DNA-Profilanalyse

Methode, Möglichkeiten und Praxis

Uta Wagenmann

GeN
Gen-ethisches Netzwerk e.V.

www.fingerwegvonmeinerdna.de www.gen-ethisches-netzwerk.de

1 Das Prinzip der DNA-Profilanalyse 2
2 Methode.....4
3 Was ist ein Treffer?.....5
4 STR-Systeme und der Prüm-Prozess.....5
5 Perfekte Methode?.....6
6 BKA und DNA-Analyse-Datei 8

1 Das Prinzip der DNA-Profilanalyse

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.

short tandem repeats

Allel X: 11 Wiederholungen

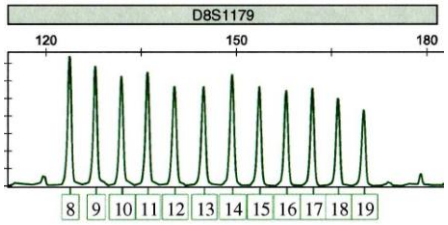
CTAC - CTAC - CTAC - CTAC - CTAC - CTAC - CTAC - CTAC - CTAC - CTAC – CTAC

Allel Z: 7 Wiederholungen

CTAC - CTAC - CTAC - CTAC - CTAC - CTAC - CTAC

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.

Vorkommen von Wiederholungshäufigkeiten



Beispiel:
STR-System am Locus D8S1179 auf Chromosom 8

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.

Die Wahrscheinlichkeitsrechnung ist also Grundvoraussetzung:

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 x 1:30	= 0,003	(1: ≈300)
A, B und C:	1:10 x 1:30 x 1:80	= 0,0000375	(1: ≈26.000)
A, B, C und D:	1:10 x 1:30 x 1:80 x 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.

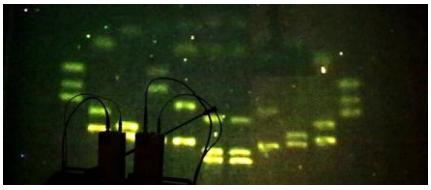
2 Methode

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 (Kapillargelelektrophorese: Kurze STR-Fragmente bewegen sich schneller durch die engen Poren des Gels als längere.) Das ergibt dann solche Bilder, die ihr ja vielleicht auch schon mal gesehen habt:

Methode



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**

Bei Spuren werden daneben außerdem Angaben zum Fundort etc. gespeichert, zum gespeicherten Datensatz bei Personenprofilen gehören darüber hinaus der Name etc.

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

3 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. Grund: Tatortspuren sind oft unvollständig, und dann kann die Anzahl der Wiederholungen nicht für alle STR-Systeme bestimmt werden. Bei diesen partiellen Treffern wird die Wahrscheinlichkeit berechnet, dass diese Kombination in der Bevölkerung vorkommt und - je nach Wahrscheinlichkeit - die Beweiskraft des Treffers bewertet.

Wegen eines solchen, wenig beweiskräftigen partiellen Treffers musste kürzlich zum Beispiel Amanda Knox frei gesprochen werden: Die an den Tatortspuren analysierbaren STR-Systeme stimmten zwar mit ihrem DNA-Profil überein, aber diese Übereinstimmung ist nicht so unwahrscheinlich (diese Wiederholungshäufigkeiten kommen nicht so selten vor), deshalb reichte das nicht als Nachweis dafür, dass sie am Tatort gewesen ist.

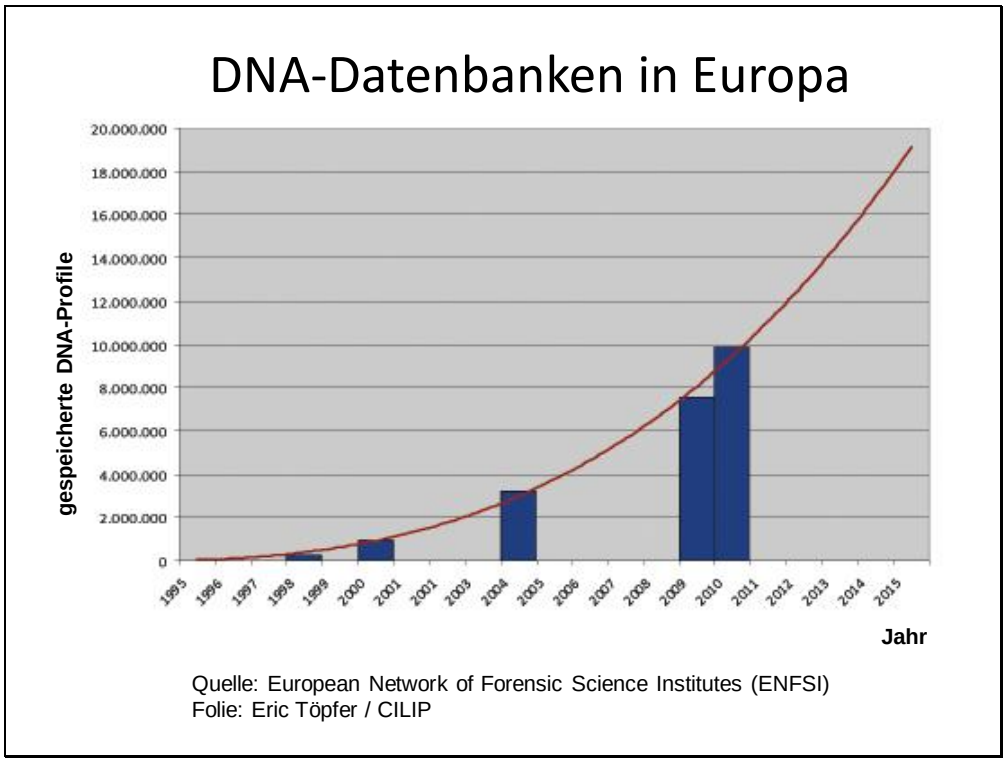
4 STR-Systeme und der Prüm-Prozess

Mit dem Prüm-Prozess werden nun in allen EU-Staaten DNA-Datenbanken aufgebaut und miteinander vernetzt. Das sollte eigentlich bis zum Stichtag 26. August funktionieren, hat aber bisher noch nicht geklappt. Über die Schwierigkeiten wird sich ein bisschen in Schweigen gehüllt, unter anderem ist aber wohl die Standardisierung der STR-Systeme nicht ganz einfach: Zwischen den Ländern, in denen DNA-Sammlungen existieren, unterscheiden sich sowohl Anzahl wie Art (also der jeweilige Ort auf der DNA) der STR-Systeme.

Ist die Datenvernetzung funktionsfähig, steigt die Grundgesamtheit der Bevölkerung auf 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. 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, bei vollständiger Übereinstimmung des Profils einer Probe und eines Menschen ist es 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.



So kann seit 2005 in der Bundesrepublik unabhängig von der Schwere des Deliktes das DNA-Profil von Verdächtigen gespeichert werden, notwendig ist lediglich die Konstruktion einer Wiederholungsgefahr. Seitdem expandiert die Zahl der gespeicherten Personenprofile extrem, und auch die partiellen Treffer haben deutlich zugenommen.

5 Perfekte Methode?

Die Methode ist eben alles andere als perfekt:

1. Alles beruht auf Wahrscheinlichkeitsberechnungen

Die Vorkommen, Häufigkeit und Verteilung der Wiederholungen in den STR-Systemen 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). Außerdem: Auch eine vollständige Übereinstimmung basiert auf der niedrigen Wahrscheinlichkeit des Zufalls. Ausgeschlossen ist der Zufall deshalb aber nicht.

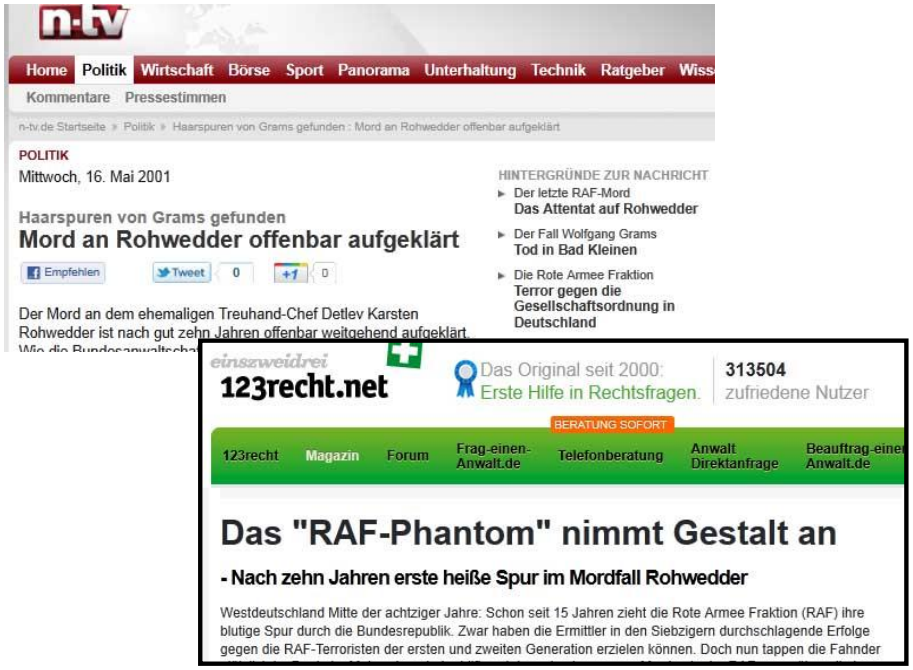
Ein anderes Beispiel für die Grenzen der Methode ist der Juwelenraub im KaDeWe 2009. Das DNA-Profil zweier Brüder wies eine vollständige Übereinstimmung mit Spuren am Tatort auf - sie waren eineiige Zwillinge. Da es aber sonst keine Beweise ihrer Täterschaft gab, mussten sie frei gelassen werden. Denn keiner der beiden war eindeutig der Urheber der Spur.

2. 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 (z.B. Haare oder Hautabrieb können auch von vielen anderen Personen stammen, die am Tatort gewesen sind)

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

Im Unterschied zu anderen Überwachungstechniken (Videoüberwachungsbilder 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 dafür 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 hat Rohwedder ermordet.



6 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, um präventive Erfassung.

Die DNA-Analyse-Datei beim BKA

729.690 Personendatensätze

191.967 Spurendatensätze

921.657 insgesamt

Quelle: www.bka.de
Stand: Juni 2011

Das BKA beziffert die Anzahl der Löschungen seit der Errichtung der Datei 1998 mit „etwa 177.000 Datensätzen“, wobei nicht aufgeschlüsselt wird, wie viele 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, das heißt 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. Nicht gesagt ist damit allerdings, wie oft es sich um partielle Treffer handelte. Oder wie oft die auf partielle Treffer folgende Prüfung der Wahrscheinlichkeit ergeben hat, dass die Übereinstimmung keinen Beweiswert hat, weil die gefundenen Wiederholungsfrequenzenen in den STR-Systemen häufiger vorkommen.

Besonders fragwürdig wird die Erfolgsstatistik, 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-Profils? 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. Prinzipiell gilt: Was in der medizinischen Genomforschung geht, geht auch in der Forensik. Und es ist eine Erfahrung aus der Beschäftigung mit der Genomforschung, dass solche Hindernisse überwunden werden, im Zweifelsfalle mit abenteuerlicher Rechenakrobatik.

Deshalb:

Offenen Brief unterschreiben! fingerwegvonmeinerdna.de