https://www.gen-ethisches-netzwerk.de/node/1333

Gen-ethischer Informationsdienst

Nachweisgrenzen der DNA-Analyse

Interview mit Peter Schneider

AutorIn
Peter Schneider

Der kriminalistischen DNA-Analyse haftet der Mythos der Unfehlbarkeit an. Es gibt aber vielfältige Grauzonen und Fehlerquellen – von der Schwierigkeit, Mischspuren zu analysieren über Zufallstreffer in Datenbanken bis zu Verunreinigungen im Labor.

Als Experte für forensische DNA-Analyse an der Universität Köln sind Sie ein Ansprechpartner für die deutschen Ermittlungsbehörden. Inwiefern unterstützen Sie deren Arbeit?

Zum einen bearbeiten wir jährlich etwa 1.000 Laboruntersuchungsaufträge aus laufenden Ermittlungsverfahren für das Landeskriminalamt Nordrhein-Westfalen sowie für die Polizeibehörden aus Köln und Umgebung. Zum anderen bin ich als Wissenschaftler Mitglied in verschiedenen Kommissionen: auf nationaler Ebene arbeite ich in der deutschen Spurenkommission 1 mit, in der die rechts- und kriminaltechnischen Institute - von Kriminalämtern bis Universitäten - vertreten sind. Auf internationaler Ebene bin ich schon seit Gründung Mitglied der European DNA Profiling Group.2 Diese Gruppe von DNA-Experten existiert schon seit 20 Jahren. Sie entstand kurz nach der Erfindung der forensischen DNA-Analyse und schafft die wissenschaftlichen Grundlagen für eine Harmonisierung der DNA-Analyse auf europäischer Ebene, um Daten austauschen und abgleichen zu können. Dabei werden unter anderem neue Methoden im Rahmen von Ringversuchen auf ihre Eignung in der praktischen Anwendung geprüft.

Ich möchte Sie heute zu den Grenzen der Genauigkeit in der DNA-Analyse und nach möglichen Fehlerquellen befragen. Ein wichtiges Thema sind sicherlich Mischspuren, das heißt, wenn in einer Spur DNA-Material mehrerer Personen enthalten ist. Welche Probleme können hier bei der Analyse auftreten?

In der heutigen Kriminalistik werden immer mehr Tatortspuren einer DNA-Analyse zugeführt, und es gibt neben den klassischen Spuren wie Blut, Sperma oder Speichel immer mehr Kontaktspuren – also Tragespuren an Kleidungsstücken oder Griffspuren an Werkzeugen, Waffen oder anderen Gegenständen, die in irgendeiner Weise im Zusammenhang mit einer Straftat stehen – etwa ein Schraubenzieher, der benutzt wurde, um ein Fenster aufzuhebeln. Das sind dann Abriebspuren, in denen man Hautepithelien, also Hautzellen, untersucht. In diesem Bereich gerät man automatisch an die Nachweisgrenzen solcher Analysen. Man kann in solchen Fällen oft erst im Ergebnis feststellen, ob die Spur DNA enthält. Wenn man Glück hat,

ist es nur die DNA einer einzelnen Person, die eindeutig ausgewertet werden kann. Oft haben wir aber eine Mischspur von allen Personen, die den Schraubenzieher einmal angefasst haben, etwa, wenn der Schraubenzieher vorher in einer Werkstatt herumlag. Und dann ist man sehr schnell in einer Situation, in der man nicht mehr gut differenzieren kann. Es gibt sehr viele Mischspuren, bei denen man nicht zwingend beweisen kann, dass jemand der Spurenleger gewesen ist. Das ist eine Grauzone, mit der wir leben müssen.

Hat die Zunahme von Kontaktspuren damit zu tun, dass heute die DNA-Analyse auch bei geringen Straftaten wie etwa Diebstahl eingesetzt wird?

Das ist genau der Punkt. Es gab ja im Jahr 2005 eine Gesetzesänderung. Im Paragraph 81 der Strafprozessordnung wurde die Einsatzschwelle der DNA-Analyse abgesenkt. Vorher wurde sie nur bei schweren Straftaten mit Haftstrafen über einem Jahr Gefängnis eingesetzt. Seit 2005 ist sie auch bei minderschweren Straftaten möglich, wenn diese wiederholt begangen werden - wie bei Serieneinbrüchen oder serienweisen Autodiebstählen. Seitdem werden sehr viel mehr Tatortspuren der DNA-Analyse zugeführt, auch weil man ja einem Einbruch oder Diebstahl nicht immer ansieht, ob es um einen Einzelfall geht oder um ein Seriendelikt.

Sie haben jüngst in der Spurenkommission eine Empfehlung zu Mischspuren erarbeitet.[3] Hat sie den Zweck, den Ermittlungsbehörden bestimmte Grenzen bei der Interpretation dieser Spuren aufzuerlegen?

Diese Empfehlungen richten sich nicht an die Ermittlungsbehörden, sondern an die Fachleute im Labor, die eine solche Spur z.B. in Bezug auf die Frage interpretieren wollen, ob und mit welcher Wahrscheinlichkeit eine bestimmte Person als Mitspurenleger in Betracht kommt. Zunächst einmal gilt prinzipiell: Eine Mischspur sollte nur dann aufwändig ausgewertet werden, wenn es keine Einzelspuren am Tatort gibt. Wenn es aber nur eine Mischspur gibt, muss es verbindliche Kriterien geben, wie solche Mischungen interpretiert werden. Es gab Unsicherheiten bei den Sachverständigen, wie solche Spuren am besten biostatistisch bewertet werden können. Wir haben uns an den Empfehlungen der Internationalen Gesellschaft für Forensische Genetik [4] orientiert und auf der Grundlage dieser weltweit anerkannten mathematischen Verfahren einfache Anweisungen formuliert, an denen sich jeder orientieren kann. Wir haben diese Empfehlungen parallel in einer juristischen Zeitschrift veröffentlicht, damit auch Strafverteidiger sie zur Kenntnis nehmen.

Beobachten Sie jetzt, dass diese Empfehlungen auch umgesetzt werden?

Ja. Ich finde es sehr gut, das gelegentlich Anwälte darauf Bezug nehmen, so dass jeder Sachverständige damit rechnen muss, daran gemessen zu werden.

Erinnern Sie sich in der letzten Zeit an einen Fall, bei dem die Ermittlungsbehörden mehr aus einer Mischspur herauslesen zu können glaubten, als möglich ist?

Ich bin sicher, dass es eine Reihe von Fällen gibt. Man erfährt nur leider nichts davon, weil die Presse über viele Gerichtsverhandlungen nicht berichtet. Aber ich habe selbst schon den ein oder anderen Fall gehabt, wo es um solche Kontakt- oder Griffspuren ging und wo man wirklich sagen musste, dass die vorhandene Spur alleine sicher kein Beweis war, dass ein Verdächtigter tatsächlich der Spurenleger gewesen sein musste. Diese Grenzen der DNA-Analyse muss ein Sachverständiger vor Gericht auch sehr deutlich benennen – und da gibt es sicher hier oder da noch Aufklärungsbedarf. In den Empfehlungen geht es um Mischspuren, bei denen DNA von zwei, drei oder vier Individuen in einer Spur enthalten ist. Neulich veröffentlichte ein Forschungsteam aus Kalifornien und Arizona in PloS Genetics ein Verfahren, bei dem es möglich sein soll, durch die Analyse der sogenannten SNPs, also von Punktmutationen, ein Individuum aus 1.000 anderen zu identifizieren.[5] Ist dies Ihrer Meinung nach ein realistischer Ansatz für die Zukunft der Kriminalistik? Ich

persönlich denke das nicht. Zum einen brauchen Sie für eine solche Analyse tausendmal mehr DNA-Material, als normalerweise zur Verfügung steht. Zweitens ist ein solches Verfahren so teuer, dass das momentan in der Praxis nicht vorstellbar ist. Als theoretischer Ansatz, den ich aber im Bereich der Grundlagenforschung ansiedeln würde, ist dieses Verfahren allerdings sehr spannend.

Kommen wir zum nächsten Grenzfall der DNA-Analyse, zu den sogenannten Zufallstreffern. Derzeit werden beim Bundeskriminalamt Daten über acht sogenannte Loci, acht Genorte, gespeichert. Manchmal ergibt eine Spurenanalyse aber vielleicht nur sechs Loci, die verglichen werden können. Dann besteht eine relativ hohe Wahrscheinlichkeit, dass mehrere Personen-Profile in einer Datenbank den gleichen Code aufweisen - oder dass die Computer nur das Profil einer Person ausspucken, die tatsächlich nicht an der Tat beteiligt war. Geben Sie den Behörden statistische Auskünfte darüber, wie wahrscheinlich ein solcher falscher Treffer beim Abgleich einer Spur ist?

Wenn ich ein Teilprofil habe – so nennen wir es, wenn nicht alle acht Genorte analysiert werden konnten, dann gibt es immer irgendwelche Zufallstreffer. Das kann man nicht ausschließen. Nach einer Anfrage bei der DNA-Analyse-Datei bekommen wir dann zum Beispiel die Rückmeldung, dass eine Spur, bei der nur sechs Merkmalsysteme vorhanden sind, mit sechs oder acht anderen Spurenprofilen übereinstimmt. Die Polizei muss sich dann anschauen, ob es Sinn macht, dass ein Täter zum Beispiel in Hamburg, München und Saarbrücken tätig war oder in verschiedenste Delikte, mal in Diebstahl, mal in sexuellen Missbrauch verwickelt war. Man muss diese Dinge in den Ermittlungen bewerten. Aus meiner Sicht sind diese Datenbanktreffer zunächst nichts anderes als Ermittlungshinweise. Sie alleine sind sicher kein Beweis, dass das auch der Betreffende gewesen sein muss. Wenn es Treffer gibt, bei denen alle acht Merkmalsysteme über-einstimmen, muss man schon sehr viel genauer hinschauen, dann ist die Zahl der Treffer sehr viel kleiner und die Vermutung, dass alle Spuren vom selben Täter stammen, nicht von der Hand zu weisen. Wenn die entsprechenden Delikte dann auch noch alle in derselben Region stattfanden, wird die Kriminalpolizei sicher der entsprechenden Person einen freundlichen Besuch abstatten. Nichtdestotrotz gilt auch hier, dass man klassische Ermittlungsarbeit betreiben muss.

In den USA sorgte der Fall der Arizona Database für Aufsehen. Eine in dieser polizeilichen DNA-Datenbank tätige Angestellte hatte dort intern einen Datenabgleich zwischen allen Personenprofilen gemacht. Es handelte sich um etwa 60.000 Profile, und neun Genorte werden dort gespeichert.6 Der Datenabgleich ergab etwa 90 Übereinstimmungen, also Paare mit gleichem DNA-Profil - trotz des im Vergleich zu anderen Datenbanken nicht besonders großen Umfangs und der Codierung von immerhin neun Merkmalsystemen. Erstaunt Sie das?

Nein. Schließlich ging die Zahl der Vergleiche ja in die Millionen, da ja nicht nur eine Person mit allen 60.000 Profilen, sondern jedes einzelne Profil mit jedem anderen verglichen wurde; es gab also 60.000 mal 59.999 Abgleiche – so lautet die Formel für solche Überkreuzvergleiche. Aber das macht dennoch deutlich, warum man niemanden alleine wegen eines Datenbanktreffers verurteilen darf – das wäre je nach Qualität des Treffers ein echter Kunstfehler. Biostatistisch gesehen muss man immer bedenken: Wenn zum Beispiel festgestellt wird, dass ein bestimmtes DNA Profil mit acht typisierten Loci unter einer Milliarde Menschen durchschnittlich einmal vorkommt, dann muss ich – wenn ich 700.000 Datensätze recherchiert habe, diesen Faktor von einer Milliarde durch 700.000 teilen, um die tatsächliche Trefferwahrscheinlichkeit in der Datenbank zu ermitteln. Diese liegt dann nur noch bei einer unter ca. 1.430 Personen. Das ist vielleicht nicht allen so bewusst, die sich mit den Ergebnissen der DNA-Analysen befassen. Es ist ein wichtiger Punkt, und auch hier hat die Spurenkommission vor, klare Empfehlungen herauszugeben, wie Daten aus solchen wachsenden Datenbanken zu behandeln sind. Man muss die statistische Beweiskraft in Bezug auf die Zahl der Datensätze in einer Datenbank korrigieren, um eine realistische Größenordnung zu bekommen.

Also einfach gesagt: Je mehr Daten in den Datenbanken sind, desto wahrscheinlicher sind zufällige Treffer?

Ja. Wenn wir jetzt auf der europäischen Ebene Daten abgleichen - Stichwort Vertrag von Prüm - und noch viel mehr Daten zusammenkommen, dann ist die Gefahr natürlich noch größer, dass solche Zufallstreffer zustande kommen. Deswegen werden derzeit Vorkehrungen getroffen, die Zahl der verbindlich zu kodierenden Merkmalsysteme zu vergrößern. Das geht natürlich nur für zukünftig erhobene Daten; die vorhandenen werden dadurch nicht besser. Ich kann mich auch an einen entsprechenden Fall zwischen England und Italien erinnern, der sich vor einigen Jahren ereignete. Ein Engländer, der ein 100prozentiges Alibi hatte, sollte in Italien jemand umgebracht haben. Man hat dann noch ein paar mehr Genorte analysiert und konnte diesen Menschen schließlich klar ausschließen. Das geht natürlich nur dann, wenn von der Spuren-DNA noch etwas vorhanden ist, was allerdings nicht immer der Fall ist. Dann muss man mit der Tatsache leben, dass die DNA-Analyse trotz allem eine Zufallskomponente beinhaltet. Ein DNA-Datenbanktreffer alleine ist deswegen aus meiner Sicht kein ausreichender Beweis, um jemanden zu verurteilen. Wenn es natürlich noch andere, davon völlig unabhängige Beweise gibt, zum Beispiel eine Zeugenaussage oder Faserspuren, dann hat das Ganze schon einen anderen Stellenwert.

Wie viele Genorte sollen denn in Zukunft gespeichert werden?

Europaweit sollen verbindlich noch weitere drei Genorte hinzugenommen werden, damit wir auf zehn gemeinsam erhobene Merkmalsysteme kommen. Derzeit gibt es sieben europaweit verbindlich vorgeschriebene Genorte – das achte System, das wir in Deutschland haben, wird nur bei uns verwendet.

Noch ein weiterer Aspekt für das Thema Nachweisgrenzen: Neulich ging der Fall eines männlichen Selbstmörders durch die Presse, bei dem weibliche DNA im Blut identifiziert wurde, weil er Jahre zuvor eine Knochenmarksspende von einer Frau erhalten hatte.[7] Ist Ihnen diese Möglichkeit als Fehlerquelle bei DNA-Analysen bekannt?

Als Dienstleister für die Universitätsklinik in Köln untersuchen wir regelmäßig Patienten, die eine Knochenmarksspende oder eine Stammzelltransplantation bekommen haben. Der Patient bekommt dann praktisch die gesamten blutbildenden Organe und damit auch die genetische Identität des Blutes vom Spender. Man spricht auch von einer genetischen Chimäre: denn die DNA der Körperzellen bleibt die des Patienten, die DNA der blutbildenden Organe und des Blutes ist aber die des Spenders. Zwar stimmen die immunologisch wichtigen genetischen Merkmale überein; danach wird ja in den Spenderdateien gesucht. Der Rest des Genoms ist aber komplett verschieden. In dem von Ihnen angesprochenen Fall wurden Blut und Gewebe der zu identifizierenden Person untersucht - und das passte nicht zusammen. Relevant ist das für die Kriminalistik schon: Wenn jemand, nachdem er mit Hilfe einer Stammzelltransplantation eine Leukämie überstanden hat, sich zum Straftäter entwickelt und seine Blutspur am Tatort hinterlässt, kann er mit dieser Blutspur nicht direkt in Verbindung gebracht werden. Denn für die DNA-Analyse-Datei werden in der Regel Speichelproben genommen und da wird die Mundschleimhaut untersucht - also Körper- nicht Blutzellen.

Fallen Ihnen noch weitere mögliche Fehlerquellen bei der DNA-Analyse ein?

Fehlerquellen gibt es natürlich immer. Diese versuchen wir durch eine umfassende Qualitätssicherung der Laborarbeit in den Griff zu bekommen. Die DNA-Analyse ist letztendlich sehr erfolgreich, aber aufgrund der hohen Empfindlichkeit auch sehr fehleranfällig. Es gibt die Gefahr von Kontaminationen, das heißt, dass die Spur, nachdem sie am Tatort hinterlassen wurde, nachträglich durch DNA-Material verunreinigt wird. Dies kann bereits bei der Asservierung am Tatort geschehen, aber im Prinzip natürlich auch bei der weiteren Bearbeitung im Labor. Alle Fehlerquellen im Labor müssen daher durch entsprechende Vorsichtsmaßnahmen und Kontrollen vermieden werden. Wenn z.B. die genetischen Merkmale der Labormitarbeiter, die man kennen muss, plötzlich in einer Spur auftauchen, sollte man hellhörig werden. Genauso muss man sich aber auch davor hüten, zu einfache und wenig empfindliche Verfahren anzusetzen, mit denen man aus einer Spur überhaupt keine DNA gewinnt und so Gefahr läuft, dadurch Spuren zu vernichten. Den Mittelweg zu finden, ist nicht einfach. Man braucht eine gute Ausbildung, viel Erfahrung und ein Bewusstsein über mögliche

Fehlerquellen. Niemand ist vor dem Auftreten von Fehlern gefeit, aber man muss in der Lage sein, diese sofort zu erkennen und abzustellen. Das ist der Sinn eines Qualitätsmanagement-Systems, wie es bei akkreditierten Laboren der Fall ist.

Sind derzeit alle Labore in Deutschland akkreditiert, die für die Landeskriminalämter und das Bundeskriminalamt arbeiten?

Meines Wissens setzt eine Vergabe von Aufträgen an externe Labore durch die Kriminalämter voraus, dass diese Labore eine Akkreditierung nach einem bestimmten Standard (DIN ISO/IEC 17025) nachweisen. Sie müssen zudem regelmäßig und erfolgreich an den Ringversuchen der deutschen Spurenkommission teilnehmen.

Noch eine letzte Frage zu einer ganz banalen möglichen Fehlerquelle. Ist es nicht durch den Bedeutungsgewinn der DNA-Analyse einfacher geworden, Spuren zu manipulieren? Schließlich ist es einfacher, Haare oder Hautzellen an einem Tatort zu deponieren als meinetwegen Fingerabdrücke.

Generell ist das richtig. Es mag auch Straftäter geben, die versuchen, etwas zu verschleiern, indem sie falsche Spuren legen. Meist sind das aber indirekte Spuren. Wenn man eine Zigarettenkippe am Tatort findet, dann wissen wir sowieso nicht, ob sie etwas mit der Tat zu tun hat oder schon vorher da lag. Je näher die Spur an der Tat ist - etwa eine Spermaspur am Körper einer Frau, die missbraucht und getötet wurde - desto schwerer kann man sie manipulieren. Aber klar: Machbar ist vieles. Die Details möchte ich jedoch nicht ausbreiten, denn ich will mir unsere Arbeit nicht noch schwerer machen.
Das Gespräch führte Susanne Schultz

- 1http://www.gednap.de
- 2www.isfg.org/ednap
- 3Schneider, Peter M. u.a. (2006): Allgemeine Empfehlungen der Spurenkommission zur Bewertung von DNA-Mischspuren in: Rechtsmedizin, Nr. 6, 2006, S. 401-404
- 4www.isfg.org/Publications/DNA+Commission
- 5Homer, Nils u.a. (2008): Resolving Individuals Contributing Trace Amounts of DNA to Highly Complex Mixtures Using High-Density SNP Genotyping Microarrays. PLoS Genet 4(8)
- 6Smith, Chris (2008): DNA’s identity crisis, San Francisco Magazine, September 2008, online: www.sanfranmag.com/story/dna%E2%80% 99s-identity-crisis
- 7Focus, 19.10.2008: München: Leiche mit weiblicher und männlicher DNA entdeckt

Informationen zur Veröffentlichung

Erschienen in:
GID Ausgabe 191 vom Dezember 2008
Seite 24 - 27