

Forschungsberichte
der Interdisziplinären Arbeitsgruppen der
Berlin-Brandenburgischen
Akademie der Wissenschaften

Gendiagnostik in Deutschland

Status quo und Problemerkundung

Supplement zum Gentechnologiebericht

Jörg Schmidtke, Bernd Müller-Röber, Wolfgang van den Daele, Ferdinand Hucho,
Kristian Köchy, Karl Sperling, Jens Reich, Hans-Jörg Rheinberger, Anna M. Wobus,
Mathias Boysen, Silke Domasch (Herausgeber)



Forensische Anwendungen der Molekulargenetik

Lutz Roewer

Die forensische Gendiagnostik steht im Dienst der Rechtsprechung. Ihr wichtigstes Arbeitsgebiet ist die Untersuchung biologischer Spuren und deren Zuordnung zu Personen, um schwere Straftaten aufzuklären. Das Fach leistet weiterhin einen unentbehrlichen Beitrag bei der Identifizierung unbekannter Toter, wobei die Identifizierung von Opfern von Massenkatastrophen (zum Beispiel Naturereignisse, Terroranschläge) und Kriegen eine immer größere Rolle spielt. Zur Expertise der forensischen Genetik gehören auch diejenigen „Gentests“, mit denen die biologische Abstammung festgestellt oder ausgeschlossen werden kann. Die forensische DNA-Analyse¹ steht im Fokus der Öffentlichkeit; diese Öffentlichkeit des Gerichtssaals und der Medien sowie das große Interesse der Allgemeinheit beeinflussen die Art, wie forensische Forschung und Routine kommuniziert und wahrgenommen wird. Eine Untersuchung von marktdominanten Printmedien in Österreich im Jahre 2002 ergab, dass die forensische Gendiagnostik zu 95 Prozent, alle anderen Bereiche der DNA-Analytik, darunter die medizinische Gendiagnostik, nur zu 5 Prozent vertreten waren.² Diese Dominanz der Berichterstattung über die forensische Gendiagnostik lässt sich gleichermaßen in Deutschland feststellen. Dabei wird die forensische DNA-Analyse meist „unproblematisch“ thematisiert und bleibt in ihrer gesellschaftspolitischen Tragweite wenig sichtbar. Tatsache ist, dass die forensischen Disziplinen sich oft mit sozial-abweichendem, unerwünschtem Verhalten von zum Teil beträchtlichem Gefährdungspotenzial befassen. Eine häufige Folge der ausufernden Publizität ist dann die Skandalisierung und Emotionalisierung des Themas, aber auch seine Marginalisierung und Simplifizierung.

Ziel dieser Betrachtung ist es, die wissenschaftliche und technologische Entwicklung seit der Entdeckung des genetischen Fingerabdrucks Mitte der 1980er Jahre in Kürze zusammenzufassen, sowie einige aktuelle rechtliche und wirtschaftliche Aspekte der forensischen DNA-Diagnostik vor dem Hintergrund ihrer massenhaften routinemäßigen Anwendung zur

¹ Der Ausdruck „forensisch“ leitet sich von dem lateinischen Wort für „forum“ (Marktplatz) her, dem Ort der antiken Gerichtsverhandlungen.

² www.fteval.at/files/evstudien/Gendiagnostik_2002.pdf [31.05.2007].

Lutz Roewer

Personen- und Spurenidentifizierung und der erheblichen privaten Nachfrage nach „Gentests“ zur Klärung von Abstammung zu beleuchten.

1. Stand des Wissens und der Technik

Unter forensischer molekulargenetischer Diagnostik versteht man im engeren Sinne die Laboruntersuchungen zum Beweis einer Straftat, sei es ein Mord, ein Sexualverbrechen oder ein Terroranschlag der Größenordnung des 11. September 2001 in New York oder des 11. März 2004 in Madrid. Die Übereinstimmung der DNA aus einer Spermaspur mit der Speichelprobe eines Verdächtigen dient ebenso als Sachbeweis ersten Ranges wie die DNA-Profile der Überreste der Toten aus den eingestürzten Twin Towers, deren eindeutige Zuordnung zu Familienangehörigen erst eine Anklage wegen Massenmordes ermöglichen. Aber auch viele Hundert Tote, die Opfer von Naturkatastrophen (zum Beispiel der Tsunami vom 26. 12. 04 oder des Wirbelsturms Katrina vom August 2005) wurden, konnten mit dem Arsenal forensischer DNA-Analytik identifiziert werden. Dies gilt ebenso für die Kriegsoffer, zum Beispiel der Balkankriege 1991 bis 1999, deren Gebeine von international zusammengesetzten Teams exhumiert, mit molekulargenetischen Methoden identifiziert und den Angehörigen zur Bestattung übergeben werden. Allein das Labor der International Commission on Missing Persons (ICMP) in Sarajevo hat einen Durchsatz von circa 100 DNA-Extraktionen aus Knochen am Tag.³ Auch im zivilrechtlichen Bereich geht es um gerichtsfeste Fakten, sei es im Rahmen einer Unterhaltsklage, die die Feststellung des leiblichen Vaters erfordert oder bei Familienzusammenführungen, bei denen die Ausländerbehörden ebenfalls den Nachweis der Verwandtschaft zwischen einwanderungswilligen Personen verlangen.

Das hier benannte Spektrum der forensischen Gendiagnostik wird in der Regel mit der Methode des „Genetic Fingerprinting“ untersucht, wobei heute eher der Ausdruck „DNA Profiling“ verwendet wird. Diese Technologie unterscheidet sich nicht prinzipiell von denjenigen, die in der medizinischen Diagnostik oder bei der Charakterisierung von Genen eingesetzt werden. Unterschiede bestehen jedoch in der Natur der untersuchten Genomvarianten: Es handelt sich ausschließlich um nicht-codierende, also nach derzeitigem Wissen informationslose Bereiche der DNA, die eine höhere Mutabilität und damit einen höheren Polymorphiegrad

³ www.ic-mp.org [31.05.2007].

aufweisen als konservierte Gene. Eine zweite Besonderheit der forensischen DNA-Diagnostik mit Auswirkungen auf die verwendeten Technologien ist die routinemäßige Analyse von Mikrospuren, die nur geringste DNA-Mengen im Pikogrammbereich („low copy number DNA“, LCN) enthalten sowie die Untersuchung alter, degradierter DNA. Schließlich ist der hohe Grad an Standardisierung und die große Bedeutung nationaler und transnationaler qualitätssichernder Maßnahmen ein besonderes Kennzeichen der forensischen Gendiagnostik. Nach jüngsten Erhebungen werden DNA-Analysen zur polizeilichen Beweissicherung in 77 Ländern der Erde durchgeführt, die Methoden sind dabei weitestgehend vereinheitlicht, was nicht nur an der marktbeherrschenden Position weniger kommerzieller Anbieter forensischer Testsysteme liegt, sondern auch an der ausgeprägten internationalen Zusammenarbeit und dem Bedarf an „second opinion“, der zweiten Meinung. Zur Klärung brisanter Fälle wird häufig die Meinung externer Expertinnen und Experten eingeholt, die über die entsprechende Erfahrung oder Spezialkenntnisse verfügen. Internationale Organisationen von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern sowie DNA-Analysten wie die International Society of Forensic Genetics (ISFG), das European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI), die ICMP oder die DNA-Unit von INTERPOL spielen eine bedeutende Rolle bei der Verbreitung der technischen Standards und neuer Methoden, insbesondere durch Formulierung von Empfehlungen und Richtlinien.

Mit dem klassischen Genetic Fingerprinting (Jeffreys et al., 1985) wird das Genom auf Tausende hypervariable, so genannte repetitive Loci gescannt, die nach Restriktionsverdau und Elektrophorese mittels Southern Blotting und radioaktiver Markierung als Streifenmuster dargestellt werden. Das Verfahren, das vor allem in der Paternitätsdiagnostik etwa zehn Jahre lang eingesetzt wurde, hatte zwei entscheidende Nachteile, die seiner universellen Anwendbarkeit in der forensischen Diagnostik Grenzen setzten: die zu geringe Empfindlichkeit insbesondere für den Spurenbereich sowie das Fehlen einer überzeugenden Methode zur Quantifizierung des Beweiswertes der Ergebnisse. Der Einsatz von DNA-Analysen als Beweismittel vor Gericht verlangt jedoch eine statistische Aussage über Häufigkeit eines DNA-Profiles in der relevanten Bevölkerungsgruppe. In der gutachterlichen Formulierung des Befundes wird zumeist die Übereinstimmungswahrscheinlichkeit („match probability“) verwendet, also die Wahrscheinlichkeit, mit der die DNA-Profile zweier unverwandter Personen identisch sind. Ein anderer Weg der Präsentation der Ergebnisse von identifizierenden DNA-Analysen sind

Lutz Roewer

Likelihood-Quotienten, wobei alternative Hypothesen verglichen werden, auf deren Basis die Chance für das Zustandekommen des Analyseergebnisses biostatistisch unterschiedlich bewertet wird. Von der forensischen DNA-Diagnostik wird erwartet, dass sie eine Spurenlage, eine DNA-Übereinstimmung bei der Identifizierung oder eine Familienkonstellation so beschreibt, dass kein Zweifel am Zutreffen einer Hypothese bestehen bleibt und somit eine gerichtliche Entscheidung aufgrund eines faktischen Beweises (aber unter Würdigung der gesamten Beweislage) ergehen kann. Nicht selten treten Fälle auf, in denen ein nicht geständiger Beschuldigter deshalb nicht verurteilt wird, weil keine ausreichende DNA-Evidenz vorliegt.

Die erhebliche Variation der DNA-Sequenz zwischen Individuen bietet ausreichend Marker im nicht-codierenden Bereich, um die Herkunft einer beliebigen biologischen Spur oder Probe festzustellen. Äußerst zahlreich und hochvariabel sind die so genannten „short tandem repeats“ (STRs) oder Mikrosatelliten, kurze repetitive Inkremente in Introns oder außerhalb der Gene, die sich mit der PCR einfach, schnell und hochsensitiv auch aus stark kompromittierten DNA-Proben darstellen lassen. Sie machen circa 0,5 Prozent des Humangenoms aus, das heißt, ihre Zahl geht in die Hunderttausende. Eine geringe Zahl an STRs wurden Anfang der 1990er Jahre für die forensische Diagnostik evaluiert; diese noch heute verwendeten PCR-fähigen Marker lösten bereits kurze Zeit später die klassischen DNA-Hybridisierungstechniken ab (Butler, 2005). Jeder STR-Locus kann zehn und mehr Allele besitzen, die präzise mit Kapillarelektrophorese als Längenvarianten dargestellt werden können. Zu der Empfindlichkeit bis hin zur Einzelzell-Analyse kommt die Möglichkeit des so genannten Multiplexing, das heißt, mehrere, bis zu fünfzehn STR-Sequenzen können gleichzeitig amplifiziert und als multilokales Muster (das eigentliche „DNA-Profil“) dargestellt werden. STR-Multiplexe werden so entworfen, dass alle untersuchten Loci auf verschiedenen Chromosomen lokalisiert sind, um Kopplungsungleichgewichte zu vermeiden, die sich auf die Diskriminierungsfähigkeit negativ auswirken würden.

Der Hauptvorteil der STR-Technik gegenüber anderen Verfahren und der eigentliche Durchbruch in der forensischen Gendiagnostik ist die zuverlässige biostatistische Quantifizierbarkeit der Ergebnisse. Die Definierbarkeit eines STR-Allels bezüglich Lokalisation, Sequenz, Repeat-Zahl und insbesondere Frequenz in der jeweiligen Referenzpopulation ermöglicht die Berechnung der Wahrscheinlichkeit seines Auftretens und damit der Übereinstimmungswahrscheinlichkeit. Diese ist mittels der so genannten Produktregel einfach zu

berechnen: Ein DNA-Profil aus 16 nicht-gekoppelten STR-Markern unter der Voraussetzung von Heterozygotie und einer angenommenen mittleren Frequenz für jedes der 32 Allele von 20 Prozent weist eine kombinierte Häufigkeit von circa $2,8 \times 10^{-18}$ auf. Dies zeigt, welches enorme Individualisierungspotenzial mit einer einzigen Multiplex-PCR zu erreichen ist. Die simple Codierung des DNA-Profiles als Abfolge von Zahlen, die der Anzahl der repetitiven Motive an jedem STR-Locus entspricht, erlaubt überdies eine automatisierte Auswertung, die uneingeschränkte Vergleichbarkeit und Standardisierung sowie die einfache Speicherung der erhobenen Daten. Eine Reihe von spezialisierten Markern und Techniken komplettiert das Arsenal des typischen forensischen Spurenlabors:

- ▶ Y-chromosomal lokalisierte STR-Systeme für die empfindliche Analyse männlicher DNA in Mischspuren,
- ▶ mitochondriale DNA-Sequenzierung für die Untersuchung vor allem von Knochen und sehr alter DNA,
- ▶ so genannte mini-STRs (das heißt die Erzeugung von PCR-Fragmenten mit verkürzten Fragmentlängen) für stark degradierte DNA.

Die außergewöhnlichen Anforderungen, die die Identifizierung der Opfer des Anschlags vom 11. September 2001 an die forensischen Teams stellte, führte überdies zu ersten praktischen Anwendungen von „DNA-profiling“ auf SNP-Basis („single nucleotide polymorphisms“), mit denen man kürzeste DNA-Segmente, die aus extrem hitzegeschädigten Knochenresten extrahiert wurden, analysieren konnte. SNPs können im Kopplungsungleichgewicht mit codierenden Markern stehen. Forensische SNPs wurden daher aus distalen, genleeren Regionen unterschiedlicher Chromosomen mit mindestens 100 Kilobasen Distanz zu den nächsten codierenden Loci ausgewählt (Sanchez et al., 2006). Die Technik wird heute in einigen dafür ausgestatteten Labors für schwierige Identifizierungen angewendet, sie wird aber auf absehbare Zeit die STR-Analyse, die als Standard in den Labors fest verankert und Grundlage der polizeilichen Datenbanken ist, nicht ersetzen.

Die STR-basierte DNA-Analyse hat sehr schnell und weltweit die nötige Akzeptanz als vertrauenswürdige Technik zur Individualisierung erlangt. Die um Größenordnungen gesteigerte Empfindlichkeit ermöglichte die Re-Analyse ungelöster so genannter Altfälle („cold cases“) insbesondere von Mord- und Sexualstraftaten. In Deutschland werden derzeit

Lutz Roewer

verstärkt Spuren aus Fällen der letzten fünf Jahrzehnte untersucht, retrograd (bis 1960) werden Speichelproben von rechtskräftig Verurteilten, sofern sie den Aufnahmekriterien genügen, in die DNA-Datenbank eingestellt. In den USA wird öffentlichkeitswirksam durch das so genannte „innocence project“⁴ Unterstützung in Form von DNA-Tests für oft zur Todesstrafe Verurteilte organisiert, es gibt hier wie dort viele Beispiele spektakulärer Freisprüche aufgrund nachträglich an aufbewahrten Spurenmaterialien durchgeführter entlastender DNA-Ergebnisse. Eine neue Ära der forensischen Gendiagnostik begann mit der Einrichtung so genannter DNA-Datenbanken als polizeiliches Ermittlungswerkzeug. In diesem Zusammenhang wirft der massenhafte Einsatz der Gendiagnostik Fragen der Verhältnismäßigkeit, von Missbrauchsgefahren und gesellschaftlichen Kontrollmöglichkeiten auf.

2. Polizeiliche DNA-Datenbanken für autosomale STR-Profile

Eine DNA-Übereinstimmung (Treffer, „match“) kann sich nicht nur aus dem Vergleich einer Tatortspur mit ermittelten Tatverdächtigen, sondern auch durch den Abgleich der Spur mit einer Datenbank, die aus den DNA-Profilen verurteilter Straftäterinnen und Straftäter besteht, ergeben. Solche Datenbanken sind seit 1996 eingerichtet worden, um sehr lange zurückliegende Straftaten oder auch Straftaten ohne konkreten Täterhinweis aufzuklären und darüber hinaus eine abschreckende Wirkung auf potenzielle Straftäterinnen und Straftäter zu erzielen. Die Codierung des DNA-STR-Profiles als Zahlenreihe erlaubt in technisch einfacher Weise solche Datenbanken anzulegen und zu durchsuchen. Wesentlich komplexer sind die juristischen Kriterien, die für die Einrichtung von DNA-Datenbanken gelten. Es ist bei der Vielzahl von Datenbanken, die in den entwickelten Ländern betrieben werden, eine ganz unterschiedliche Herangehensweise festzustellen (Tabelle 1).⁵

In Deutschland wurde mit der Einrichtung der DNA-Analyse-Datei (DAD) im Jahre 1998 kurz vor der Bundestagswahl begonnen. In der Einrichtungsphase wurden fünf praxiserprobte STR-Loci festgelegt,⁶ die von allen beteiligten Labors der Landeskriminalämter (LKÄ), der universitären rechtsmedizinischen Institute sowie auch von Privatlabors als Standard untersucht wurden. Mit Verspätung wurde erkannt, dass fünf STR-Loci nicht ausreichen,

4 www.innocenceproject.org [31.05.2007].

5 Vgl. Schneider/Martin, 2001.

6 Diese sind: TH01, FGA, vWA, SE33 sowie D21S11.

Tabelle 1: Überblick über polizeiliche DNA-Datenbanken in Europa⁷

Land	Population	Personen			Spuren	Treffer						Datum
		V	vS	Total		Person/Spur			Spur/Spur	Total		
						V	vS	Total				
Österreich	8 100 000			94 550	24 600			7 255	3 208	10 463	01.01.07	
Belgien	10 400 000		6 883	6 883	9 375	137	134	271	697	968	01.06.06	
Kroatien	4 600 000			13 041	2 301			1 114	311	1 425	31.12.06	
Tsch. Rep.	10 300 000			12 639	4 740			4 537	5 587	10 124	31.12.06	
Dänemark	5 500 000			10 112	9 875			2 370	1 951	4 321	01.11.06	
Estland	1 500 000			15 096	5 533			1 392	455	1 847	01.01.07	
Finnland	5 200 000			45 526	8 463			6 919	1 271	8 190	01.12.06	
Frankreich	59 300 000	212 191	119 157	331 348	16 624			4 551	1 190	5 741	01.12.06	
Deutschland	82 400 000			438 574	102 831			35 169	12 448	47 617	01.12.06	
Ungarn	10 200 000			43 375	263			22	12	34	31.12.06	
Niederlande	16 100 000	10 176	16 880	27 056	29 534			10 078	4 029	14 107	12.06.06	
Norwegen	4 500 000		8 698	8 698	2 005			747	272	1 019	30.06.06	
Portugal	10 300 000				2 160				57	57	01.01.07	
Slowenien	2 000 000			5 782	2 744			523	108	631	01.02.05	
Spanien	44 400 000			11 926	20 420			2 032	8 772	10 804	31.12.06	
Schweden	9 000 000	15 183	8 549	23 732	15 848	8 354	1 495	9 849	11 090	20 939	06.12.06	
Schweiz	7 360 000			83 390	13 973			12 701	3 272	15 973	01.12.06	
Ukraine	47 600 000			1 723	176					22	01.01.07	
Großbrit.	59 600 000			3 790 551	312 958			762 280	45 697	807 977	01.12.06	
Total	398 360 000			4 964 002	584 423			861 810	100 427	962 259		

Erklärung: V = Verdächtiger; vS = verurteilter Straftäter

um eine sichere Identifizierung einer Person zu erreichen, eine Aufstockung um drei STRs und einen Geschlechtsmarker erwies sich als notwendig. Die DNA-Daten werden in den einzelnen Bundesländern über so genannte Meldebögen in der Verantwortung der LKÄ erfasst;

⁷ Quelle: www.enfsi.org/ewg/dnawg/db/dnadatabases [21.06.2007].

Lutz Roewer

die Datenspeicherung erfolgt zentral beim Bundeskriminalamt in Wiesbaden. Zusätzliche Verbesserungen an der Datenbank (zum Beispiel eine fehlertolerante Suche, zur Auswertung so genannter „near matches“) wurden vorgenommen und die Zusammenarbeit auf europäischer Ebene forciert. Der Vertrag von Prüm vom 27. Mai 2005 zwischen Belgien, der Bundesrepublik Deutschland, Spanien, Frankreich, Luxemburg, den Niederlanden und Österreich über die „Vertiefung der grenzüberschreitenden Zusammenarbeit, insbesondere zur Bekämpfung des Terrorismus, der grenzüberschreitenden Kriminalität und der illegalen Migration“ sieht die automatisierte Abfrage und den Abgleich von DNA-Profilen (hier DNA-Identifizierungsmuster genannt) zwischen den Unterzeichnerstaaten vor. Dies ist eine von mehreren Initiativen (aktiv ist vor allem auch INTERPOL), die DNA-Profile und die Datenbanken untereinander kompatibel und recherchefähig zu machen. Dabei ergeben sich einige grundsätzliche Probleme, die aus der unterschiedlichen nationalen Gesetzgebung beziehungsweise fehlender Gesetzgebung zur Einrichtung solcher DNA-Datenbanken resultieren. Die National DNA Database (NDNAD) von England und Wales beispielsweise, die älteste und größte DNA-Datenbank der Welt, wird durch das staatseigene Unternehmen Forensic Science Service (FSS) betrieben, das derzeit vor der Privatisierung steht. Am 1. Dezember 2006, elf Jahre nach ihrer Gründung, enthielt diese Datenbank über vier Millionen Datensätze, davon 3,8 Millionen Personenprofile. Das sind bei circa 52 Millionen Einwohnern von England und Wales (Schottland und Nordirland betreiben eigene Datenbanken) über 7 Prozent der Bevölkerung.⁸ Die NDNAD ist auf eine Zahl von fünf Millionen, also rund 10 Prozent der Bevölkerung, projektiert. Bei der Teilgruppe der männlichen Personen im Alter von 10 bis 50 Jahren (der Gruppe mit der höchsten Kriminalitätsrate) liegt der Prozentsatz der analysierten Proben bei über 30 Prozent (Jobling/Gill, 2004).

Die enorme Datenbankgröße ist das Ergebnis äußerst liberaler Kriterien für den Datenbankeintrag. Die meisten Proben werden von Personen (mit und ohne Einverständnis) entnommen, die eines Delikts bezichtigt werden, das zu einer Verurteilung mit Haftstrafe führen könnte. Diese Praxis wird mit einer kriminologischen Argumentation gestützt: Kriminelle, die Kleinstdelikte begehen, so die Theorie, treten mit höherer Wahrscheinlichkeit zukünftig auch als Täterinnen und Täter schwererer Verbrechen in Erscheinung. Kürzlich erfolgte Gesetzesänderungen erlauben es nun sogar, auch DNA-Profile von entlasteten, freigesprochenen Personen in der Datei zu belassen sowie die DNA-Profile aus Reihenuntersuchungen (hier

⁸ Zum Vergleich: In der gesamten EU sind es ca. 1,1%; in den USA ca. 0,5%.

jedoch nur mit Zustimmung der Betroffenen) zu speichern. Es gibt nicht wenige Kritiker, darunter Alec Jeffreys, der Entdecker des „Genetic Fingerprinting“, die in Großbritannien vor der Gefahr einer zweigeteilten Gesellschaft aus „Typisierten“ und „Nichttypisierten“ warnen, die mit der Zugehörigkeit zu sozialen und ethnischen Gruppen korreliert. Angesichts der bereits erreichten Datenbankgröße in England und Wales plädiert Jeffreys sogar für die Erfassung der DNA-Profile der Gesamtbevölkerung, um einer Stigmatisierung von Gruppen vorzubeugen. Inzwischen wächst die Kritik am FSS in Großbritannien, dem trotz riesiger Aufwendungen für Datenbanken und DNA-Analyse eine geringe Effizienz vorgeworfen wird: Nach einer Untersuchung der Universität Leicester wurden nur 0,35 Prozent der Straftaten mit Hilfe von DNA-Vergleichen aufgeklärt.

Wie ist nun die Situation in Deutschland? Hier schränken deutlich schärfere gesetzliche Vorgaben den Einsatz der molekularbiologischen Analyse in Strafverfahren und Untersuchungen zur Einstellung von personengebundenen DNA-Daten in die Deutsche DNA-Analyse-Datei (DAD) ein. Festgehalten sind diese gesetzlichen Regelungen in der Strafprozessordnung (StPO §81). Dazu gehören:

- ▶ der Richtervorbehalt,
- ▶ die Beschränkung auf Personen, die schwere Straftaten begangen haben,
- ▶ die Prognosestellung bei rechtskräftig verurteilten Straftätern,
- ▶ die Anonymisierung des Untersuchungsmaterials und
- ▶ die Vernichtung der Vergleichsproben von Beschuldigten und Zeugen nach Abschluss der Ermittlungen.

Im Zeitraum von der Einführung der DAD im September 1998 bis November 2006 sind es laut BKA über 30.000 Fälle, in denen eine Tatortspur einer Person zugeordnet werden konnte. Ausgelöst durch die Erfolge der DNA-Analyse bei der Aufklärung von Kapitalverbrechen wurden die DNA-relevanten Paragraphen der StPO im November 2005 novelliert. Die wichtigste Änderung: Es dürfen nunmehr alle Tatortspuren ohne richterlichen Beschluss auf DNA-Merkmale untersucht werden. Eine weitere wichtige, aber umstrittenere Änderung betrifft die Personenuntersuchungen und den so genannten Straftatenkatalog. Es dürfen nun DNA-Proben von einem Beschuldigten entnommen werden, wenn er mehrere minderschwere Straftaten begangen hat, diese können im Unrechtsgehalt einer Straftat von erheblicher Bedeutung

Lutz Roewer

gleichstehen. Mit der Einfügung des neuen §81h StPO wird erstmals auch die so genannte Reihenuntersuchung auf eine gesetzliche Grundlage gestellt. Bei begründetem Verdacht, dass ein Verbrechen gegen das Leben, die körperliche Unversehrtheit, die persönliche Freiheit oder die sexuelle Selbstbestimmung begangen worden ist, dürfen Personen, die bestimmte, auf den Täter vermutlich zutreffende Prüfungsmerkmale erfüllen und belehrt wurden, mit ihrer schriftlichen Einwilligung Körperzellen entnommen werden. Diese werden zur Feststellung des DNA-Identifizierungsmusters und des Geschlechts molekulargenetisch untersucht. Die festgestellten DNA-Identifizierungsmuster werden mit denjenigen von Spurenmaterial automatisiert abgeglichen, soweit dies zur Feststellung erforderlich ist, das heißt, ob das Spurenmaterial von diesen Personen stammt und die Maßnahme insbesondere im Hinblick auf die Anzahl der von ihr betroffenen Personen in einem angemessenem Verhältnis zur Schwere der Tat steht.

Diese Maßnahmen bedürfen weiterhin der gerichtlichen Anordnung. Die DNA-Identifizierungsmuster der von der Reihenuntersuchung betroffenen Personen sind, sofern sie zur Aufklärung des Verbrechens nicht mehr erforderlich sind, unverzüglich zu löschen; ebenso sind die verbliebenen Körperzellen und die DNA-Proben zu vernichten. Die Daten dürfen also nicht zur Aufklärung zukünftiger Strafverfahren beim BKA gespeichert werden. Ein Beschuldigter ist unverzüglich von der Speicherung seiner DNA-Merkmale zu benachrichtigen und darauf hinzuweisen, dass er die gerichtliche Überprüfung beantragen kann. Wichtig sind auch die Ausführungen über die Untersuchungsstellen. Hier heißt es im Gesetzestext: „Mit der Untersuchung [...] sind in der schriftlichen Anordnung Sachverständige zu beauftragen, die öffentlich bestellt oder nach dem Verpflichtungsgesetz verpflichtet oder Amtsträger sind, die der ermittlungsführenden Behörde nicht angehören oder einer Organisationseinheit dieser Behörde angehören, die von der ermittlungsführenden Dienststelle organisatorisch und sachlich getrennt ist“ (§81f. StPO). Faktisch ist es so, dass in Deutschland die Landeskriminalämter das Gros der Untersuchungen leisten, wobei die Gründung eigenständiger DNA-Abteilungen innerhalb der kriminaltechnischen Dezernate die organisatorische und sachliche Trennung von der ermittlungsführenden Stelle gewährleisten soll. Die rechtsmedizinischen Institute, die bis 1998 in den meisten Bundesländern aufgrund ihrer wissenschaftlichen Kompetenz nahezu allein für die forensischen DNA-Analysen zuständig waren, stehen heute in Konkurrenz mit kriminaltechnischen und privaten Labors. Da die Polizeiführungen immer häufiger

Aufträge zur DNA-Analyse ausschreiben müssen,⁹ erbringen sehr kostengünstige, zum Teil in internationalen Holdings organisierte Anbieter einen immer größeren Teil der Diagnostik. Wenn aber die überwiegende Zahl der molekularbiologischen Untersuchungen bei der Polizei selbst beziehungsweise bei rein kommerziell orientierten Anbietern durchgeführt wird, so wird die „unproblematische“ Sicht auf das Gebiet der forensischen DNA-Analyse immer stärker die öffentliche Wahrnehmung bestimmen. Hochdurchsatz, Reihenuntersuchungen als Standard und eine steil ansteigende Zahl von Einträgen in die DAD werden in Analogie zu Wirtschaftskennziffern als progressiv und erfolgsorientiert kommuniziert.¹⁰

Es ist nicht davon auszugehen, dass Impulse zur Begrenzung des zunehmend von Datenschützern und Anderen kritisierten „Datenhungers“¹¹ von den Strafverfolgungsbehörden selbst ausgehen. Es ist auch in Deutschland Aufgabe der Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler und der wissenschaftlichen Organisationen, auf Tendenzen zur Aufweichung von Kriterien zur DNA-Analyse (zum Beispiel der Trend zur Entnahme von Speichelproben auf Basis der Freiwilligkeit, die immer häufigere Entnahme von Proben bei Verdacht der Begehung geringfügiger Straftaten, die sich zahlenmäßig ausweitenden Massentests) hinzuweisen und nötigenfalls Korrekturen anzumahnen. Insbesondere ist auf den Grundsatz der Verhältnismäßigkeit hinzuweisen. Bisher gibt es in Deutschland anders als in Großbritannien (Jobling/Gill, 2004; NDNAD-Bericht, 2006) kaum eine Auswertung der Datenbankaktivitäten von unabhängiger Seite in Bezug auf die Zahl und Art der aufgeklärten Verbrechen. Eingriffe in das Recht auf informationelle Selbstbestimmung, wie es die Speicherung eines DNA-Profiles zur Gefahrenabwehr und Strafverfolgung darstellt, sind jedoch verfassungsrechtlich problematisch, wenn nur wenige Straftäter auf diese Weise überführt werden können.

Diese kritische Einschätzung gilt ausdrücklich für die Ausweitung von Personen-Datenbanken, aber nicht für die DNA-Analyse im gegenständlichen Fall, wo sie unbestritten eines der wichtigsten Mittel zur Sicherung von Beweismaterial ist und bleibt. Oberstes Ziel aller Überlegungen zur sinnvollen Anwendung der forensischen Gendiagnostik muss es sein, deren hohe Akzeptanz in der Bevölkerung zu bewahren und diese Bereitschaft zur Kooperation mit den ermittlungsführenden Stellen auch künftig zur schnellen Aufklärung schwerster Straftaten einzusetzen.

⁹ Dies gilt für Aufträge ab einer Größenordnung von 50 000 Euro, auch EU-weit.

¹⁰ Siehe Werbematerial der Firma Applied Biosystems, die im Bereich Human Identification Marktführer ist (Gordon Thomas Honeywell Governmental Affairs, Germany Takes the Lead in Maximizing the Potential of DNA, Forensic News, April 2007).

¹¹ Spiegel online, 05.03.2007: Die Polizei, Dein Freund und Datensammler.

Lutz Roewer

3. Die rechtliche Situation der Abstammungsuntersuchung

Etwa 20 000 Abstammungsuntersuchungen, vor allem Vaterschaftstests, werden in Deutschland jährlich durchgeführt; 30 bis 40 Prozent davon erfolgen nicht im Auftrag eines Familiengerichts. Zu den Abstammungsuntersuchungen zählen auch Verwandtschaftstests für die Ausländerbehörden sowie zunehmend genealogische Untersuchungen vor allem mit linear vererbten Markern (Y-chromosomale und mitochondriale DNA). Abstammungstests für so genannte Trios (Mutter, Kind, Putativvater) werden mittels kommerziell erhältlicher Testkits, die PCR-Primergemische für 9-16 STR-Marker enthalten, durchgeführt. Fälle, in denen Familienangehörige fehlen oder Verwandte einbezogen werden, so genannte Defizienzfälle, können mit zusätzlichen Markern, darunter vor allem auch solche, die en bloc (als Haplotyp) vererbt werden und daher einen hohen Informationsgehalt aufweisen (HLA-Klasse I und II, X- und Y-STR Marker), mit ausreichender hoher statistischer Evidenz geklärt werden.

Die zunehmende Zahl außergerichtlicher Vaterschaftstests, oft mit „heimlich“ erlangten DNA-Proben des Kindes, hat den Gesetzgeber auf den Plan gerufen, da der Einsatz der DNA-Analyse im Zivilverfahren, also bei Vaterschafts- und Verwandtschaftsuntersuchungen bisher nicht gesetzlich geregelt ist. Das Grundproblem ist: Der gleiche Eingriff, der im strafrechtlichen Ermittlungsverfahren von einem Richter angeordnet werden muss – also die Erhebung des DNA-Identifizierungsmusters –, kann durch einen misstrauischen Vater ohne Einwilligung der Betroffenen anhand von heimlich erlangten Proben bei Privatlaboren in Auftrag gegeben werden. Das aktuelle Anfechtungsrecht erlaubt es Männern zwar, Vaterschaften zu überprüfen; vor Gericht können sie dies jedoch nur durchsetzen, wenn ein begründeter Anfangsverdacht anerkannt wird. In der Praxis ist die Begründung dieses Verdachts eine hohe Hürde, da bislang ein Mann, der seine Vaterschaft erfolgreich anfechtet, alle rechtlichen Bindungen zum Kind aufgibt. Dies führte in der Praxis oft dazu, dass Männer heimlich Vaterschaftstests anfertigen lassen, die jedoch bisher vor Gericht – wenn es darum geht, eine Vaterschaft anzufechten – wegen der Verletzung des Rechts auf informationelle Selbstbestimmung rechtlich unzulässig sind und daher nicht als Beweis verwendet werden dürfen. Eine Neuregelung ist nötig, weil das Bundesverfassungsgericht die bisherige Gesetzeslage kritisiert hatte. Die Beanstandung durch Karlsruhe führte zu einem jetzt vorliegenden Gesetzentwurf des Justizministeriums, demzufolge es künftig möglich sein soll, die Vaterschaft separat zu klären, ohne sie gleich anzufechten.

Väter, Mütter und Kinder sollen gegenüber den jeweils anderen Familienangehörigen einen Anspruch auf Klärung der Abstammung haben. Aus einem Gesetz werden zwei: Zunächst kann ein Mann klären lassen, ob er der biologische Vater eines Kindes ist. Ist dies nicht der Fall, kann er sich in einem zweiten Schritt überlegen, ob er die Vaterschaft anfecht. Bei beiden Verfahren soll es Härtefallklauseln geben, die dem Kind zugute kommen: Sowohl die Klärung der Abstammung als auch das Verfahren zur Anfechtung der Vaterschaft kann zeitweise ausgesetzt werden, wenn besondere Lebenslagen oder Entwicklungsphasen des Kindes dies erfordern. Für die sich den Markt teilenden über 100 Labore in Deutschland heißt dies, dass wieder verstärkt Aufträge über die Gerichte ergehen werden und damit die Anforderungen an gutachterliche Professionalität und Sorgfalt steigen, die unter Preisdruck und Unerfahrenheit teilweise gelitten haben. Defizite, wie mangelhafte oder fehlende Beratung, Untersuchung illegal erlangter Proben, keine Überprüfung und schriftliche Bestätigung der Identität der Probengeber, teilweise zu knapp bemessene Zahl der untersuchten Loci und damit zu geringe Beweiskraft der Analysen, tabellarische Gutachten ohne ausführliche Interpretation der Ergebnisse sowie fehlende Sachkenntnis bei der statistischen Auswertung können nicht toleriert werden. Labore, die sich als Serviceeinrichtungen im Dienst der Rechtsprechung verstehen, müssen Qualitätskriterien definieren und einhalten. Dazu muss insbesondere die Zertifizierung und Akkreditierung forensischer Labore weiter vorangetrieben werden, wobei unter anderem die Deutsche Akkreditierungsstelle Chemie (DACH) und die International Society of Forensic Genetics (ISFG) als Akkreditierungsstellen im nationalen bzw. internationalen Rahmen fungieren.

4. Gegenwärtige Forschungsfelder

Die forensische Genetik ist auch nach der Etablierung des „DNA-profiling“ ein forschungintensives Fach, das an mehreren deutschen Universitäten vertreten ist. Ein Fokus richtet sich dabei auf die Möglichkeiten, die die Entschlüsselung des Humangenoms bietet, um die DNA einer Spur direkt auf phänotypische Merkmale zu testen. Die anfängliche Euphorie über das „Phantombild“ aus dem Genom legte sich jedoch bald, als erste Publikationen darlegten, wie komplex die genetische Codierung sichtbarer Merkmale wie Haut-, Haar- und Augenfarbe, Statur oder Gesichtsmorphologie

Lutz Roewer

angelegt ist (Pulker et al., 2007). Mit Hilfe von Assoziationsstudien sind Gene, die für den biochemischen Metabolismus der Pigmentierung oder des Verlustes derselben verantwortlich sind, identifiziert worden. Wie auch bei der Untersuchung der genetischen Grundlagen der Körpergröße, wo mehrere „short stature quantitative trait locus“ (STQTLs) beschrieben worden sind, können genetische Analysen jedoch nicht allein das normale Spektrum von Pigmentierung und Körperwachstum (jenseits von Rothaarigkeit, Albinismus und Kleinwüchsigkeit) beschreiben und bleiben damit als Hilfsmittel zur Verbrechensaufklärung wahrscheinlich auch in Zukunft von begrenztem prädiktivem Wert. Dieses Forschungsgebiet verdient nichtsdestoweniger intensive Beobachtung, um rechtzeitig gesetzliche Rahmenbedingungen zu definieren, unter denen auch die Untersuchung codierender DNA-Sequenzen zur Anwendung kommen könnte. Das gleiche gilt auch für das Gebiet der phylogeografischen Untersuchungen mit so genannten „ancestry informative markers“ (AIM). Seit Längerem ist bekannt, dass speziell Sequenzvarianten des Y-Chromosoms und der Mitochondrien (Haplotypen) in ihrer Häufigkeit regional extrem ungleichmäßig verteilt sind. Diese ausgeprägte geografische Stratifikation ist die Folge der rekombinationsfreien, klonalen Vererbung solcher Loci entlang väterlicher oder mütterlicher Linien innerhalb von lokalen Populationen bei gleichzeitiger, allmählicher Akkumulation von Mutationen im Laufe der jüngeren Humanevolution. Mutationen im nicht-codierenden Bereich des Y-Chromosoms und des mitochondrialen Genoms haben daher häufig eine hohe Populationsspezifität und damit einen hohen prädiktiven Wert. Jede humane DNA kann mit Standardmethoden (STR-, SNP-Analyse, Sequenzierung) auf solche Populationsmarker untersucht werden. Anhand einer einheitlichen phylogenetischen Klassifikation und mit Hilfe populationsgenetischer Referenzdatenbanken (Willuweit/Roewer, 2007; Parson/Dür, 2007), die aus publizierten, anonymisierten Daten bestehen, kann ein Y-chromosomaler oder mitochondrialer Haplotyp geografisch zugeordnet werden. Die Feststellung der biogeografischen Herkunft einer Person, inzwischen der größte private Markt für Gentests weltweit,¹² beginnt auch in der forensischen Gendiagnostik eine immer größere Rolle zu spielen, zum Beispiel bei der Priorisierung von Reihenuntersuchungen.

¹² Allein im Rahmen des privat finanzierten „Genographic Project“ werden zurzeit mehrere Hunderttausend Proben weltweit, darunter von indigenen Völkern, mit Y- und mt-DNA-Markern untersucht; Informationen unter www3.nationalgeographic.com/genographic/index.html [31.05.2007].

5. Literatur

- Butler, J.M. (2005): Forensic DNA Typing, Biology, Technology and Genetics of STR markers. Amsterdam.
- Jeffreys, A.J. et al. (1985): Individual-specific 'fingerprints' of human DNA, in: Nature 316(6023):76–79.
- Jobling, M.A.; Gill, P. (2004): Encoded evidence. DNA in forensic analysis, in: Nature Rev 5: 739–752.
- Parliamentary Office of Science and Technology (POST) (2006): The national DNA database, postnote 258:1–4.
- Parson, W.; Dür, A. (2007): EMPOP. A forensic database, in: For Sci International: Genetics 1(2):88–92.
- Pulker, H. et al. (2007): Finding genes that underlie physical traits of forensic interest using genetic tools, in: For Sci International: Genetics 1(2):100–104.
- Sanchez, J.J. et al. (2006): A multiplex assay with 52 single nucleotide polymorphisms for human identification, in: Electrophoresis 27(9):1713–1724.
- Schneider, P.M.; Martin, P.D. (2001): Criminal DNA databases. The European situation, in: For Sci International 119(2):232–238.
- Willuweit, S.; Roewer, L. (2007): Y chromosome haplotype reference database (YHRD). Update, in: For Sci International: Genetics 1(2):83–87.

Inhalt

Teil I – Einführung, Kernaussagen, Handlungsbedarf

Einleitung	9
Zusammenfassung und Kernaussagen	11
Handlungsbedarf	19

Teil II – Aktueller Stand der Technik und der Gesetzgebung

Neue Technologien für Genomforschung und Diagnostik	21
Hans-Hilger Ropers, Reinhard Ullmann	
Neuere Entwicklungen im Rechtsdiskurs zur Gendiagnostik	33
Jürgen Simon, Jürgen Robiński	

Teil III – Diskussion einzelner Anwendungsfelder

Forensische Anwendungen der Molekulargenetik	53
Lutz Roewer	
Präimplantationsdiagnostik	69
Karl Sperling	
Gentests und deren Einsatz für Reihenuntersuchungen aus gesundheitsökonomischer Perspektive	87
Wolf Rogowski, Astrid Langer	
Die Bewertung genetischer Tests im klinischen Kontext	107
Poupak Javaher, Jörg Schmidtke	

7

Teil IV – Status und Regulierung von genetischen Daten

Metaanalyse der Diskussion um den genetischen Exzeptionalismus	123
Corinna Brändle, Dagmar Reschke, Gerhard Wolff	
Droht präventiver Zwang in Public Health Genetics?	143
Wolfgang van den Daele	
Ethische Aspekte der Regulierung prädiktiver genetischer Tests	165
Bert Heinrichs	

Teil V – Problemfelder und Indikatoren

Problemfelder im Spannungsfeld der Gendiagnostik	179
Silke Domasch, Mathias Boysen	
Daten zu ausgewählten Indikatoren I	189
Mathias Boysen	
Daten zu ausgewählten Indikatoren II	195
Brigitte Pabst, Jörg Schmidtke	

Verzeichnisse

Abbildungen und Tabellen	205
Autorinnen und Autoren	207