

DNA-Profilanalyse

Methode, Möglichkeiten und Praxis

Uta Wagenmann

GeN

Gen-ethisches Netzwerk e.V.

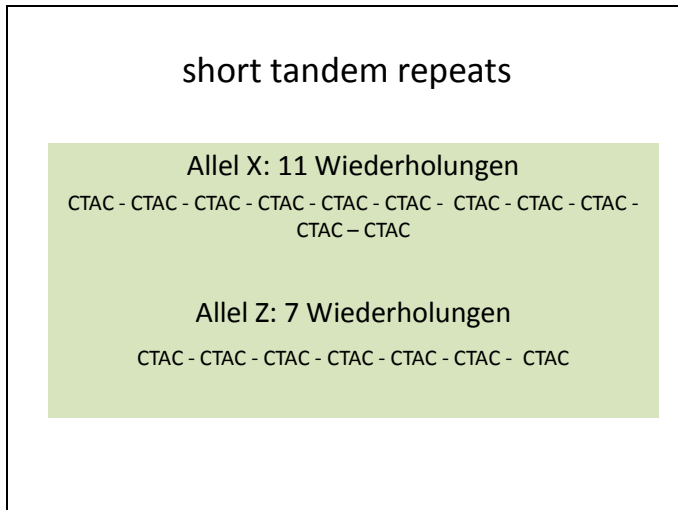


www.fingerwegvonmeinerdna.de

www.gen-ethisches-netzwerk.de

Untersucht werden bestimmte Abschnitte auf der DNA.

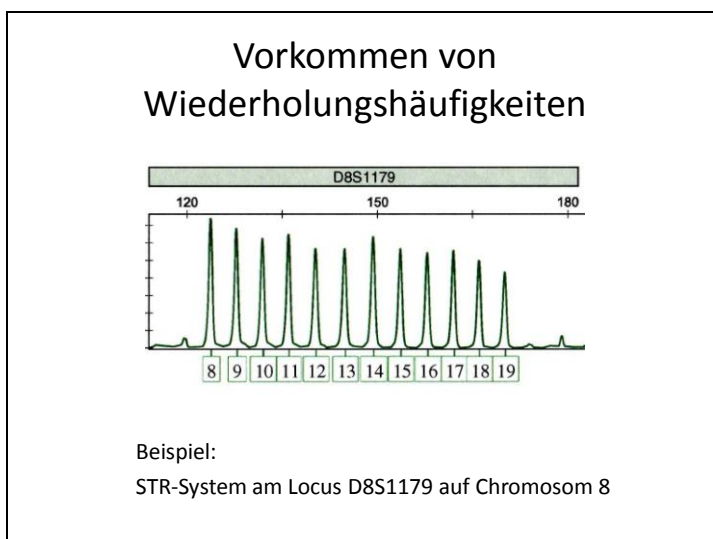
Diese untersuchten Abschnitte werden short tandem repeats (STR) genannt, weil sich dort eine bestimmte Basenkombination wiederholt, so wie sich verschiedene Bauteile bei einem Tandem wiederholen.



STRs gehören zum so genannten nicht kodierenden Bereich, das ist der größte Teil der DNA, der (angeblich) keine Bedeutung hat und deshalb auch Junk-DNA genannt wird.

STRs jedenfalls haben keine bekannte Funktion. Angenommen wird, dass sich deshalb die Anzahl der Wiederholungen bei Menschen so stark unterscheidet – weil sie keine Funktion haben, waren Veränderungen im Verlauf der Evolution nicht den Mechanismen von Selektion und so weiter ausgesetzt.

Für jedes STR-System gibt es deshalb eine größere oder kleinere Anzahl möglicher Allele, das heißt in der Bevölkerung vorkommender/möglicher Wiederholungshäufigkeiten.



Die Häufigkeit des Vorkommens in der Bevölkerung (Frequenzen) wurde mittels empirischer Studien hochgerechnet.

Wichtig auch: Die Anzahl der Wiederholungen auf dem gleichen Abschnitt der DNA unterscheidet sich nicht nur zwischen einzelnen Menschen. Weil jeder Mensch ja zwei Allele von jedem Genort, dem so genannte Locus besitzt (nämlich auf jedem Chromosom eins), kombinieren sich die Wiederholungshäufigkeiten oft auch beim einzelnen Menschen.

Die Kombination der Allele, welche eine Person bei einer Anzahl von STR-Systemen aufweist, ist entscheidend für die DNA-Profilanalyse zur Identitätsfeststellung.

Zwar kommt es vor, dass zwei Menschen in einem bestimmten STR-System die gleichen Wiederholungszahlen haben, jedoch ist eine Übereinstimmung bei neun STR-Systemen außer bei eineiigen Zwillingen statistisch fast unmöglich.

Hier kommt dann die Wahrscheinlichkeitsrechnung nochmal richtig ins Spiel.

Rechenexempel (fiktiv)

Allel / STR-System A kommt bei jedem 10. Menschen vor
Allel / STR-System B kommt bei jedem 30. Menschen vor
Allel / STR-System C kommt bei jedem 80. Menschen vor
Allel / STR-System D kommt bei jedem 50. Menschen vor
usw.

Wahrscheinlichkeit, dass jemand übereinstimmt in den Allelen

A und B:	$1:10 \times 1:30$	= 0,003	(1: ≈300)
A, B und C:	$1:10 \times 1:30 \times 1:80$	= 0,0000375	(1: ≈26.000)
A, B, C und D:	$1:10 \times 1:30 \times 1:80 \times 1:50$	= 0,0000007	(1: ≈1,4 Mill.)

usw.

Bisher werden in der Bundesrepublik 9 STR-Systeme untersucht; außerdem wird anhand der Chromosomen das Geschlecht bestimmt.

Wie wird denn nun ein Profil erstellt? DNA ist ja bekanntlich schlecht zu sehen.

Methode

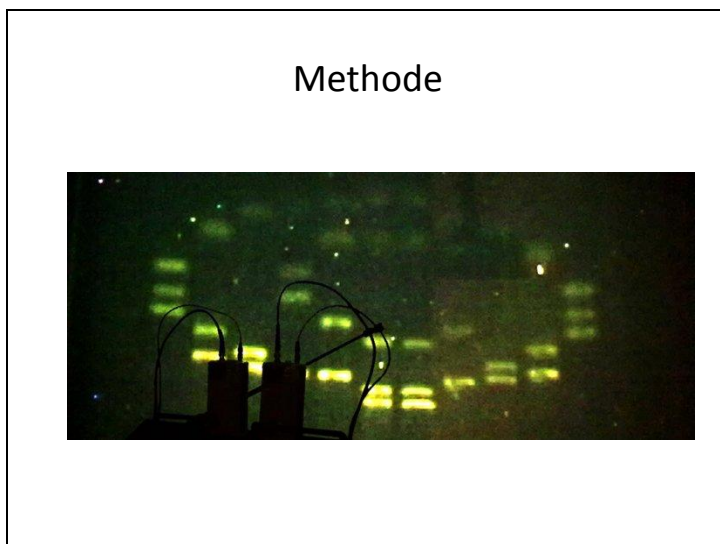
Schritt 1: Isolierung der DNA

Mikroliter spezieller Substanzen werden in die Proben gespritzt, um die Zellkerne zu zerstören und die zu Chromosomen aufgerollte DNA freizusetzen.

Schritt 2: Kopieren/Vermehren der zu untersuchenden STR mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion

Schritt 3: Errechnen der Wiederholungszahlen in den einzelnen STR-Systemen

Die STR-Fragmente werden unter 15 Kilovolt Spannung gesetzt und wandern durch 16 hauchfeine, mit Gel gefüllte Kapillare in Richtung der Anode am anderen Ende (Kapillargel-elektrophorese: Kurze STR-Fragmente bewegen sich schneller durch die engen Poren des Gels als längere.) Jeder kennt ja sicher diese Bilder:



Heute werden mittels Lasererkennung der STR-Fragmente und einer speziellen Software die Wiederholungszahlen des jeweiligen STR-Systems ausgerechnet, und zwar anhand der Dauer der Durchlaufzeit durch das Gel.

Nach erfolgter Analyse sieht ein DNA-Profil wie ein Salat aus Buchstaben und Zahlen aus. Für jeden der untersuchten STR-Systeme werden zwei Zahlen angegeben, also die Anzahl der Wiederholungen des Motivs auf den beiden Allelen. Dieser Zahlensalat ist auch der Datensatz, der in der BKA-Datei gespeichert wird.

Das DNA-Profil	
D3S1358: 15, 16	FGA: 24, 26
vWA: 14, 16	D21S11: 28, 31
D16S539: 9, 10	D18S51: 12, 15
D2S1338: 20, 23	THO1: 7, 9
D8S1179: 12, 13	D19S433: 14, 15
Geschlecht: weiblich	

Die DNA-Probe eines Verdächtigten muss nach Speicherung des Salates vernichtet werden, Tatortspuren dagegen werden asserviert, also aufgehoben.

Was ist ein Treffer?

Derzeit gelten in der Bundesrepublik acht Übereinstimmungen in den STR-Systemen als Treffer – statistisch gesehen liegt dann die Wahrscheinlichkeit, dass Tatort- und Personenprobe vom selben Menschen stammen, bei 99,99999999 Prozent. Häufiger als dieser Fall sind aber so genannte partielle Treffer, also Übereinstimmungen in der Häufigkeit der Basenwiederholungen bei einigen der untersuchten STR-Systeme. Auch hier wird wieder die Wahrscheinlichkeit des Auftretens dieser Kombination berechnet, und – je nach Wahrscheinlichkeit – die Beweiskraft des Treffers bewertet. Zur Erinnerung der Rechenweg:

Allel / STR-System A kommt bei jedem 10. Menschen vor
 Allel / STR-System B kommt bei jedem 30. Menschen vor
 Allel / STR-System C kommt bei jedem 80. Menschen vor
 Allel / STR-System D kommt bei jedem 50. Menschen vor
 usw.

Wahrscheinlichkeit, dass jemand übereinstimmt in den Allelen

A und B: $1:10 \times 1:30 = 0,003$ (1: ≈ 300)
 A, B und C: $1:10 \times 1:30 \times 1:80 = 0,0000375$ (1: ≈ 26.000)
 A, B, C und D: $1:10 \times 1:30 \times 1:80 \times 1:50 = 0,0000007$ (1: $\approx 1,4$ Mill.)
 usw.

Vier Übereinstimmungen reichen bei einer Bevölkerung von 80 Millionen also noch nicht aus, um einen Beweis zu liefern, dass eine Person am Tatort war.

Mit dem Prüm-Prozess, der die Vernetzung aller DNA-Datenbanken in der EU vorsieht, steigt nun die Grundgesamtheit der Bevölkerung auf etwa 500 Millionen Menschen. Damit wird es erforderlich, die Anzahl der für ein DNA-Profil untersuchten STR-Systeme zu erhöhen, sollen falsche Treffer möglichst ausgeschlossen werden.

Eine EU-Empfehlung legt 17 STR-Systeme nahe, was zum Beispiel das Institut für Forensische Genetik der Charité, das in Berlin für das LKA Tatortspuren auswertet (vor allem die aus Bagatelldelikten, die aus den sogenannten Kapitalverbrechen verbleiben bei den LKA-Laboren), seit letztem Herbst auch umsetzt.

Bei 17 simultan untersuchten STR-Systemen besteht eine durchschnittliche Wahrscheinlichkeit von weniger als 1 zu 100 Milliarden, dass eine Person zufällig das gleiche DNA-Muster aufweist wie das einer Tatortspur, das heißt es ist bei vollständiger Übereinstimmung des Profils einer Probe und eines Menschen nahezu sicher, dass die Spur von diesem Menschen stammt (so genannte „hohe Diskriminierungsrate“).

Dennoch wird die Vernetzung der DNA-Dateien der EU-Länder und die angestrebte Standardisierung bei der Erstellung von DNA-Profilen langfristig neue Probleme mit sich bringen: Die Wahrscheinlichkeitsrechnung sagt nämlich auch, dass zumindest partielle Treffer umso häufiger sind, je größer eine DNA-Datenbank ist.

Perfekte Methode?

Die Methode ist eben alles andere als perfekt:

1. Die Proben, die an Tatorten gefunden werden, sind
 - häufig nicht vollständig
 - häufig Mischspuren, das heißt, es können durchaus drei oder vier Allele eines einzelnen STR-Systems gefunden werden
 - häufig nicht eindeutig als Spur der Täterin oder des Täters zu bestimmen (zB Haare oder Hautabrieb können auch von vielen anderen Personen stammen, die am Tatort gewesen sind)

2. Alles beruht auf Wahrscheinlichkeitsberechnungen

Die Annahmen von Häufigkeit und Verteilung der Allele/STR-Systeme in der Bevölkerung basieren auf Hochrechnungen aus empirischen Studien. Deshalb nimmt die Anzahl der partiellen Treffer auch zu, je mehr Datensätze zum Abgleich mit einer Tatortspur zur Verfügung stehen. Tendenziell müssen also immer mehr STR-Systeme verwendet werden, je größer eine Datensammlung im Verhältnis zur Grundgesamtheit der Bevölkerung ist (siehe Prüm-Prozess). Das ist insbesondere seit 2005, seit unabhängig von der Schwere des Deliktes DNA-Profile von Verdächtigen gespeichert werden (notwendig ist lediglich die Konstruktion einer Wiederholungsgefahr), ein Problem.

Auch eine vollständige Übereinstimmung basiert auf der niedrigen Wahrscheinlichkeit des Zufalls. Ausgeschlossen ist der Zufall deshalb aber nicht.

Ein Beispiel für die Grenzen der Methode ist auch die Freilassung der beiden Brüder, die 2009 als Tatverdächtige eines Juwelenraubs im KaDeWe festgenommen und später wieder frei gelassen werden mussten: Beide wiesen eine vollständige Übereinstimmung mit am Tatort gefundenen Spuren auf, sie waren schließlich eineiige Zwillinge. Da es sonst keine Beweise ihrer Täterschaft gab, mussten sie frei gelassen werden. Denn keiner der beiden war eindeutig der Urheber der Spur.

3. Nur Techniker können DNA-„Beweise“ überprüfen.

Unterschied zu anderen Überwachungstechniken wie etwa Videoüberwachung oder Online-Durchsuchung: Videobilder können angesehen werden, bei einer Online-Durchsuchung (so ich von ihr Wind bekomme) weiß ich, was ich auf meinem Rechner habe und was nicht.

Für die Überprüfung der polizeilichen Behauptung einer Übereinstimmung von Probe und Verdächtigem sind ein Labor und Laborkenntnisse erforderlich. Gerade bei politischen Ermittlungsverfahren ist das nicht ohne.

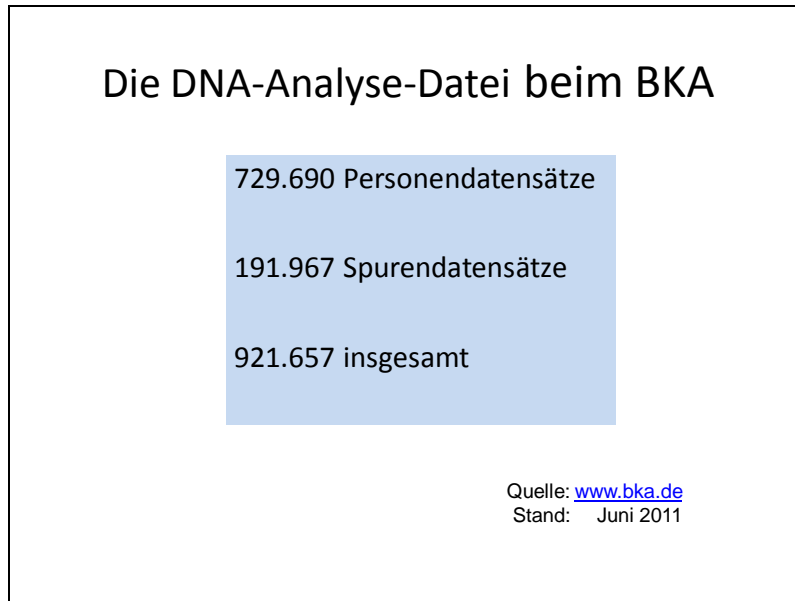
Ein Beispiel ist das Haar an einem am Tatort der Ermordung Rohwedders gefundenen Handtuch, das dem RAF-Mitglied Wolfgang Grams zugeordnet wurde - acht Jahre nach dessen Erschießung wurde damit behauptet, Grams sei in den Mord verwickelt gewesen.



Nachdem das ausreichend durch die Presse gegangen war, wies die Bundesanwaltschaft zwar ausdrücklich darauf hin, dass sie dieses Indiz als nicht ausreichend bewertet und Grams daher nicht als Tatverdächtiger gilt. Da war die Message aber in der Öffentlichkeit schon angekommen: Die RAF wars.

BKA und DNA-Analyse-Datei

Und das ist ein weiterer sehr wichtiger Einwand: Ist die Methode wirklich so wichtig für die Aufklärung von schweren Straftaten wie Vergewaltigung oder Mord? Oder geht es nicht längst um etwas ganz anderes? Ein Blick auf die aktuelle Statistik des BKA beantwortet diese – zugegebenermaßen rhetorische – Frage ziemlich eindeutig: Es geht ums Sammeln möglichst vieler DNA-Profile.



Das BKA beziffert die Anzahl der Löschungen seit der Errichtung der Datei 1998 mit „etwa 177.000 Datensätzen“, wobei nicht aufgeschlüsselt wird, wieviele davon zum Beispiel überflüssig gewordene Spurendatensätze waren. Es heißt nur lapidar „aufgrund von Fristablauf oder aus anderen Gründen“. Außerdem gibt die Behörde an, dass jeden Monat „ca. 8.200 neue Datensätze“ hinzu kommen.

Vor allem aber macht die „Erfolgsstatistik“ deutlich, dass es um präventive Erfassung geht, und die Aufklärung von Verbrechen wie Mord und Vergewaltigung nur eine untergeordnete Rolle spielt: Seit 1998 bis Juni 2011 wurden insgesamt 118.496 Treffer erzielt. Bei einem guten Fünftel dieser Treffer, in 25.315 Fällen, wurde „ein Tatzusammenhang festgestellt“ (Spur-Spur-Treffer, d.h. derselbe Spurenverursacher an verschiedenen Tatorten). In gut drei Viertel der Fälle (93.181) wurde eine Tatortspur einer Person zugeordnet und, wie das BKA schreibt „damit vermutlich eine Tat aufgeklärt“.

Das klingt erst mal gut. Weniger gut klingt das, schaut man sich die Art der Delikte an: Interessant ist hier nicht nur, dass die überwiegende Mehrheit der Treffer im Rahmen von Ermittlungen wegen Diebstahl gefunden wurde, sondern wann überhaupt DNA-Profile erstellt und mit der BKA-Datenbank abgeglichen wurden.

Insgesamt verteilen sich die Spur-Person bzw. Person-Spur Treffer wie folgt auf die verschiedenen Deliktsformen:

Deliktsbereich	Anzahl
Straftaten gegen das Leben	1.079
Straftaten gegen die sexuelle Selbstbestimmung	1.963
Straftaten gegen die körperliche Unversehrtheit	1.422
Straftaten gegen die persönliche Freiheit	100
Diebstahlsdelikte	73.589
Raub und Erpressung	6.397
Straftaten gegen die öffentliche Ordnung	344
Gemeingefährliche Straftaten	766
Betrug/Untreue	261
Beleidigung	102
Sachbeschädigung	693
Strafgesetzbuch	3.846
Nebengesetze (BtmG, WaffG etc.)	1.895

Quelle: www.bka.de

erfasster Zeitraum: Juni 1998 bis Juni 2011

Rechtfertigt beispielsweise Beleidigung die Erstellung eines DNA-Profiles? Auch bei vielen anderen der aufgelisteten Kategorien ist das mehr als fragwürdig.

Ein letztes Argument gegen die DNA-Sammelwut: DNA-Proben sind vielseitig verwendbar. Seit Erfindung der Methode Anfang der 1980er Jahre geistert die Idee eines „Phantombildes aus dem Genom“ durch die Hirne von Kriminaltechnikern. Der Wunsch: Aus der DNA äußere Merkmale und Eigenschaften ablesen zu können, um anhand einer Tatortspur einen Verdächtigen beschreiben zu können. Geforscht wird derzeit daran, aus einer DNA-Spur folgende Eigenschaften der Person, die sie hinterlassen hat, zu bestimmen: Alter, Augenfarbe, Größe, Herkunft.

Alle diese Eigenschaften aus dem Genom bestimmen zu wollen, ist hochgradig zweifelhaft. Wenn man bspw. Herkunft biologisch definiert bzw. biologische Eigenschaften mit Herkunft assoziiert, spielen logischerweise Rassekonzepte hinein. Abgesehen davon ist es ziemlich schwierig: So sollen mehrere hundert Gene an der Entstehung der Augenfarbe beteiligt sein. An der Charité wird derzeit ein als vielversprechend geltendes Verfahren getestet, dass zwischen „hell“ und „dunkel“ unterscheidet. Auch bei Alter oder Größe ist noch nicht viel in Sicht. Aber: Es ist eine Erfahrung aus der Beschäftigung mit der Genomforschung, dass solche Hindernisse überwunden werden, im Zweifelsfalle mit abenteuerlicher Rechenakrobatik.