insgesamt 23 Chromosomenpaare, die sich wiederum aus 22 nicht-geschlechtsgebundenen Chromosomenpaaren, den Autosomen, und den Geschlechtschromosomen (X- und Y-Chromosom) zusammensetzen. Während Frauen zwei X-Chromosomen aufweisen, findet man bei Männern ein X- und ein Y-Chromosom. Dieser Unterschied in der Verteilung der X- und Y-Chromosomen ist die Grundlage für die in der forensischen Spurenanalytik bedeutsame Geschlechtsbestimmung.

Ihre wichtigste Anwendung findet die Geschlechtsbestimmung bei Sexualdelikten oder generell bei Spurenfällen mit weiblichem Opfer und männlichem Täter. Eine hierdurch

mögliche gezielte Suche („Screening“) nach tatrelevanten männlichen Spuren erspart in derartigen Fällen Zeit und unnötige Kosten.

3. STRs auf dem Y-Chromosom (Y-STRs)

Y-chromosomale, also ausschließlich bei Männern vorkommende Short-Tandem-Repeats sind bei der Aufklärung derjenigen Sexualdelikte besonders hilfreich, bei denen ein vielfacher Überschuss der DNA des weiblichen Opfers eine Bestimmung des DNA-Profiles des männlichen Täters über **autosomale STRs**¹ verhindert.

Als nachteilig muss die geringe Beweiskraft dieser Methode angesehen werden. Y-chromosomale DNA-Merkmalismuster sind nur – bei Vorlage von Vergleichsmaterial möglicher Spurenleger – im direkten Vergleich auswertbar. Eine zweifelsfreie Identifizierung eines Spurenlegers ist darüber hinaus mit dieser Methode derzeit noch nicht möglich, sie liefert allerdings häufig ermittlungsrelevante Hinweise auf den möglichen „Täter“.

Eine weitere forensische Anwendung für Y-STRs resultiert aus dem speziellen Erbgang des Y-Chromosoms. Dieser männliche Anteil der Geschlechtschromosomen wird immer in identischer Ausprägung an alle männlichen Nachkommen vererbt (**paternale Vererbung**). Y-chromosomale STRs sind daher ideale Untersuchungswerkzeuge für spezielle Identifizierungsfälle oder Abstammungsanalysen, die die männliche Erblinie betreffen.

4. Sequenzpolymorphismen auf der mitochondrialen DNA (mtDNA)

Bei den ausschließlich über die mütterliche Linie vererbten **Mitochondrien (maternale Vererbung)** handelt es sich um außerhalb des Zellkerns lokalisierte Strukturen, die als „Kraftwerke“ der Zellen fungieren. In den bis zu 1000 pro Zelle vorhandenen Mitochondrien befinden sich jeweils mehrere Kopien eines kleinen, ringförmigen DNA-Moleküls, die mitochondriale DNA (mtDNA). Dieses lediglich aus 16.569 Bausteinen bestehende DNA-Molekül zeigt im Bereich der nichtkodierenden Sequenzen einen hohen Grad an Sequenzvariabilität zwischen verschiedenen Personen, welche ebenfalls zu Identifizierungszwecken genutzt werden kann. Im Gegensatz zu den bisher beschriebenen Längenpolymorphismen der STRs besitzt die mtDNA einen Sequenzpolymorphismus; d.h. die betrachteten Unterschiede bestehen nicht in der Anzahl der Wiederholungseinheiten, sondern im Bereich der reinen Basenabfolge, der Sequenz.

Basierend auf der geringen Größe des Moleküls, bei gleichzeitig tausendfach höherer Kopienzahl im Vergleich zur Kern-DNA, ist die mtDNA besonders für Untersuchungen von „**Altfällen**“ geeignet, in denen im Spurenmaterial die Kern-DNA bereits stark abgebaut (degradiert) vorliegt und nur geringe DNA-Mengen zu erwarten sind, beispielsweise bei Knochen, Haarschäften oder partiell zerstörtem Gewebe. Als Nachteil der mtDNA-Analyse muss neben einem hohen Untersuchungsaufwand ebenfalls der begrenzte Beweiswert gesehen werden. Die zweifelsfreie Identifizierung eines Spurenverursachers ist auch mit dieser Methode nicht möglich.

¹ Auf den Autosomen – d.h. nicht-geschlechtsgebundenen Chromosomen – lokalisierte STRs

IV. Allgemeiner Ablauf einer DNA-Analyse

Der Körper eines Menschen besteht aus Billionen kernhaltiger Zellen, mit der gleichen Anzahl identischer Kopien seines genetischen Materials. Verliert nun ein Straftäter an einem Tatort Zellen, z.B. in Form mikroskopisch kleiner Blut-, Speichel- oder Hautspuren, so hinterlässt er hundert- bis tausendfache Kopien seines genetischen Profils. Ziel einer forensischen DNA-Untersuchung ist es zunächst, im Rahmen der Spurensuche (s. Abb. 4), diese im Tatzusammenhang hinterlassenen relevanten Spuren zu lokalisieren, zu sichern und zu charakterisieren.

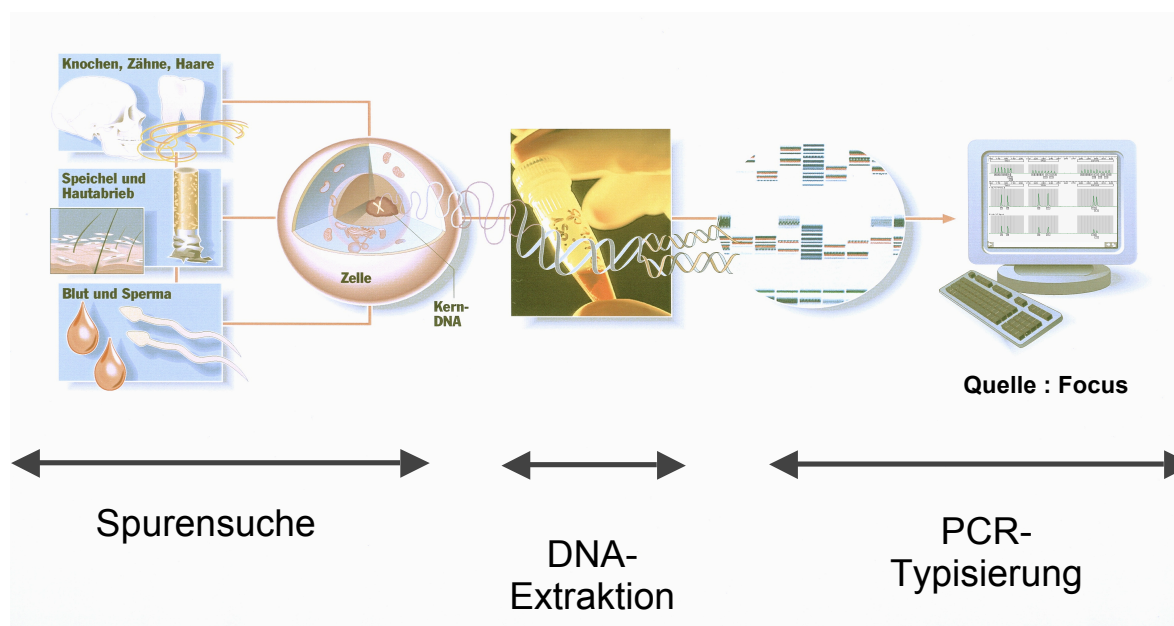


Abb. 4: Allgemeiner Ablauf einer DNA-Analyse

Anschließend erfolgt in einem zweiten Analyseschritt die Freisetzung (Extraktion) der DNA aus dem biologischen Material. Die eigentliche DNA-Merkmalbestimmung findet nachfolgend mittels der so genannten **PCR-Technik (Polymerase-Chain-Reaction)** statt. Methodisch funktioniert die PCR nach dem Prinzip einer Kopiermaschine. Mit Hilfe dieses bahnbrechenden Verfahrens ist es nunmehr möglich, beliebige DNA-Bereiche des vorliegenden DNA-Materials nahezu unbegrenzt zu vervielfältigen. So können von ausgewählten (STR-) Bereichen des menschlichen Genoms millionenfach identische Kopien erstellt und einer DNA-Typisierung zugänglich gemacht werden. In der Praxis werden hierzu die PCR-Produkte im elektrischen Feld entsprechend ihrer Größe sortiert und nachfolgend automatisch vermessen. Ein typisches DNA-Analyseergebnis zeigt die Darstellung in Abb. 5.

Bei dem oben geschilderten Prozess handelt es sich selbstverständlich um eine stark vereinfachte Darstellung eines mitunter hochkomplexen Untersuchungsablaufs. War in den Anfangszeiten der forensischen DNA-Untersuchung die Analytik der schwierigste und zeitaufwändigste Schritt, so lässt sich dieser Bereich heute durch die neueste Generation der Analysensysteme weitestgehend automatisieren. Der Schwerpunkt einer erfolgreichen und beweisheblichen DNA-Untersuchung verschiebt sich daher immer mehr in Richtung der Identifizierung und selektiven Auswahl tatrelevanter Spuren.

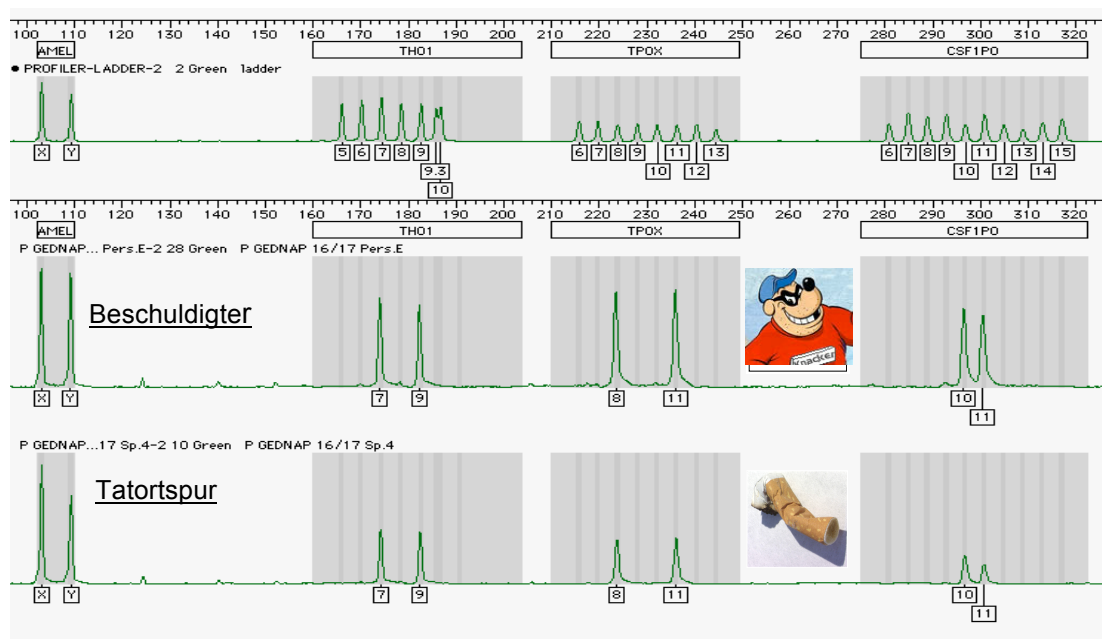


Abb.5: Übereinstimmende DNA-Profile in einem typischen Spurenfall

Nachfolgendes Fallbeispiel mag diese Problematik verdeutlichen:

Die achtjährige Julia H. aus B. verschwindet am 29. Juni 2001 spurlos von einem Spielplatz in der Nähe ihres Elternhauses. Ihre bis zur Unkenntlichkeit verbrannte Leiche wird nur fünf Tage später in einem ca. 60 km entfernten Waldstück der Gemeinde N. entdeckt. Die zeitweilig aus mehr als 70 Personen bestehende "SOKO JULIA" leistet in den folgenden Wochen und Monaten eine nahezu beispiellose kriminalpolizeiliche Ermittlungsarbeit. Dabei gehen die Beamten wegen der großen öffentlichen Anteilnahme u.a. auch über 2500 Hinweisen aus der Bevölkerung nach.

Hierdurch ergeben sich schon wenig später erste Verdachtsmomente gegen einen 33-jährigen Familienvater aus Julias Heimatort. Dessen Alibi stellt sich nachweislich als falsch heraus. Darüber hinaus ist der Tatverdächtige in unmittelbarer Nähe des Leichenfundorts von einer Radaranlage erfasst worden. Am 6. August 2001 kommt es im Keller des Wohnhauses des Tatverdächtigen zu einer folgenschweren Gasverpuffung, bei der dieser lebensgefährliche Brandverletzungen erleidet.

Der Fachgruppe „Biologie“ des zuständigen Landeskriminalamtes wurden in den folgenden Wochen hunderte im Tatzusammenhang gesicherte Asservate aus dem Bereich des Leichenfundorts bzw. aus dem Wohnhaus des Beschuldigten zur DNA-analytischen Spurenauswertung übersandt. U.a. sollte auch ein in besagtem Keller sichergestellter Teppichboden auf mögliche Blut-, Haar- und Hautspuren des Opfers untersucht werden. Insgesamt 40 m² Teppichfläche mussten in den nächsten Wochen akribisch nach möglichen Mikrospuren abgesucht werden. Obwohl die Erfolgsaussicht in Anbetracht der starken Brandbeschädigungen und der erheblichen Löschwassermengen zunächst als aussichtslos eingestuft wurde, gelang den Mitarbeitern der Kriminaltechnik schließlich das scheinbar „Unmögliche“. Es wurden zwei insgesamt nur 0,5mm² große Blutspuren an der Unterseite des Teppichs entdeckt (s. Abb. 6).



Abb. 6: Identifizierte Mikroblutspur ($<0.5\text{mm}^2$) am Teppich des Brandkellers

Nach mehr als vierwöchiger intensiver Spurensuche bedurfte es nach der Identifizierung dieser Mikroblutspuren nur noch weniger Stunden, um die eigentlichen DNA-Befunde vorzulegen. Die Blutspuren stammten mit einem Beweiswert von 1 zu 100 Milliarden, d.h. mit “an Sicherheit grenzender Wahrscheinlichkeit” von der getöteten Julia H.

Nicht zuletzt aufgrund der erdrückenden Beweislast der DNA-Befunde wurde der Angeklagte schließlich im Mai 2003 durch das Landgericht in G. zu einer lebenslangen Haftstrafe verurteilt, ein Revisionsantrag der Verteidigung wurde im Februar 2004 als unbegründet abgelehnt.

V. Geeignete Spurenarten

Die Etablierung und permanente Weiterentwicklung der PCR-Technologie hat innerhalb von nur zehn Jahren die forensische Untersuchung biologischer Spuren sowohl in quantitativer als auch in qualitativer Hinsicht geradezu revolutioniert. Praktisch sämtliche Spuren menschlicher Herkunft sind inzwischen DNA-analytisch typisierbar. Wie das obige Fallbeispiel zeigt, gilt dies selbst dann, wenn die auszuwertenden Spuren in einem bereits größtenteils zerstörten Zustand vorliegen. So ist es heute auch möglich, aus biologischen Spuren, die nur noch wenige Zellen enthalten, selbst noch nach Jahrzehnten auswertbare DNA-Profile zu bestimmen. Die nachfolgende Zusammenfassung liefert eine grobe **Übersicht des gegenwärtigen Untersuchungsspektrums** unter besonderer Berücksichtigung so genannter „Hautabriebspuren“.

Blut	Blutspuren gehören in der forensischen Praxis zu den häufigsten Spuren. In Abhängigkeit vom jeweiligen Tatablauf befinden sie sich in unterschiedlicher Größe und Ausprägung auf prinzipiell allen erdenklichen Trägermaterialien. Bei sachgerechter Asservierung bzw. Sicherung lassen sich selbst mikroskopisch kleine Blutspuren noch nach Jahrzehnten erfolgreich untersuchen. Ungewöhnliche Spurenformen und Verteilungsmuster ermöglichen in Einzelfällen eine Rekonstruktion des Tatablaus. Eine exakte und detaillierte Spurendokumentation ist hierzu unerlässlich.
Speichel	Speichelspuren sind ebenfalls häufig zu erwartende Spuren. Bei Raub-, Erpressungs- und Diebstahldelikten befinden sich derartige Spuren z.B. an Zigarettenkippen, Trinkgefäßen, Maskierungen, Briefmarken und Briefkuverts. Bei Sexualdelikten sind Speichelspuren auch als Kuss- und Bissspuren denkbar.
Sperma	Die Identifizierung von tatrelevanten Spermaspuren ist vorrangiges Ziel der Untersuchung von Sexualdelikten. Neben den im Rahmen der gynäkologischen Untersuchung entnommenen Abstrichproben befinden sich Spermaspuren häufig auf der Haut, an den Händen, an der Bekleidung oder der Bettwäsche des Opfers. Bemerkenswert erscheint in diesem Zusammenhang die Tatsache, dass Spermaspuren in Einzelfällen noch 2-3 Tage nach einem ungeschützten Geschlechtsverkehr im vaginalen Bereich des Opfers nachgewiesen werden können. Neben der detaillierten Kenntnis des Tatablaus sind somit Informationen über den letzten legalen Verkehr sowie eine zusätzliche Untersuchung der Vergleichsproben legaler Spurenleger für eine beweishebliche DNA-Untersuchung unerlässlich.
Vaginalsekret	Wird nach einem Sexualdelikt ein Tatverdächtiger zeitnah ermittelt, so sollten neben der Sicherstellung der mutmaßlichen Tatkleidung unbedingt Penisabstriche des Beschuldigten entnommen werden. Gegebenenfalls lassen sich noch Vaginalepithelien des Opfers am Täter nachweisen und die oftmals schwierige Beweislage erhärten. Vergleichbares gilt z.B. auch für am Tatort sichergestellte Kondome sowie mutmaßlich zur Reinigung verwendete Papiertücher.
Haare	Haare mit Wurzel, die beispielsweise auf der Kleidung eines Opfers gefunden werden und bei denen ein Tatzusammenhang vermutet wird, lassen sich in vielen Fällen erfolgreich typisieren. Während sich ausgerissene Haare i.d.R. als unproblematisch erweisen, ist die Erfolgsquote bei ausgefallenen, so genannten „telogenen Haaren“ mit degenerierter Wurzel erheblich geringer. Haarschäfte, d.h. Haare ohne Wurzel, sind mit den routinemäßig verwendeten STR-Systemen nicht analysierbar. Eine Untersuchung ist unter Hinweis auf die beschriebenen Einschränkungen nur noch mittels der erwähnten mitochondrialen DNA-

	Typisierung möglich.
Haut-abriebe	Die Untersuchung von Hautabrieb in Form von sog. „Kontakt-“ und „Gebrauchsspuren“ hat durch die stetige Steigerung der Untersuchungssensitivität zunehmend an Bedeutung gewonnen. Waren es zunächst nur Abriebspuren von Fingernagelproben, die z.B. nach einem Sexualmord zur Täteridentifizierung führten, so ist heute die Untersuchung aller denkbaren Gegenstände auf Hautabriebspuren im Hessischen Landeskriminalamt Laborroutine. Insbesondere die hier entwickelte Technik zur Präparation einzelner Hautschuppen hat maßgeblich zur Aufklärung vieler Kapitalverbrechen beigetragen.

Spektakuläre Aufklärungserfolge, wie beispielsweise der 1994 begangene und schließlich im Jahre 2001 geklärte Doppelmord an zwei 15-jährigen Schülerinnen aus L., der im Jahr 2005 geklärte Mord an dem Münchner Modemacher Rudolph M. oder die Identifizierung des so genannten „Brummimörders“ im Jahr 2007, haben allerdings zu einer stark überzogenen Erwartungshaltung auf Seiten der Strafverfolgungsbehörden geführt. So sollen immer häufiger alle Gegenstände, die ein Täter theoretisch angefasst haben könnte, auf „Fremd-DNA“ untersucht werden, und zwar unabhängig von der Deliktart und der mutmaßlichen Tatrelevanz des Spurenmaterials. Die hieraus resultierenden Konsequenzen mit z.T. nicht mehr tolerierbaren Erledigungszeiten für die kriminaltechnischen Untersuchungen sind hinlänglich bekannt.

Zum besseren Verständnis der Problemspur „**Hautabrieb**“ und zur Vermeidung übertriebener Erwartungen sollen die nachfolgenden kurzen Anmerkungen dienen:

Grundsätzlich verliert jede Person zu jedem Zeitpunkt Zellmaterial. Lässt sich nach einer Straftat der Tatablauf weitgehend rekonstruieren, so können vom Täter am Tatort hinterlassene Spuren gezielt gesichert und zumindest theoretisch auch molekulargenetisch analysiert werden. Die Erfolgsaussichten dieser extrem zeit- und kostenintensiven Untersuchungen sind jedoch im Allgemeinen als sehr gering einzustufen. Dies ist zum einen auf die geringe Menge an übertragenen kernhaltigen Zellen, zum anderen auf die häufig zu beobachtenden komplexen, nicht interpretierbaren **Mischspurbefunde** zurückzuführen.

Die Erfahrungen der letzten Jahre haben gezeigt, dass Untersuchungen an Schusswaffen, Tatwerkzeugen und Täterbekleidungen (Gebrauchsspuren) in vielen Fällen zu auswertbaren Ergebnissen führen, während DNA-Typisierungen an Kabelbindern, Klebebändern, Lenkrädern, Schaltknüppeln, Tür- und Fenstergriffen etc. (Kontaktspuren) in deutlich geringerer Anzahl erfolgreich verlaufen.

Generell gilt: Eine Untersuchung von Hautabriebspuren ist nur in solchen Fällen sinnvoll, in denen die Tatrelevanz des Spurenmaterials angenommen werden kann, von einem intensiven Kontakt zu den Hautoberflächen des Täters auszugehen ist und die Anzahl der Personen, die als potentielle Spurenleger in Betracht zu ziehen sind, eingegrenzt werden kann.

VI. Allgemeine Anforderungen an die Spurensicherung

Aufgrund der hohen Nachweisempfindlichkeit DNA-analytischer Untersuchungsmethoden ergeben sich zwangsläufig auch qualitativ erhöhte Anforderungen an die Tatortarbeit. Besonders unter Berücksichtigung der problematischen Hautabriebspuren muss von Beginn an das hohe **Risiko einer Kontamination** beachtet werden. Da grundsätzlich jede Person DNA-Spuren am Tatort hinterlassen kann, darf den Tatort nur betreten, wer ihn betreten muss. Bei allen nachfolgenden Spurensicherungsmaßnahmen ist stets darauf zu achten, dass durch das Tragen geeigneter **Schutzbekleidung** und die Verwendung von Einwegmaterial die unabsichtliche Übertragung von biologischem Material ausgeschlossen werden kann.

Die am Tatort zu sichernden Spuren und Spureenträger sind in der Praxis unendlich variantenreich. Hier sind die Erfahrung, die Phantasie und das Vorstellungsvermögen der Tatortbeamten besonders gefragt. Spezielle Vorgaben können daher an dieser Stelle nicht gemacht werden. Es sollte jedoch bedacht werden, dass eine nach dem Zufallsprinzip durchgeführte willkürliche Asservierung i.d.R. nicht zu beweisheblichen Befunden führen wird, sondern lediglich zu einer unnötigen Bindung von Ressourcen bei der mit der Auswertung betrauten Untersuchungsstelle. Hautabriebspuren sollten ausschließlich durch die Mitarbeiter der Kriminaltechnik in den zu diesem Zweck speziell eingerichteten Laboratorien gesichert werden. Für eine entsprechende Untersuchung geeignete Spureenträger sind daher grundsätzlich im Original zu asservieren. Nur in Ausnahmefällen – z.B. bei PKW-Untersuchungen – kann die Sicherung vor Ort durch besonders qualifizierte Tatortbeamte erfolgen.

Für eine fachgerechte Asservierung biologischer Spuren sind nur wenige Grundsätze zu beachten und Fehler somit leicht zu vermeiden. Der leider immer noch häufigste Fehler besteht darin, dass biologische Spuren nach der Sicherung nicht vollständig getrocknet werden. Feuchtigkeit und Wärme sind die denkbar ungünstigsten Lagerungsbedingungen. In diesem Milieu kommt es bereits nach kürzester Zeit zu einer Vermehrung von Bakterien und Pilzen mit der Folge der vollständigen Zerstörung der DNA. Biologische Spuren müssen daher unbedingt getrocknet werden. Nach der vollständigen Trocknung ist das Untersuchungsmaterial unverzüglich der Untersuchungsstelle zuzuleiten. Ist in begründeten Ausnahmefällen eine Zwischenlagerung jedoch unumgänglich, so wird eine lichtgeschützte, trockene und staubfreie Lagerung bei moderater Raumtemperatur empfohlen. Ein Einfrieren bzw. eine kurzfristige Zwischenlagerung von Spuren im Kühlschrank ist nur in den wenigen Fällen erforderlich, in denen eine Trocknung problematisch erscheint oder aber der Trocknungsgrad nicht eindeutig beurteilt werden kann (z.B. bei benutzten Kondomen oder verderblichen Lebensmitteln). In allen Zweifelsfällen sollte umgehend mit der Untersuchungsstelle Kontakt aufgenommen werden.

Die DNA-Analyse ist grundsätzlich kein „Allheilmittel“. Eine professionelle Tatortarbeit muss daher immer auch die speziellen Anforderungen anderer kriminaltechnischer Disziplinen berücksichtigen, um damit die Basis für die Ausschöpfung aller Beweismöglichkeiten zu schaffen. In vielen zunächst aussichtslos erscheinenden Fällen ist es nur über eine den Untersuchungszusammenhang wahrende, fachübergreifende Auswertung aller Tatortspuren möglich, den entscheidenden Täterhinweis zu liefern. Die Kriminaltechnischen Institute des Bundes und der Länder bieten hier das erforderliche interdisziplinäre Untersuchungsangebot für alle denkbaren kriminalistischen Fragestellungen .

VII. DNA-Analyse-Datei (DAD)

Mit Einführung der DNA-Technologie im Jahr 1991 wurden DNA-Analysen zunächst nur auf solche Delikte begrenzt, in denen ein konkreter Tatverdacht vorlag. Was konnte man aber in Fällen tun, in denen es keinen Tatverdächtigen gab, dessen DNA man mit den am Tatort aufgefundenen Spuren hätte vergleichen können? Um die Methode auch für solche Straftaten zu nutzen, wurde im April 1998 die DNA-Analyse-Datei eingerichtet. In dieser Datei wurden fortan die DNA-Identifizierungsmuster von bereits verurteilten Straftätern, beschuldigten Personen und Tatortspuren aus der gesamten Bundesrepublik gespeichert.

Die Erfolgsbilanz dieser Datei hat bereits jetzt die kühnsten Prognosen übertroffen. Der Datenbestand betrug im Dezember 2009 insgesamt 835.275 DNA-Identifizierungsmuster. Erfasst waren bis dahin 668.721 Personen und 166.554 Spuren. Bei insgesamt 93.865 Datenbanktreffern konnten bislang 73.078 Spuren einer gespeicherten Person und 20.787 Spuren einer weiteren Tatortspur zugeordnet und so entsprechende Tatzusammenhänge hergestellt werden (s. Abb. 7).

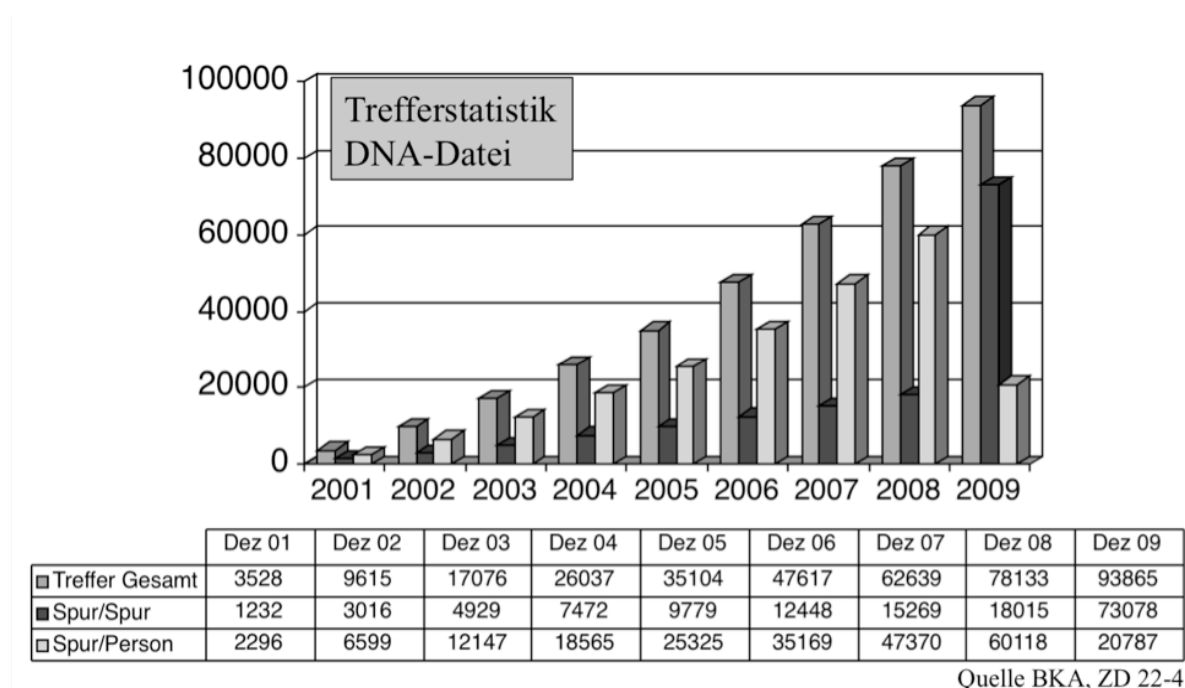


Abb. 7: Trefferstatistik der DNA-Analyse-Datei (Stand: 31.12.2009)

Die Aufklärungsquote liegt derzeit bei ca. 25%; d.h. im statistischen Mittel kann jeder 4. Dateneintrag sofort einer Person oder aber einer Spur aus anderen Straftaten zugeordnet werden. Das Potential dieser Datei ist jedoch noch längst nicht ausgeschöpft, denn die Wirksamkeit einer Datenbank hängt zwangsläufig von der Anzahl der verfügbaren Datenbankeinträge ab. Ein stetig wachsender Datenbestand vergrößert somit auch die Möglichkeit einer zeitnahen Straftatenaufklärung.

Nicht nur aus Polizeikreisen wird daher zunehmend die Forderung erhoben, die DNA-Untersuchung zu einer Standardmaßnahme der erkennungsdienstlichen Behandlung zu machen. Entsprechende Gesetzesinitiativen der Länder Hessen und Bayern waren bislang allerdings politisch nicht mehrheitsfähig. Einen aus Sicht der Ermittlungsbehörden entscheidenden Schritt in die richtige Richtung liefert jedoch inzwischen die seit dem

01.11.2005 rechtswirksame Gesetzesnovellierung zur DNA-Analyse. Als Folge des Wegfalls des Richtervorbehalts bei der molekulargenetischen Untersuchung von Spuren (§ 81f Abs. 1 Satz 2 StPO) sowie von Personen, die dem Verfahren ausdrücklich zugestimmt haben (§ 81f Abs. 1 StPO) und der Ausweitung des Anlasstatenkatalogs (§ 81g Abs. 1 Satz 2 StPO) ist inzwischen bundesweit eine Verdopplung bis Verdreifachung der Probenzahlen und daraus resultierend ein deutlicher Anstieg der Datenbankeinträge festzustellen. Die Bundesrepublik dürfte somit in absehbarer Zeit – vergleichbar der britischen DNA-Datei mit wöchentlich ca. 300-500 Treffern – über eines der weltweit effizientesten Mittel zur Verbrechensaufklärung im 21. Jahrhundert verfügen.

Eines muss jedochs unmissverständlich klargestellt werden: Die bei der Nutzung der DNA-Datenbank erzielten Treffer stellen keinen absoluten Beweis, sondern lediglich ein Indiz dar. Eine DNA-Untersuchung ermöglicht immer nur die Identifizierung eines Spurenverursachers - und dieser ist selbstverständlich nicht zwingend auch der Täter.

VIII. Grenzüberschreitende Verbrechensbekämpfung

Während Verbrecher zurzeit in einem Europa ohne Grenzen freie Fahrt haben, ist den Strafverfolgungsbehörden ein DNA-Abgleich i.d.R. nur auf nationaler Ebene möglich.

Wie in Deutschland, gibt es inzwischen auch in vielen anderen europäischen Ländern vergleichbare DNA-Dateien. Rein technisch wären damit die Voraussetzungen für eine internationale Vernetzung dieser Dateien zu einer europäischen DNA-Datenbank gegeben. Die vielfältigen rechtlichen und politischen Probleme einer grenzüberschreitenden Verbrechensbekämpfung haben eine Realisierung dieser Möglichkeiten bislang leider verhindert.

Im Eifelstädtchen Prüm hat man im Mai 2005 einen wichtigen Meilenstein gesetzt. Dort haben die zuständigen Minister Deutschlands, Belgiens, Spaniens, Frankreichs, der Niederlande, Luxemburgs und Österreichs einen multilateralen Vertrag über die Vertiefung der grenzüberschreitenden polizeilichen Zusammenarbeit, den Prümer Vertrag abgeschlossen. Dieser Vertrag sieht vor, dass neben anderen polizeilichen Daten wie beispielsweise KFZ-Kennzeichen auch DNA-Profile zur Strafverfolgung grenzüberschreitend verglichen werden können. Zwischenzeitlich sind auch Finnland, Slowenien, Ungarn und Norwegen² dem Vertrag beigetreten; eine Absichtserklärung zum Beitritt haben die Länder Italien, Portugal Rumänien, Bulgarien, Schweden und Griechenland unterzeichnet. Weitere EU-Staaten werden folgen.

Aufgrund der stetig wachsenden Anzahl an Datensätzen in der DNA-Analyse-Datei steigt auch die Wahrscheinlichkeit einer zufälligen Übereinstimmung zwischen einer Spur und einer Person. Daher war es – auch im Zuge des zunehmenden Abgleichs mit den DNA-Datenbanken anderer europäischer Staaten – zwingend erforderlich, eine Erweiterung der DNA-Analyse-Datei vorzunehmen. Im Hinblick auf eine europaweite Kompatibilität der Daten wurde zwischenzeitlich durch ENFSI³ die Einführung fünf zusätzlicher DNA-Systeme empfohlen und per EU-Ratsbeschluss vom 30.11.2009 als neuer europäischer Standard (ESS⁴) definiert: **D10S1248, D22S1045, D2S441, D1S1656 und D12S391.**

² Norwegen hat das Prümer Abkommen am 22. November 2009 unterzeichnet

³ European Network of Forensic Science Institutes

⁴ European Set of Standard

IX. Biostatistische Bewertung DNA-analytischer Befunde

Bei „Einzelpersonenspuren“ (d.h. reinem Spurenmaterial *eines* Spurengebers) ist bei erfolgreicher Typisierung von mindestens acht STR-Systemen in der Regel eine zweifelsfreie Zuordnung zu einer Person gegeben. Eine biostatistische Bewertung erfolgt über die Berechnung der Häufigkeit des an dem Spurenmaterial nachgewiesenen und mit dem Vergleichsmaterial übereinstimmenden DNA-Merkmalismusters in der relevanten Bevölkerungsgruppe.

Komplexer sind die Verhältnisse bei Mischspuren (d.h. Mischungen von Zellmaterial bzw. Körpersekreten mehrerer Personen). Hier werden auf der Grundlage sowohl nationaler als auch internationaler Empfehlungen verschiedene Szenarien unterschieden:

Ist eine eindeutige **Hauptkomponente**⁵ in der Mischspur erkennbar, so kann für diese Hauptkomponente – analog den „Einzelpersonenspuren“ – die Merkmalshäufigkeit berechnet werden.

Handelt es sich um eine Mischspur **ohne deutliche Hauptkomponente**, ist eine Auswertung im Abgleich möglich, d.h. eine Person kann als potentieller „Mitspurenverursacher“ (d.h. Verursacher eines Spurenanteils der Mischspur) ein- oder ausgeschlossen werden. Zur biostatistischen Bewertung derartiger Mischspuren stehen – je nach Komplexität der Spurenlage – prinzipiell zwei verschiedene Verfahren zur Verfügung.

Die sog. „Einschluss-Chance [P(I)]“ bzw. „Ausschluss-Chance [P(E)]“ gibt die gemeinsame Wahrscheinlichkeit (relative Häufigkeit in der Population) für alle Merkmalskombinationen an, die von der Beteiligung an der Spur ausgeschlossen bzw. nicht ausgeschlossen werden können. Der Wert beschreibt somit, mit welcher Wahrscheinlichkeit eine beliebige Person als Spurengeber nicht ausgeschlossen [P(I)] oder ausgeschlossen [P(E)] werden kann.

Der sog. „Likelihood-Quotient (LQ)“ beruht auf zwei sich gegenseitig ausschließenden Hypothesen (z.B.: „Der Tatverdächtige und eine unbekannte Person sind Verursacher der Mischspur.“ vs. „Zwei unbekannte Personen sind Verursacher der Mischspur.“). Berechnet werden die Wahrscheinlichkeiten für das Zustandekommen der Mischspur unter der Annahme beider Hypothesen, die dann zueinander ins Verhältnis gesetzt werden.

In einigen Fällen sind Mischspuren nur zum direkten Vergleich geeignet, da beispielsweise aufgrund einer zu geringen DNA-Menge und / oder -Qualität nicht in allen untersuchten DNA-Systemen reproduzierbare Befunde erhalten werden.

Bei derartigen komplexen Spurenlagen wird dringend empfohlen, auf eine biostatistische Berechnung zu verzichten.

⁵ Mindestverhältnis von Haupt- zu Nebenkompente/n beträgt 4:1

IX. Zukunftsperspektiven

1. Methodische Entwicklungen

Auf der Basis der zu erwartenden technischen Fortentwicklung im forensischen Bereich dürfte sich insbesondere die Erfolgsquote für die Untersuchung der Hautabriebspuren oder anderer „Minimalspuren“ deutlich erhöhen. Diese positive Prognose basiert im Wesentlichen auf der Einführung der so genannten Real-Time-PCR-Technologie⁶. Diese methodische Weiterentwicklung des PCR-Verfahrens erlaubt eine der eigentlichen STR-Typisierung vorgeschaltete quantitative und qualitative Voruntersuchung des zu analysierenden Spurenmaterials. Durch die forensische Anwendung dieser Technologie ist es bereits jetzt möglich, z.B. aus einer Vielzahl von gesicherten Hautabriebspuren eines Tatortes nur diejenigen für eine nachfolgende DNA-Untersuchung auszuwählen, bei denen die festgestellten DNA-Mengen eine erfolgreiche DNA-Typisierung erwarten lassen. Durch eine weitere Optimierung dieser Methode werden in naher Zukunft auch an sehr alten, zurzeit nicht analysierbaren Spuren exakte qualitative Aussagen über den Degradationsgrad der DNA möglich sein. Aus der Gesamtheit der aus dieser Voruntersuchung gewonnenen Informationen lassen sich dann für jeden denkbaren Spurenfall geeignete Untersuchungsstrategien – z.B. durch die Auswahl entsprechender Markersysteme für degradierte Spuren – festlegen und somit die Erfolgsaussichten einer DNA-Analyse auch in schwierigen Spurenfällen deutlich erhöhen.

Ein vielversprechender Ansatz ist hier die Typisierung verkürzter STR-Systeme (sog. „Mini-STRs“). Entsprechende Untersuchungssysteme sind bereits kommerziell erhältlich und werden aktuell in den entsprechend spezialisierten Laboratorien etabliert.

2. „Genetisches Phantombild“

Was den zukünftigen Einsatz der DNA-Analyse angeht, so verbinden sich vor allem mit dem Schlagwort des „genetischen Phantombilds“ ganz erhebliche Erwartungen. Für Aufklärungs- und Fahndungszwecke wären Abschätzungen über die Körpergröße, die Augen-, Haar- oder Hautfarbe, das Alter sowie die ethnische Zugehörigkeit eines Spurenlegers zweifelsfrei von größtem Nutzen. Nach dem derzeitigen Stand der Forschung sind hierzu jedoch – ungeachtet einer fehlenden gesetzlichen Regelung - noch keine gesicherten wissenschaftlichen Aussagen möglich. Es erscheint aber zumindest wahrscheinlich, dass sich durch die rasante Fortentwicklung der medizinischen Forschung und das hiermit einhergehende wachsende Verständnis der molekularen Zusammenhänge zwangsläufig neue Möglichkeiten eröffnen werden.

Eine klare und eindeutige gesetzliche Regelung für oder gegen eine zukünftige Nutzung und strafprozessuale Verwendung derartiger, im kodierenden Bereich der DNA zu erwartender „molekularer Ermittlungshilfen“ wird daher in absehbarer Zeit dringend geboten sein.

Wiesbaden, im März 2010

⁶ auch als quantitative PCR, Echtzeit-PCR oder TaqMan-Verfahren bezeichnet