

Tagungsbericht zum interdisziplinären Symposium „Möglichkeiten und Grenzen von erweiterten DNA-Analysen – ohne und unter Einschluss der biogeographischen Herkunft (BGA)“

Düsseldorf, 18.09.2024

Einleitung

Unter dem Motto „Das volle Potenzial der erweiterten DNA-Analyse nutzen“, luden die Spurenkommission sowie die Arbeitsgruppe Universitäre forensische Genetik der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin (DGRM) am 18.09.2024 in das Institut für Rechtsmedizin im Universitätsklinikum Düsseldorf ein. Mehr als 70 Vertreter aus Politik, Justiz, Strafverfolgung und Wissenschaft diskutierten beim interdisziplinären Symposium „Möglichkeiten und Grenzen von erweiterten DNA-Analysen – ohne und unter Einschluss der biogeographischen Herkunft“, das mit Unterstützung der QIAGEN GmbH durchgeführt wurde.

Hauptziel der Veranstaltung war es, die Entscheidungen des Gesetzgebers zu hinterfragen, die zur aktuellen Fassung des § 81e Abs. 2 der StPO geführt haben. Seit einer Änderung im Jahr 2019 erlaubt die Strafprozessordnung die sog. „erweiterte DNA-Analyse“, also Feststellungen bezüglich der Haar-, Haut- und Augenfarbe sowie des Alters eines unbekanntem Spurenverursachers. Im Zuge dieser Änderung wurde jedoch, entgegen der eindringlichen Empfehlung forensischer Molekularbiologen, darauf verzichtet, Feststellungen zur sogenannten „biogeographischen Herkunft“ (auch *biogeographical ancestry* kurz: BGA) zuzulassen - eine Entscheidung, die nicht ohne Konsequenzen blieb, da beispielsweise ohne Kenntnis der genetischen Herkunft einer Person die Vorhersagen der Haar-, Haut- und Augenfarbe sowie des Alters weniger präzise erstellt werden können. Unpräzise Vorhersagen können auf einen inkorrekten Phänotyp (ein inkorrektes Erscheinungsbild) hinweisen und so - im schlimmsten Fall - die polizeiliche Ermittlung in eine falsche Richtung lenken. Der Nutzen, der sich aus der Verknüpfung der Analyse zur biogeographischen Herkunft mit den Methoden der erweiterten DNA-Analyse ergibt, ist eindeutig wissenschaftlich belegt, der investigative Mehrwert klar erkennbar. Dagegen steht die Sorge, dass die Veröffentlichung herkunftsbezogener Informationen zu Rassismus bzw. zu einem sogenannten „Racial Profiling“ (einer polizeilichen Maßnahme, begründet auf dem physischen Erscheinungsbild einer Person) führen könnte.

Fünf Jahre nach Inkrafttreten der Neufassung des § 81e Abs. 2 der StPO sollte das Symposium zum einen die Gelegenheit bieten, Bilanz zu ziehen, zum anderen aber auch ein Forum für den interdisziplinären Austausch über Möglichkeiten und Grenzen einer Erweiterung des gesetzlichen Rahmens schaffen. Dazu wurden Referenten aus Deutschland, Österreich, der Schweiz und den USA geladen, die über den Einsatz und die Erfahrungen mit der erweiterten DNA-Analyse berichteten und die damit verbundenen gesetzlichen Regelungen in ihrem Land präsentierten.

Begrüßung und Einleitung, Frau Prof. Stefanie Ritz (Direktorin des Instituts für Rechtsmedizin Düsseldorf)

Als Präsidentin der DGRM und Leiterin des Instituts für Rechtsmedizin der Heinrich-Heine-Universität in Düsseldorf betonte Frau Professorin Ritz in ihren einleitenden Worten, dass mittlerweile genug neue wissenschaftliche Daten und internationale Erfahrungen mit der Anwendung der erweiterten DNA-Analyse unter Verwendung der biogeographischen Herkunft vorliegen dürften, um die Konsequenzen der gesetzlichen Einschränkung in Deutschland umfassend auf den Prüfstand zu stellen. Ziel der Programmgestaltung, so Frau Prof. Ritz weiter, sei es gewesen, die Thematik aus möglichst vielen verschiedenen Perspektiven zu beleuchten, um die Grundlage für eine erneute öffentliche und politische Debatte zu schaffen.

Die Veranstaltung diene nicht nur dem Austausch von Wissen und Erfahrungen, sondern solle eine Gelegenheit bieten, methodische Möglichkeiten auch unter rechtlichen und ethischen Aspekten kritisch zu reflektieren und so eine Grundlage für eine interdisziplinäre Diskussion zur Erweiterung des gesetzlichen Rahmens für die Nutzbarkeit der Möglichkeiten der erweiterten DNA-Analyse zu schaffen, so Frau Prof. Ritz.

Grußworte Herr Minister Herbert Reul (Minister des Innern des Landes Nordrhein-Westfalen)

In seiner Ansprache dankte Herr Minister Reul zunächst den Organisatoren für ihre Initiative, die wichtig sei, um den Blick auf die zukünftigen Entwicklungen der erweiterten DNA-Analyse zu schärfen. Er betonte, dass die klassische forensische DNA-Analyse seit den neunziger Jahren auf der ganzen Welt schon tausende Verbrechen aufgeklärt habe. Sie habe gleichsam eine „strafprozessualen Revolution“ ermöglicht, gelte heute als Königsdisziplin und sei rechtssicher in der Strafprozessordnung verankert. Doch, so der Minister weiter, brauche jede Revolution „auch mal ein Update“.

Herr Minister Reul sehe Potential im Einsatz erweiterter DNA-Analysen, im Besonderen auch bei der Bearbeitung von Cold Cases, deren Klärung für die Angehörigen von immenser Bedeutung sei. Vorhersagen zur BGA seien im Kontext dieser Untersuchungen ein weiteres wichtiges Puzzlestück. Der Minister hinterfragte, warum man nicht die Möglichkeiten nutzen solle, die bereits zur Verfügung stehen, um ein vollständigeres Bild eines unbekanntem Spurenverursachers zu erhalten, welches genauso zur Entlastung als auch zur Belastung von Tatverdächtigen führen könne. Einsparungen von Ressourcen seitens der Ermittler seien ein möglicher weiterer Benefit.

Der Minister betonte aber auch die Notwendigkeit, behutsam vorzugehen, insbesondere im Hinblick auf den Datenschutz. Auch Ängste in der Bevölkerung müssten ernst genommen werden. Gleichzeitig sah er die Politik in der Pflicht, sich aktiv mit diesen Themen auseinanderzusetzen. „Ideologische Gräben müssen überwunden werden“, so der Minister wörtlich. Auch er hoffe, dass mit dieser Veranstaltung die Diskussion über die forensische DNA-Phänotypisierung neu angestoßen werde.

Biologische Grundlagen, Limitierungen und forensische Methoden der erweiterten DNA-Analyse (Frau Prof. Cordula Haas, Institut für Rechtsmedizin Zürich, Schweiz)

In der Schweiz ist es seit dem 01.08.2023 erlaubt, mithilfe molekularbiologischer Methoden, Vorhersagen über phänotypische Merkmale, explizit der Augen-, Haar- und Hautfarbe, des Alters und der biogeographischen Herkunft eines Spurenverursachers/ einer Spurenverursacherin durchzuführen. Ausschlaggebend für die Novellierung des Gesetzes war ein schwerwiegendes Sexualdelikt, allerdings dauerte der Prozess bis zum Inkrafttreten des revidierten DNA-Profil-Gesetzes insgesamt 8 Jahre. Weiterhin, so Prof. Haas, gibt es Restriktionen hinsichtlich der Frage, wann genau diese Untersuchungen angewendet werden dürfen. So sind die neuen Analysen z.B. deliktsabhängig (nur schwere Delikte i.e. Kapitaldelikte kommen in Frage). Aber auch an die Spur selbst gibt es bestimmte Anforderungen: für eine FDP-Analyse (*forensic DNA phenotyping* deutsch: forensische DNA-Phänotypisierung) muss nicht nur eine ausreichende Menge an DNA vorhanden sein, es darf sich auch nicht um eine Mischspur mehrerer Personen handeln.

Bei der klassischen DNA-Analyse bei strafrechtlichen Ermittlungen wird aus Spuren und von Personen ein sogenanntes DNA-Profil erstellt. Maßgeblich werden hier längenpolymorphe Bereiche im nicht-kodierenden Bereich der DNA (sogenannte Short Tandem Repeat- (STR-) Polymorphismen) herangezogen. Bei der FDP-Analyse hingegen werden vor allem sogenannte SNPs (*single nucleotide polymorphisms* deutsch: Einzelnukleotid-Polymorphismen) untersucht. Hierbei handelt es sich um Variationen einzelner Basenpaare, die auf verschiedenen Stellen der DNA zu finden sind und bei denen der vorliegende (und vererbte) Buchstabencode Informationen zu äußerlich sichtbaren Merkmalen, also dem Phänotyp, oder eben der BGA enthält. Diese SNPs liegen sowohl auf der nukleären DNA (Kern-DNA, bestehend aus 22 Autosomenpaaren und den Geschlechtschromosomen) als auch auf der mitochondrialen DNA (mtDNA). Die untersuchten DNA-Marker zur Vorhersage der Augen-, Haar- und Hautfarbe, aber auch Marker zur Vorhersage der biparentalen BGA liegen auf der autosomalen DNA (im Zellkern). Die Untersuchung von Markern auf der mtDNA oder dem Y-Chromosom ermöglichen Rückschlüsse auf die Herkunft der mütterlichen bzw. väterlichen Linie einer Person. Grund hierfür ist, dass die mtDNA in rein maternaler Linie von der Mutter an alle ihre Kinder vererbt wird. Hingegen wird das Y-Chromosom in rein paternaler Linie vom Vater auf alle seine männlichen Nachkommen weitergegeben. Bei der Bestimmung des biologischen Alters werden nicht Unterschiede in der Buchstabensequenz der DNA, sondern vielmehr Anhänge (sog. Methylierungen) an der DNA, untersucht. Diese Anhänge an spezifischen Stellen der DNA nehmen im Laufe eines Lebens zu- oder ab.

Es gibt allerdings Grenzen der Untersuchungen. Sie liefern lediglich wahrscheinlichkeitsgestützte Vorhersagen und ermöglichen allein keine Individualisierung bzw. Identifizierung einer Person. Die Zuverlässigkeit der Aussage ist abhängig von den verwendeten (mathematischen) Modellen und den zugrundeliegenden bzw. verfügbaren Referenzdaten. Für nicht untersuchte Populationen ist somit die Zuverlässigkeit fraglich und nur bedingt anwendbar. Bei der Altersschätzung kommt erschwerend hinzu, dass verschiedene Faktoren (z. B. Erkrankungen, Lebens- und Umweltfaktoren) den Methylierungsstatus beeinflussen können und bei einer Schätzung in Betracht gezogen werden müssten. Derzeit wird an der Etablierung weiterer Modelle, beispielsweise zur Vorhersage von Augenbrauenfarbe, Haarstruktur, Glatzköpfigkeit bei Männern, Sommersprossen, Gesichtszügen und Körpergröße geforscht mit dem Ziel, in Zukunft ein genetisches Phantombild aus einer Spur zu erzeugen. Die Interpretation der äußerlich sichtbaren Merkmale wird, so Prof. Haas, durch die Analyse der BGA unterstützt und präzisiert.

Ein Insider-Blick auf die Vergangenheit, Gegenwart und Zukunft der forensischen investigativen genetischen Genealogie – Wie die Ahnenforschung in den USA neue ermittlungstaktische Ansätze liefert (Herr R. Stephen Kramer, Anwalt des FBIs (im Ruhestand), Präsident Indago Solutions, USA)

Stephen Kramer berichtete sehr anschaulich darüber, „wie die jahrzehntelange Jagd nach einem Serienmörder zur Entwicklung der innovativsten Strafverfolgungstechnik seit dem genetischen Fingerabdruck führte.“ Bei dem erwähnten Serienmörder handelte es sich um den als Golden State Killer bekannten Joseph James DeAngelo Jr.. Einen „ganz besonderen“ Täter, der bei seinen Taten überaus geschickt vorging; seine insgesamt 125 Einbrüche, 50 Vergewaltigungen und 13 Morde fanden in den Jahren 1974 bis 1986 in drei verschiedenen Regionen innerhalb Kaliforniens statt. Die Serien konnten erst nach 25 Jahren mittels DNA-Analysen miteinander verknüpft und somit auf einen einzelnen Täter zurückgeführt werden - dennoch blieb dieser Täter für weitere (fast) zwei Jahrzehnte unbekannt.

DeAngelo begann seine Serientäterlaufbahn als „*Visalia Ransacker*“, dem über 100 Einbrüche und 1 Mord zuzuschreiben waren, welche in Visalia, Kalifornien stattfanden. Bei den Einbrüchen hinterließ er meist nur Unordnung. In einem Fall jedoch bedrohte er ein 16-jähriges Mädchen und zwang es gewaltsam aus dem Haus. Der Vater des Mädchens wurde bei der Verfolgung von DeAngelo erschossen. Obwohl der *Visalia Ransacker* hier erstmals, wenn auch maskiert, gesehen wurde, stoppte ihn weder dies noch der Mord selbst. Hingegen wechselte DeAngelo sein Revier und seine Vorgehensweise und erlangte bald als „*East Area Rapist*“ mit 50 Vergewaltigungen und 2 Morden in Sacramento Bekanntheit. Hier endete seine Serie mit einem (Doppel-) Mord. In einer dritten Serie und nach erneutem Ortswechsel wurde DeAngelo als „*Original Night Stalker*“ bekannt, dessen 4 Vergewaltigungen und 10 Morde um Los Angeles herum durch eine äußerst sadistische Vorgehensweise gekennzeichnet waren.

Trotz immens hohem personellem sowie finanziellem Ermittlungsaufwand blieb DeAngelo als Täter insgesamt 43 Jahre unerkannt, bis die Ermittler auf eine revolutionäre Idee kamen. Sie wählten einen völlig neuartigen Ermittlungsansatz und begründeten damit die „forensische investigative genetische Genealogie“ (kurz: FIGG). Die Idee hinter diesem Ansatz war die Nutzung genealogischer DNA-Datenbanken für forensische Zwecke. Genealogische DNA-Datenbanken wie z. B. *GEDmatch*, *FamilyTreeDNA*, *23andMe*, *Ancestry* und *MyHeritage* sind vor allem in den USA populär und werden von Privatpersonen genutzt, um durch Analyse und Abgleich zahlreicher DNA-Marker (SNPs) in der Datenbank unbekannte Verwandte zu finden, oder um beispielsweise bei Adoptionsfällen etwas über die eigene Herkunft zu erfahren. Bei zwei dieser Datenbanken sehen die Nutzungsbedingungen auch eine Abfrage zu forensischen Zwecken vor. Das mittlerweile routinemäßig bei forensischen DNA-Analysen, und auch im Falle des Golden State Killers aus Tatortspuren erstellte STR-Profil, war für die Recherche in einer genealogischen DNA-Datenbank nicht geeignet. Eine erneute Untersuchung der Spur(en) musste erfolgen.

Das Prinzip der FIGG basiert auf der Analyse von bis zu mehreren Hunderttausend SNPs in kodierenden Bereichen der DNA. Nach molekularbiologischer Analyse erfolgt ein Abgleich dieses SNP-Profiles in einer dafür zugänglichen öffentlichen genealogischen Datenbank. Je näher verwandte Personen miteinander sind, umso länger und häufiger sind die übereinstimmenden DNA-Abschnitte. Ein Mensch teilt sich mit seinen Eltern 50%, mit seinen Großeltern 25%, und mit Cousins 5. Grades 0.049% seiner DNA. Je nach Art des „Treffers“, also dem Maß an Übereinstimmungen, erstellen genealogische Datenbanken eine Trefferliste

mit potentiellen Verwandten. Anschließend an die Auswertung der Treffer erfolgt die Erstellung eines Stammbaums einschließlich der Ermittlung des letzten gemeinsamen Vorfahrens. Dadurch ergeben sich im besten Fall schließlich Hinweise auf wenige Zielpersonen. Im Fall des Golden State Killers führten diese Ermittlungen schlussendlich zu 6 Zielpersonen. Eine davon war DeAngelo, ein ehemaliger Polizist, der in den entsprechenden Zeiträumen in der Nähe der Tatorte wohnte bzw. beruflich tätig war und welcher als einziger der sechs Zielpersonen auch die passenden phänotypischen Merkmale aufwies. Ein Abgleich der vorliegenden DNA-Profile der Spurenproben mit dem nun von DeAngelo erstellten STR-Profil bestätigte den Verdacht – der Golden State Killer war gefunden. Der Einsatz dafür betrug nur ein Bruchteil der oben genannten, zuvor aufgewendeten Ressourcen.

Seit der Geburtsstunde der FIGG wurden allein in den USA über 800 Fälle in verschiedenen Staaten geklärt bzw. bisher unbekannte menschliche Überreste identifiziert. Die konventionelle, „händische“ Bearbeitung eines Falles beansprucht bisher allerdings im Schnitt 4-12 Monate wobei ein Großteil der Zeit für die manuelle Stammbaumrekonstruktion benötigt wird. Um dies zu beschleunigen hat Stephen Kramer die Firma Indago Solutions gegründet. Das Ziel der Firma ist die Entwicklung eines Softwaretools, welches die aufwändige genealogische Arbeit mittels dem Einsatz einer KI (künstliche Intelligenz) automatisieren und die Daten zu großen Teilen anonymisieren kann. Das hat den Vorteil, dass den Ermittlern lediglich die Namen der eigentlichen Zielpersonen genannt werden und die Privatsphäre nichtbeteiligter Personen geschützt wird.

Rechtliche Grundlagen der erweiterten DNA-Analyse – unnötige Bremse oder sinnvolle Grundlage? (Herr Jens Gnisa, Direktor des Amtsgerichts Bielefeld)

Im Vortrag von Herrn Jens Gnisa, Direktor des Amtsgerichts Bielefeld, wurden die Notwendigkeit und die Grenzen der erweiterten DNA-Analyse aus rechtlicher Perspektive beleuchtet. Der Staat benötigt eine klare Erlaubnis, um in das Grundrecht auf informationelle Selbstbestimmung einzugreifen, während Privatpersonen sich lediglich an die bestehenden Gesetze halten müssen. Für sie gilt: „Erlaubt ist, was nicht verboten ist“, so Gnisa. Die Wissenschaft ist wertneutral, eine rein ethische Prüfung wissenschaftlicher Erkenntnisse reicht nicht aus um diese einsetzen zu können. Rechte, die sich aus wissenschaftlichen Erkenntnissen ableiten, müssen demokratisch legitimiert werden. Woraus sich unweigerlich die Frage ableitet, welches Recht der Bürger überhaupt haben möchte. Denn genetische Analysen bieten einzigartige und immer neue Möglichkeiten, jedoch haben Bürger auch Angst vor dem Einsatz genetischer Untersuchungen und es ist die Pflicht der Politiker, diese zu berücksichtigen.

Herr Gnisa diskutierte die Spannungsfelder zwischen öffentlichem Druck und rechtlichen Rahmenbedingungen am Fall Möhlmann. Eine, viele Jahre nach der Tat durchgeführte DNA-Analyse, erbrachte neue Beweise, die einen bereits 1983 rechtskräftig Freigesprochenen abermals schwer belasteten. Die Einleitung eines neuen Strafprozesses gegen ihn wurde zunächst durch eine Gesetzesreform ermöglicht, die eben auch aufgrund des durch den Fall angefachten öffentlichen Drucks vorgenommen wurde. Diese Reform hatte die bisherige Regelung aufgehoben, die es verbot, jemanden wegen desselben Verdachts zweimal vor Gericht zu stellen. Allerdings erklärte das Bundesverfassungsgericht diese Neuregelung später für verfassungswidrig. Ein Beispiel, welches, so der Richter weiter, zum einen die Frage aufwarf, ob die Wahrheit oder die Rechtsstaatlichkeit Fundament der Gerechtigkeit ist, zum anderen aber zeigte, dass die Meinung bzw. der Druck durch die Öffentlichkeit wichtig seien,

um Änderungen in der Gesetzeslage herbeizuführen. In Bezug auf die erweiterte DNA-Analyse sei jetzt, nach Meinung von Richter Gnisa, ein geeigneter Zeitpunkt, um eine Gesetzesänderung anzustoßen. Grund dafür: Die Bevölkerung in Deutschland fühle sich nicht sicher.

Das Zustandekommen der jetzigen Gesetzesabfassung erklärte Richter Gnisa wie folgt: Der Gesetzgeber ist stets dazu verpflichtet das Grundrecht auf informelle Selbstbestimmung im Blick zu behalten, Eingriffe in dieses Grundrecht müssen angemessen sein. Die Untersuchung von äußerlich sichtbaren Merkmalen, wie sie auch ein Augenzeuge berichten kann, stellt dabei einen wesentlich weniger schwerwiegenden Eingriff dar, als die Untersuchung der biogeographischen Herkunft einer Person. Diese ist eben nicht ohne weiteres äußerlich erkennbar. Vorhersagen diesbezüglich schaffen - zumindest abstrakt – die Grundlage für eine mögliche rassistische Strafverfolgung. Auch wenn wissenschaftliche Ergebnisse an sich erst einmal wertneutral sind oder gerade auch zur Entlastung einer zu Unrecht verdächtigten Personengruppe führen können.

Um eine Veränderung zu bewirken, ist es notwendig, überzeugende wissenschaftliche Argumente zu verbreiten. Dazu gehören beispielsweise die Ergebnisse von Studien, die belegen, dass Vorhersagen von äußerlich sichtbaren Merkmalen sowie das Alter durch die gleichzeitige Analyse der biogeographischen Herkunft deutlich präziser und zuverlässiger erstellt werden können. Diese Erkenntnisse sollten veröffentlicht und der investigative Nutzen für die Strafverfolgung klar hervorgehoben werden. Richter Gnisa richtete am Ende auch einen Appell an die Wissenschaft: Aus juristischer Sicht wäre es von großer Bedeutung, genauere Methoden zur Altersbestimmung zu entwickeln, die insbesondere verlässliche Schätzungen für den juristisch relevanten Altersbereich von 14 bis 21 Jahren ermöglichen.

DNA-Phänotypisierung: Möglichkeiten und Grenzen der erweiterten DNA-Analyse ohne und unter Einschluss der biogeographischen Herkunft (Herr Dr. Reinhard Schmid, Bundeskriminalamt Österreich)

Dr. Schmid berichtete über die Rechtsgrundlagen von DNA-Analyseaufträgen für Spurensicherung sowie die Beauftragung von DNA-Analysen und der weiteren Datenbankverarbeitung für Spuren und Referenzprofilen in Österreich. Im Gegensatz zur Situation in Deutschland existieren in Österreich Rahmenverträge mit universitären Laboren, welche direkt mit dem Datennetz der Polizei verbunden sind.

Bis Mai 2018 war in Österreich ausschließlich die Untersuchung nicht-kodierender DNA-Abschnitte erlaubt. Mit der Novelle des Sicherheitspolizeigesetzes (BGBl I 2018/29) wurde die DNA-Phänotypisierung in jenen Fällen zulässig, bei denen es sich um eine gerichtlich strafbare Vorsatzstraftat handelt, die (ausgenommen bei Sexualdelikten) mit mindestens einjähriger Freiheitsstrafe bedroht und bei der eine Wiederholungsgefahr bezüglich zukünftiger Straftaten zu befürchten ist. Die ermittelten Daten müssen darüber hinaus zur Wiedererkennung geeignet sein. Dies sind typischerweise Daten, wie sie auch bei der erkennungsdienstlichen Erfassung einer Person verarbeitet werden, wie beispielsweise Größe, Farbe der Augen, Farbe der Haare, Alter, Geburtsort, Geburtsstaat (=Herkunft) oder besondere Personenmerkmale. Daten zu bestimmten gesundheitlichen Präpositionen, Eigenschaften oder genetischen Krankheiten dürfen dagegen nicht erfasst werden. Es gilt der Grundsatz der Verhältnismäßigkeit, d.h. die Auswertungen dürfen nur in einem sinnvollen Umfang bzw. in angemessener Intensität erfolgen. Dr. Schmid sieht die forensische DNA-

Phänotypisierung schon aufgrund des Aufwandes der Untersuchungen und der eingeschränkten Aussagekraft immer nur als eine „Ultima Ratio“ Methode, die nur bei sehr wichtigen Straftaten und „ausermittelten“ Fällen zur Anwendung kommt.

Er betonte, dass das Bundesministerium für Inneres bereits in der Vergangenheit Forschungsprojekte zu dieser Thematik unterstützt hat und weiterführende Kooperationen zwischen der Gerichtlichen Medizin Innsbruck und dem Bundeskriminalamt (BKA) Österreich im Forschungsbereich bereits vereinbart wurden, bzw. dass ggf. auch in der laufenden Evaluierung DNA-Spuren aus operativen Fällen zum Einsatz kämen. Bisher konnte die Forensische DNA-Phänotypisierung in Österreich in drei Fällen (einem Tötungsdelikt und zwei Identifizierungen) erfolgreich eingesetzt werden. In diesem Zusammenhang weist Dr. Schmid auf die Notwendigkeit der Schulung von Ermittlungsbehörden hin, um Fehlinterpretationen der Ergebnisse und somit ggf. fehlgeleitete Ermittlungen zu vermeiden.

„Phänotypisierungsmethoden können als ergänzende "last resort" Maßnahme bei schwersten Delikten mitunter die letzte Möglichkeit darstellen, eine Personenidentifizierung von Tätern oder auch Opfern zu ermöglichen“, betonte Schmid in seinem Fazit und ergänzte, dass DNA-Phänotypisierungen ohne gleichzeitige Nutzung der Erkenntnisse zur biographischen Herkunftsbestimmung nach Einschätzung des BKA Wien keinen ausreichenden operativen Mehrwert hätten. Der Einsatz erweiterter DNA-Analysen ohne BGA lasse sich seiner Meinung nach aufgrund des doch sehr hohen Analyseaufwands und des dem gegenüberstehenden geringen Informationsgewinns nicht rechtfertigen.

Regulierung der erweiterten DNA-Analyse in der Schweiz (Dr. Martin Zieger, Institut für Rechtsmedizin Bern, Schweiz)

Herr Dr. Martin Zieger, Institut für Rechtsmedizin Bern, berichtet, dass in der Schweiz mit über 70 Gesetzesartikeln bezüglich DNA-Untersuchungen eine hohe Regulierungsdichte vorliegt. Dabei regeln die Gesetze die DNA-Analyse bei Strafverfahren und reglementieren zusätzlich in zivilrechtlichen Angelegenheiten z.B. Abstammungsbegutachtungen. Das vorhergehende DNA-Profil-Gesetz erlaubte lediglich Untersuchungen im nicht-kodierenden Bereich der DNA. Dabei war explizit ausgeführt, dass „bei der DNA-Analyse (...) weder nach dem Gesundheitszustand noch nach anderen persönlichen Eigenschaften mit Ausnahme des Geschlechtes der betroffenen Person geforscht werden (darf).“ Im Jahr 2015 wurde anlässlich eines Vergewaltigungsdelikts eine sog. „Motion“ eingereicht, welche 2016 vom Schweizer Parlament angenommen wurde. Mittels einer Motion verlangt ein Parlamentsmitglied von der Regierung, dass diese eine Gesetzesänderung in Angriff nimmt. Ein erster Gesetzesentwurf beinhaltete die Zulassung von Vorhersagen zu den äußerlich sichtbaren Merkmalen Augen-, Haar- und Hautfarbe, der biogeographischen Herkunft und des Alters. Dies sollte bei jeglicher Art von Verbrechen, also Delikten, für welche die theoretische Höchststrafe mindestens drei Jahre Freiheitsstrafe beträgt, möglich werden. In Folge gingen von den Kantonen, Parteien und verschiedenen Organisationen 51 Stellungnahmen ein. Eine mediale Debatte blieb jedoch nahezu aus. Kritik richtete sich hauptsächlich gegen die Bestimmung der Hautfarbe und BGA, da diese nur bei Minderheiten effektiv seien und das unsinnige Konzept der „Rasse“ verstärken würden. Auch würde dies insbesondere bei Öffentlichkeitsfahndungen zu einer Stigmatisierung von Minderheiten führen. Dagegen bemängelten u.a. Strafverfolgungsbehörden, dass die Merkmale zu eng gefasst wären. Nach einer kontrovers verlaufenden Debatte im Parlament wurde das DNA-Profil-Gesetz im Jahr Dezember 2021 unter Einbezug aller fünf ursprünglich vorgeschlagener Merkmale verabschiedet. Der

Anwendungsbereich wurde im Rahmen des parlamentarischen Prozesses auf einen Katalog schwerer Straftaten, die sich hauptsächlich gegen die körperliche und sexuelle Integrität richten, eingeschränkt. Zusätzlich wurde entschieden, dass der schweizerische Bundesrat, in Abhängigkeit vom technischen Fortschritt und bei entsprechender praktischer Anwendbarkeit, die Bestimmung weiterer äußerlich sichtbarer Merkmale zulassen kann. Zudem wurde einerseits beschlossen, dass es eine Überprüfung der Zweckmäßigkeit und der Wirksamkeit des Gesetzes unter Einbeziehung der Wissenschaft und Forschung nach fünf Jahren sowie eine Berichterstattung des Bundesrats gegenüber dem Parlament spätestens sechs Jahre nach dem Inkrafttreten der Änderung vom 17. Dezember 2021 geben soll. Gegen das vom Parlament verabschiedete Gesetz wurde kein Referendum ergriffen.

Herr Dr. Zieger kritisierte, dass eine strikte Trennung gesundheitsrelevanter Informationen von anderen Daten nahezu unmöglich sei, was er am Beispiel der Bestimmung des individuellen und gesundheitsbezogenen Alters verdeutlichte. Am Beispiel eines Y-STR-Profiles legte er des Weiteren dar, dass sich auch die Genetik und die Herkunft nicht unabhängig voneinander betrachten lassen. Zudem bemängelte er, dass weitere phänotypische Merkmale, die die Exekutive in Zukunft ohne das Mitwirken des Parlamentes zulassen kann, nicht über die für Grundrechtseingriffe notwendige demokratische Legitimation verfügen (vgl. Art. 2b Abs. 4 DNA-PG). Zudem seien die Prozesse zur Aufnahme weiterer Marker in das bestehende Schweizer Recht nicht hinreichend definiert. So fehle z.B. eine unabhängige Aufsicht. Ferner sei u.a. ungeklärt, wer in den Prozess eingebunden wird. Ein weiteres Risiko sieht Herr Dr. Zieger darin, dass genetisch definierte Minderheiten aufgrund der Phänotypisierung in Zukunft überproportional häufig zu DNA-Massentests aufgeboten werden könnten.

Seit der Gesetzesnovellierung wurden in der Schweiz bisher jedoch nur drei Kriminalfälle mit der erweiterten DNA-Analyse inkl. BGA untersucht. In seinem Resümee sprach Herr Zieger sich für die Implementierung der BGA in denjenigen Fällen aus, die mittels Phänotypisierung untersucht werden. Dabei hält er es jedoch mit Sir Alec Jeffreys, dem Entdecker des genetischen Fingerabdrucks, der 2013 sagte: "I see that sort of phenotypic prediction developing a lot, but I think probably largely driven by academic curiosity rather than by an overarching need to develop sophisticated phenotypic predictions for police investigation work."

Erweiterte DNA-Analyse Einsatz und Erwartungen bei Cold Cases (Markus Weber, Cold Case Unit Köln)

Herr Markus Weber, Leiter der „Ermittlungsgruppe Cold Case“ der Polizei Köln, unterstrich am Beispiel konkreter Fälle aus seinem Berufsalltag, dass die DNA-Analyse ein extrem wichtiger Bestandteil der Cold Case-Bearbeitung ist und bereits in zahlreichen Ermittlungen entscheidend zur Lösung beigetragen hat. Seiner Meinung nach ist die erweiterte DNA-Untersuchung vor allem ergänzend und vergleichend zu Phantombildern, welche nach Zeugenangaben gefertigt wurden, sinnvoll. Zudem sei diese zur besseren Eingrenzung der zu testenden Personengruppe bei Reihenuntersuchungen sowie zur Identifizierung unbekannter Toter und zur Unterstützung der Weichteilrekonstruktion von Nutzen. Das Instrument der Altersbestimmung könnte die Ermittlungen ebenfalls sehr unterstützen, allerdings stünde hierfür vor allem in Cold Case-Fällen oft nicht genügend DNA zur Verfügung. Hier sollte seiner Meinung nach eine Verbesserung der Analysensysteme angestrebt werden.

Insgesamt hält Herr Weber den Einsatz einer durch die BGA komplettierten, erweiterten DNA-Analyse für ein wichtiges und zielführendes Instrument, mit welchem Kosten und Ressourcen auf Seiten der Ermittlungen eingespart werden könnten.

Diskussion

Die anschließende offene Diskussionsrunde wurde von Frau Prof. Dr. Marielle Vennemann moderiert.

Die Referenten befassten sich zunächst mit der Frage, ob genetisch-genealogische Datenbanken eine Alternative zu nationalen DNA-Datenbanken darstellen. Herr Richter Gnisa stellte klar, dass die Rechtsgrundlage dieser Datenbanken grundlegend verschieden ist, da in genetisch-genealogischen Datenbanken DNA-Profile freiwilliger Spender gesammelt werden. Herr Dr. Zieger warf ein, dass es eventuell besser wäre, eine nationale DNA-Datenbank der gesamten Bevölkerung zu führen, da dieses Vorgehen transparenter sei. Er verwies darauf, dass durch die Nutzung genetisch-genealogischer Datenbanken zur Stammbaumrekonstruktion auch Personen indirekt betroffen sind, die nie in die Nutzung ihrer genetischen Daten eingewilligt haben. Herr Kramer entgegnete, dass die Spender genau diesen Zweck mit ihrer Einwilligung wünschten. In der weiteren Diskussion fand die Tatsache Berücksichtigung, dass Einträge in genetisch-genealogischen Datenbanken keiner Qualitäts- oder Eingangskontrolle unterliegen, was die Verlässlichkeit der Daten beeinflussen kann, Ergebnisse aus einer Abfrage in solchen Datenbanken jedoch nie alleinige Grundlage für eine Verurteilung sein würden, sondern lediglich einen Ermittlungshinweis darstellen. Herr Gnisa verweist darauf, dass es für die weitere Diskussion hilfreich sein könnte, einen Präzedenzfall zu schaffen, um die Möglichkeiten einer solchen Abfrage konkret bewerten zu können.

Weitere Diskussionspunkte umfassten die Löschung von Datensätzen verstorbener Personen aus der deutschen DNA-Analysedatei und die Schwierigkeit, die dadurch für die Aufklärung sog. Cold Cases entsteht sowie das Thema des sog. „familial searchings“ in nationalen Datenbanken, was in der Schweiz bislang in wenigen Fällen angewandt wurde.

Hinterfragt wurde auch die Beobachtung, dass es in der Schweiz und in Österreich, wo die Vorhersage bzgl. der biogeographischen Herkunft bereits erlaubt ist, vergleichsweise wenige Anwendungsbeispiele gibt. Mögliche Gründe sind eine mangelnde Information der beteiligten Ermittlungsbehörden oder die vergleichsweise hohen Kosten. Herr Weber wies darauf hin, dass die Kosten keine Rolle spielen dürfen, wenn die Chance bestünde, durch eine neue Methode ein Verbrechen aufzuklären. Absolute Fallzahlen seien in ihrer Bedeutung sekundär. Zudem führte Herr Weber aus, dass das Versäumnis, bestehende Methoden zu nutzen, seiner Meinung nach eine Form von Strafvereitelung darstellen könnte.

Anschließend widmeten sich die Anwesenden der Frage nach möglichem sog. racial profiling durch die Polizei, da – wie Herr Dr. Zieger darstellte – die Ergebnisse der BGA insbesondere dann hilfreich für die Ermittlungen sind, wenn das Ergebnis auf eine Herkunft außerhalb Deutschlands bzw. Mitteleuropas hindeutet. Die Referenten waren sich weitgehend darüber einig, dass die Angst vor einem solchen Missbrauch nicht dazu führen darf, dass nicht alle Möglichkeiten zu Aufklärung eines schweren Verbrechens genutzt werden. Es wurde auf den Fall „Marianne Vaastra“ aus den Niederlanden verwiesen. Hier führte eine BGA dazu, die tatverdächtig gewordenen Bewohner eines Asylantenheims zu entlasten, da die entsprechende Untersuchung auf eine mitteleuropäische Herkunft des Täters hinwies.

Die meisten Referenten waren sich einig, dass in Deutschland die geringe Nachfrage nach Untersuchungen zur Haar-, Augen- und Hautfarbe damit zu begründen wäre, dass diese Untersuchungen ohne die vorherige Bestimmung der biogeographischen Herkunft zu unsicheren Ergebnissen führe und eine geringe Wirkung in der Strafermittlung hätte. Als mögliche Übergangslösung wurde der Vorschlag diskutiert, BGA zunächst im Sinne einer Probezeit vorübergehend zu ermöglichen, um an konkreten Fallbeispielen den Nutzen und die möglichen Risiken abzuschätzen.

Als zentrale Aussage einer vielschichtigen und in Teilen kontrovers geführten Diskussion bleibt festzuhalten, dass sich alle Referenten in einem Punkt einig waren: „Die Anwendung der erweiterten DNA-Analyse als Ermittlungstool ist nur unter Hinzunahme der biogeographischen Herkunft zielführend möglich.“

Liste der Autoren und Organisatoren:

Als Vertreter der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin, DGRM:

Prof. Dr. Katja Anslinger, Institut für Rechtsmedizin, München, Deutschland*
Dr. Petra Böhme, Institut für Rechtsmedizin, Düsseldorf, Deutschland
Prof. Dr. Sabine Lutz-Bonengel, Institut für Rechtsmedizin, Freiburg, Deutschland
Prof. Dr. Stefanie Ritz, Institut für Rechtsmedizin, Düsseldorf, Deutschland
Prof. Dr. Marielle Vennemann, Institut für Rechtsmedizin, Münster, Deutschland

Als Vertreter der QIAGEN GmbH:

Ondrej Krsicka
Dr. Pia Jores
Désirée Waidmann

*Korrespondierender Autor:

Prof. Dr. Katja Anslinger
Institut für Rechtsmedizin, LMU
Nußbaumstr.26
80336 München
katja.anslinger@med.uni-muenchen.de
Tel.: 089 218073320