Quelle: Brockhaus Enzyklopädie in 30 Bänden,
21. Auflage, 2005 (Bibliographisches Institut & F. A. Brockhaus AG)

GENETISCHER FINGERABDRUCK

- **Anwendungsgebiete**
- **Methoden**
- **Auswertung der Ergebnisse**
- **Zukünftige Entwicklung**
- **Rechtliche Aspekte**

genetischer Fingerabdruck, DNA-Fingerprinting, die Merkmale der menschl. Erbsubstanz (DNA), die in ihrer Kombination nur in einem einzigen Menschen zu finden sind und die ihn daher eindeutig identifizieren können. Es lassen sich praktisch alle biolog. Spuren, d. h. alle Gewebe, untersuchen und einer Person zuordnen **(DNA-Typisierung).** Da die Erbsubstanz eines Individuums in allen kernhaltigen Zellen identisch ist, ergibt deren Typisierung stets denselben g. F. mit einem charakterist. Muster.

Anwendungsgebiete

Individualidentifizierungen von Personen werden v. a. in kriminalistisch-rechtsmedizin. Zusammenhängen eingesetzt, etwa zur Prüfung von Tatortspuren. Findet sich in einer biolog. Spur (Blut, Sperma, Haare, Speichel, Haut, auch Hautzellen beispielsweise in Harn oder unter Fingernägeln) derselbe g. F. wie in einer Vergleichsprobe (früher Blut, inzwischen Speichel) einer verdächtigen Person, so können Person und Tatort bzw. Fundort einander zugeordnet werden. Dasselbe gilt für Zuordnungen von Tatorten zu Tatorten (bei Serientaten) und von Personen zu Personen (biolog. Spuren desselben Täters an mehreren Opfern). Die größte genet. Reihenuntersuchung wurde 1998 in Niedersachsen durchgeführt, um den Mörder eines Mädchens zu finden. Insgesamt wurden 18 000 Proben untersucht, unter denen sich auch die des Täters befand.

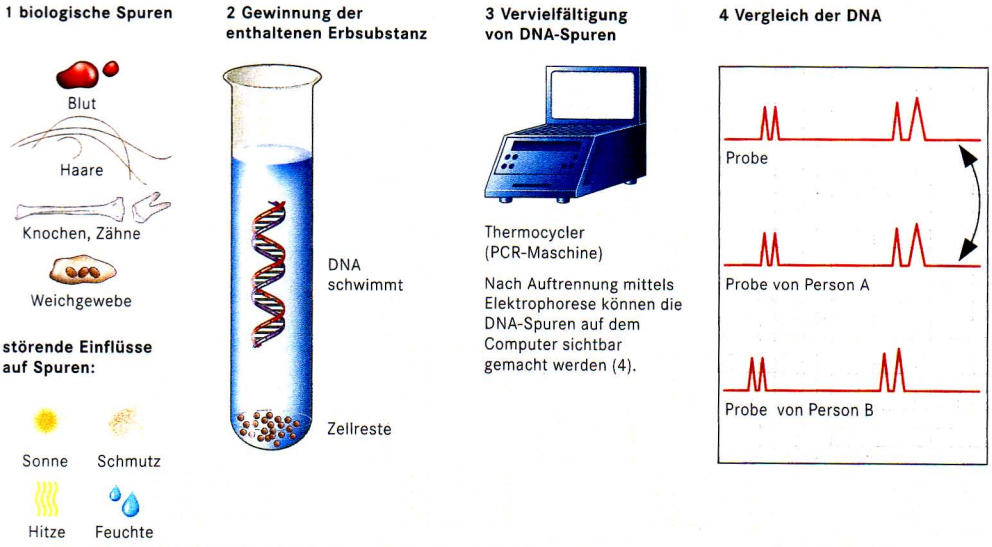
Ein weiterer Anwendungsbereich für DNA-Typisierungen sind Verwandtschafts-, v. a. Vaterschaftsuntersuchungen. Weil die Erbsubstanz eines Menschen jeweils zur Hälfte vom biolog. Vater und der biolog. Mutter stammt, kann durch DNA-Typisierung und DNA-Vergleich z. B. die Abstammung des Kindes bestimmt werden. Verwandtschaftsprüfungen sind über mehrere Generationen hinweg, auch nach Ausfall einzelner Personen, möglich. Sie werden außerdem zunehmend in der kommerziellen Tierzucht (v. a. bei Hunden, Pferden und Rindern) eingesetzt.

Auch im Arten- und Naturschutz kommt die Methode zum Tragen, da g. F. artspezifisch sind. Zerstückelte Fleischteile können rasch einer Tierart zugeordnet werden. Wirtschaftlich wichtig ist u. a. die Erkennung von umdeklariertem Walfleisch, etwa von Finn- und Buckelwalen, die seit Jahrzehnten nicht mehr getötet werden dürfen. In der Lebensmittelprüfung werden auch angebl. Delikatessfleischsorten (etwa Emufleisch) oder angebl. Shrimps durch DNA-Typisierung auf ihren (unerlaubten) Gehalt an Schweine-, Rind- oder Fischgewebe untersucht. Auf diese Weise kann z. B. auch Hühnerblut an einem Messer von Menschenblut unterschieden werden: Hühnerblut ergibt bei der Untersuchung von längenveränderl. DNA-Abschnitten des Menschen kein Ergebnis; eine weitere Prüfung erübrigt sich dann, wenn der Tod eines Menschen untersucht wird.

Im Bereich der Verhaltensforschung dienen g. F. dazu, Sozialstrukturen und damit verbundene Verhaltensweisen (z. B. Fütterungen scheinbar nicht verwandter Artgenossen) aufzuklären. Dabei stellt sich u. a. heraus, dass auch scheinbar monogame Tierarten eine konstante Rate »außerehelicher« Geburten aufweisen.

Methoden

Die experimentelle Erstbeschreibung (und somit die Erfindung) des g. F. stammt aus dem Jahr 1985 (Ar-



genetischer Fingerabdruck: schematische Darstellung des Ablaufs der Gewinnung eines genetischen Fingerabdrucks aus biologischen Spuren mit dem Vergleich vorhandener Proben (z. B. zur Identifizierung von Leichen nach einer Katastrophe)

beitsgruppe ALEC JEFFREYS, Univ. Bristol) und wurde noch im gleichen Jahr erstmals in der Praxis eingesetzt, um einen Einwanderungsfall nach Großbritannien zu prüfen (Verwandtschaftstest). Die Ermittlung der Längenunterschiede (Polymorphismen) an in Grenzen veränderl. DNA-Bereichen (Loci) erfolgte hier nach dem gezielten Zerschneiden genom. DNA **(Restriktionsfragmentlängen-Polymorphismen, RFLPs)**. Die dabei entstandenen DNA-Bruchstücke unterscheiden sich von Mensch zu Mensch in ihrer Länge und wurden in einem Gel im elektr. Feld sortiert. Nach weiterer Behandlung konnte der klass. g. F. als Muster dünner Streifen dargestellt werden.

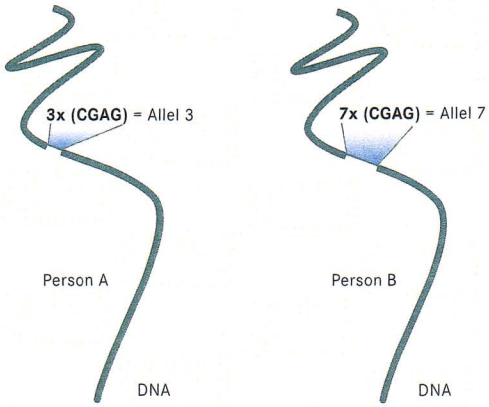
1992 wurden erstmals deutlich kürzere, ebenfalls längenveränderl. DNA-Abschnitte **(short tandem repeats, STRs)** untersucht. Dabei genügen wesentlich geringere Mengen an Ausgangsmaterial (ab etwa zehn Pikogramm – auch fragmentierter – DNA), z. B. aus einem einzelnen Haar. STR-Bereiche der DNA werden vor der eigentl. DNA-Typisierung mithilfe der Polymerase-Kettenreaktion in beliebiger Menge kopiert; deshalb können auch winzigste Spuren noch untersucht werden. Die nach dem Kopieren erhaltenen DNA-Stücke werden in einem Sequenziergel aufgetrennt und erzeugen dort durch Silber- oder Fluoreszenzmarkierung farbige Linien, die je nach Darstellungsart als **Banden** oder **Peaks** bezeichnet werden. Mittlerweile können bis zu 16 STRs in einem einzigen Gefäß gleichzeitig vervielfältigt werden, wodurch das Risiko von Verunreinigungen und Verwechslungen erheblich gesunken ist. 2003 wurden zudem erstmals verkürzte Bereiche der bereits etablierten STRs in Multiplexreaktionen (mehrere Reaktionen im gleichen Ansatz) dargestellt. Dabei werden Primer eingesetzt, die näher an der eigentlich variablen Region liegen, sodass auch erheblich zerbrochene DNA noch typisiert werden kann.

Seit 1996 wurde die Untersuchung von **DNA aus Mitochondrien (mtDNA)** mittels Sequenzanalyse (Darstellung der Basenabfolge) für kriminalistisch-rechtsmedizin. Anwendungen entwickelt. Dabei werden nicht mehr die Längenunterschiede von DNA-Abschnitten, sondern Veränderungen einzelner Basen (Punktmutationen) untersucht, die auch für eine grobe Schätzung des Lebensalters verwendet werden können. Hierzu wird die Menge der 4977-bp-Deletion (Verlust eines DNA-Abschnitts mit 4 977 Basenpaaren) untersucht, die mit zunehmendem Lebensalter in den Mitochondrien aller Gewebe immer häufiger anzutreffen ist.

Auch STRs auf dem nur bei Männern vorhandenen **Y-Chromosom** sind seit 1999 zur statistisch eigenständigen DNA-Typisierungsmethode entwickelt worden. Die Darstellung Y-chromosomaler Polymorphismen dient der Individualidentifikation oder der Verwandtschaftsprüfung zw. Männern.

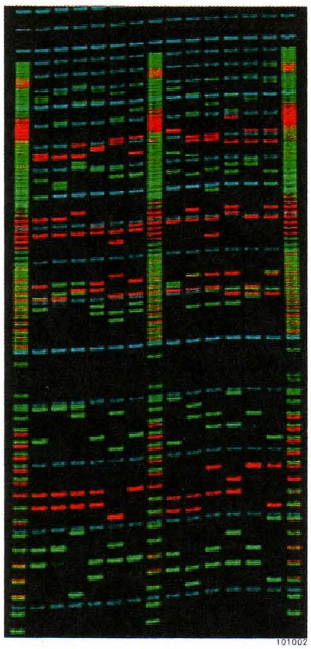
Gegenüber den Standardmethoden bieten mtDNA- und Y-chromosomale Systeme den Vorteil, Defizienzfälle, bei denen die nächsten Verwandten einer Person nicht verfügbar sind, zu untersuchen. Zur Identifizierung z. B. eines Leichenteils kann die DNA von entfernteren Verwandten daraufhin begutachtet werden, ob sich aus deren Kombination und unter Berücksichtigung der mendelschen Regeln der ermittelte g. F. herleiten lässt. Da heutige Menschen immer weniger Geschwister haben und zugleich die Zahl der Einäscherungen von Verstorbenen aus der Eltern- und Großelterngeneration zunimmt, entstehen oft Lücken bei der Aufklärung der mögl. Erbgänge. Diese Ausfälle lassen sich überbrücken, weil Y-chromosomale Marker nur über die männl. Linie bzw. mtDNA nur über die weibl. Linie nahezu unverändert vererbt werden (Spermien enthalten praktisch keine Mitochondrien). Da die Mutationsraten gering sind, finden sich auch bei durch mehrere Generationen getrennten Personen aus derselben Erblinie ident. Y-STRs bzw. mtDNA-Marker. Zwei bekannte Beispiele aus jüngster Zeit waren die Prüfung der Verwandtschaft von KASPAR HAUSER mit zwei lebenden Personen aus einer Adelslinie sowie die Frage, ob T. JEFFERSON (3. Präs. der USA) mit einer seiner Sklavinnen Nachkommen gezeugt habe. Aus der seit 1833 bei Raumtemperatur aufbewahrten blutigen Kleidung von KASPAR HAUSER konnte die Basenabfolge der hochvariablen Abschnitte (HVA) 1 und 2 der mtDNA dargestellt werden. Es wurden neun Unterschiede im Vergleich zu den lebenden Personen gefunden, sodass kein verwandtschaftl. Verhältnis festgestellt werden konnte. Würde das Blut auf der Kleidung allerdings von einer anderen Person stammen, wäre die Analyse technisch zwar richtig, die Anfangsannahme aber falsch gewesen und ein Nachweis der Abstammung nicht erbracht worden. Bei der Frage der Vaterschaft von JEFFERSON konnte bei noch lebenden Nachkommen der Sklavin SALLY HEMINGS das gleiche Y-STR-Muster gefunden werden wie bei der JEFFERSON-Linie. Da JEFFERSON fünf Söhne und einen Bruder hatte, kommen aber auch diese als Träger derselben Y-chromosomalen Merkmale und als Väter in Betracht.

Eine weitere neue Methode ist die Darstellung häufig auftretender, sehr kurzer DNA-Bereiche **(single nucleotide polymorphisms, SNPs)**, deren Allele sich nicht, wie bei den RFLPs und STRs, durch die Länge, sondern durch Abweichungen in einer einzelnen Basenposition unterscheiden. SNPs haben eine niedrige Mutationsrate, sind also stabil und erlauben eventuell auch die Unterscheidung von Populatio-



genetischer Fingerabdruck: Längenveränderliche Bereiche der nicht codierenden DNA; die Allelzählung erfolgt durch Angabe der Wiederholungsrate einer Kerneinheit, die bei STRs z. B. aus vier immer gleichen Nukleotiden besteht; *links* Allel 3 eines repetitiven Locus, *rechts* Allel 7 desselben Locus.

nen. Da bei den SNPs an jedem Genort nur zwei Allele auftreten, müssen für ein aussagekräftiges Ergebnis mindestens 50 unterschiedl. Marker untersucht werden. SNPs werden meist durch Sequenzierung dargestellt, wobei die Loci nach einer Amplifikation durch Polymerase-Kettenreaktion und nach einer Reinigung auf Sequenziermaschinen (Polyacrylamid-Gel oder Kapillarelektrophorese) aufgetrennt werden.



genetischer Fingerabdruck: Auftrennung einer Multiplex-Polymeraseketten-reaktion von »short tandem repeats« (STRs) in Polyacrylamid-Sequenziergel; die einzelnen STR-Systeme überlappen, können aber durch die verschiedenen Farben unterschieden werden. Links, in der Mitte und rechts sind Gemische aller in einer Population auftretenden Allele (Allelcocktail) aufgetragen. Die einzelnen Spalten dazwischen sind genetische Fingerabdrücke jeweils einer Person.

Seit kurzem gibt es auch eine Methode, um eineiige Zwillinge zu unterscheiden. Dazu müssen die VDJ-Regionen (variability, diversity, joining; Gensegmente, die für die variablen Domänen eines Immunglobulins codieren) des Erbmaterials von Gedächtniszellen des Immunsystems (B-Lymphozyten) untersucht werden. Gedächtniszellen werden durch Kontakt mit spezif. Antigenen gebildet, die bei jedem Menschen unterschiedlich sind, und bleiben über viele Jahre im Körper. Dies erlaubt den späteren Vergleich einer Blutspur mit dem mögl. Spurenleger und die Zuordnung zu einem bestimmten Individuum.

Auswertung der Ergebnisse

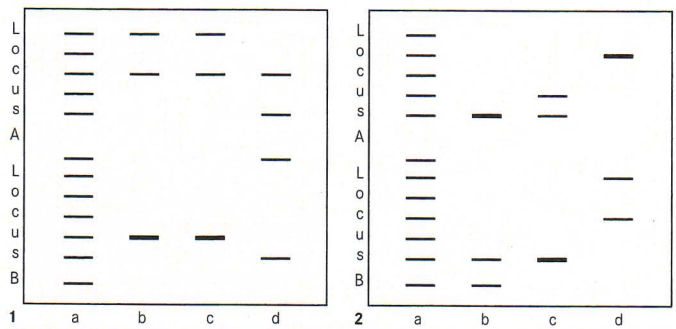
Der Erbsubstanzfaden besteht zu etwa 96 % aus **nicht codierender Information (Introns)**, die nicht aus Genen besteht, also keine Informationen über den Bauplan des Körpers oder die psych. Verfassung enthält. Von den Hunderten dieser persönlichkeitsneutralen, von Mensch zu Mensch unterschiedlich langen DNA-Sequenzwiederholungen werden in der Regel für den g. F. zwischen acht und zwölf untersucht. Selbst wenn zwei Menschen durch Zufall Ähnlichkeiten in einigen dieser untersuchten DNA-Bereiche aufweisen, zeigen die anderen Bereiche Unterschiede auf.

DNA-Typisierungen ergeben entweder einen **Ausschluss** oder einen **Einschluss** in Bezug auf die verglichenen g. F. Ausschlüsse haben grundsätzlich eine Aussagesicherheit von 100 %. Einschlüssen liegt die Übereinstimmung von untersuchten DNA-Orten zugrunde; je mehr DNA-Orte dabei in die Untersuchung einfließen, desto höher wird der statist. Wert, der sich als Einschlusswahrscheinlichkeit ergibt. Ein Endwert von 1 : 200 000 bedeutet dabei, dass unter 200 000 Menschen jeweils einer denselben g. F. hat wie die untersuchte Person bzw. Spur. Kriminalistisch kommen in der Regel nicht beliebig viele Personen als Spurenleger in Betracht, was dazu führt, dass auch Werte von 1 : 10 000 bereits oft genügen, um den Spurenleger bei einer begrenzten Zahl von Verdächtigen zu ermitteln (Beispiel: drei bekannte Verdächtige bei einer Tat in einem geschlossenen Raum). Inzwischen sind Einschlusswahrscheinlichkeiten von 1 : 5 Milliarden (das heißt »eine Person unter fast allen auf der Erde lebenden Menschen«) durch erhöhten Untersuchungsaufwand problemlos erzielbar.

Die der DNA-Typisierung zugrunde liegende Statistik nutzt so genannte **Allelhäufigkeits-Datenbanken.** In diesen sind voll anonymisiert g. F. von Stichproben der untersuchten Bevölkerungsgruppe gespeichert. Mittlerweile gibt es solche Datenbanken für Hunderte versch. Regionen und Ethnien auf der Erde. Es ist allerdings nicht möglich, diese DNA-Muster jemals ihren Trägern zuzuordnen, weil hier nur reine Allelbezeichnungen ohne persönl. Informationen erfasst sind.

Zukünftige Entwicklung

Einige zukünftige Entwicklungen und Fortschritte für den kriminalist. Einsatz von Typisierungen nicht codierender DNA sind gegenwärtig schon absehbar. Innerhalb der nächsten Jahre werden techn. Verbesserungen v. a. zu immer kleineren Apparaten, insbesondere zu **DNA-Chips,** führen, auf denen Hunderte (statt bislang Dutzende) von DNA-Proben innerhalb von Minuten (statt Stunden) aufgetrennt werden können. Eventuell werden dabei SNPs verstärkt eingesetzt, da deren Untersuchung gut automatisierbar ist. Dennoch wird jedoch zunächst die Darstellung von STRs genutzt, da internat. Vereinbarungen die



genetischer Fingerabdruck: DNA-Mustervergleiche; die erhaltenen Banden werden mit einem Allelcocktail verschiedener Genloci (a) vermessen und dann miteinander verglichen. **1** Spurenuntersuchung mit Individualidentifikation; die Spur an einem Zigarettenstummel (b) kann von Proband A (c) aber keinesfalls von Proband B (d) stammen. **2** Verwandtschaftstest; der Proband (d) kann nicht der genetische Vater des Kindes (c) sein. Das Bandenmuster des Kindes stimmt zur Hälfte mit dem der Mutter (b) überein, aber überhaupt nicht mit dem des Probanden.

gemeinsame Verwendung von 15 STR-Kernsystemen vorsehen und so eine Standardisierung mit Blindversuchen möglich ist.

Langfristig könnte sich eine völlig andere Methode, die **Elektrospray-Ionisation,** durchsetzen, bei der weder die Länge von DNA-Bereichen (wie bei RFLP und STR) noch der Austausch einzelner Basen (SNP) direkt dargestellt werden, sondern ausschließlich die in der Probe vorliegende Anzahl der vier Basen Adenin, Guanin, Cytosin und Thymin. Die DNA-Lösung wird durch eine feine Kanüle gedrückt, in sehr kleinen Tropfen versprüht und deren Inhalt mittels Massenspektroskopie bestimmt.

Die vorhandenen Datenbanken (zurzeit unterhalten 76 Länder DNA-Datenbanken) werden weiter ausgebaut und ermöglichen somit eine wesentlich häufigere und raschere Zuordnung biolog. Spuren von Fundorten zu der Spuren legenden Person, die bereits in der Datenbank erfasst ist. Eine europaweite oder internationale Vernetzung dieser Daten ist jedoch noch nicht in Sicht, obwohl sie, wo sie eingesetzt wird, große Erfolge zeigt (z. B. Autodiebstahlserien durch Banden, Auswanderung von Straftätern).

Wenige Länder (z. B. die Niederlande) erlauben mittlerweile auch die Typisierung von codierenden DNA-Bereichen für Merkmale, die durch Zeugen erkennbar sind (Haar- und Augenfarbe, Ethnie u. a.). Sie vertreten die Auffassung, dass die Ermittlung ohnehin von Augenzeugen erkennbarer, äußerl. Merkmale keinen Eingriff in die Persönlichkeitsrechte darstellen kann. In Dtl. und Frankreich bestehen noch Bedenken gegen die Ermittlung dieser Merkmale. Technisch ist es derzeit möglich, in Einzelfällen die Ethnie und speziell die Rothaarigkeit zu bestimmen. Auch die Ermittlung der Augen- und Haarfarbe im Allgemeinen aus DNA in biolog. Spuren wird in Kürze möglich sein. Wie auch bei der schwierigen Vorhersage von Knochenbau oder Alter einer Person muss dabei das Zusammenwirken mehrerer Abschnitte der Erbsubstanz berücksichtigt werden. Ob es jemals zum Einsatz eines »genetischen Phantombildes« kommt, bei dem aus der in einer biolog. Spur enthaltenen DNA abgeleitete Merkmale zu einem klass. Phantombild zusammengesetzt werden, ist bisher nicht abzusehen. Die Verwendung in der polizeil. Arbeit ist fraglich, da die möglicherweise erkennbaren Merkmale Augen- und Haarfarbe äußerlich leicht durch eine Perücke oder farbige Kontaktlinsen verändert werden können.

Rechtliche Aspekte

Die in Rechtspflege und Kriminalistik heute fest verankerte Nutzung des g. F. als Beweismittel ist verfassungsrechtlich zulässig, aber nicht schrankenlos gestattet. Insbes. wegen mit dem g. F. verbundener Eingriffe in Grundrechte Betroffener sind inzwischen detaillierte und differenzierende gesetzl. Regelungen zu beachten.

In der *Zivilrechtspflege* sind die Erlangung von DNA-Material und dessen molekulargenet. Untersuchung unter zivilprozessgesetzlich näher bestimmten Voraussetzungen (§ 372 a ZPO) zulässig und können gerichtlich veranlasst werden, um die Abstammung einer Person (notfalls auch zwangsweise) festzustellen. DNA-Gutachten sind nach der Rechtsprechung i. d. R. geeignet, bei der Feststellung einer Vaterschaft Zweifel auszuschließen.

In *Bußgeldsachen* (→ Ordnungswidrigkeiten) ist eine molekulargenet. Untersuchung von Körperzellen kraft ausdrückl. gesetzl. Regelung unzulässig (§ 46 Abs. 4 OWiG).

Zur Aufklärung und Ahndung von *Straftaten* lässt das Gesetz den g. F. zur Identifizierung von Tatverdächtigen (und damit auch zu deren Entlastung) als ein Beweismittel mit statist. Aussage zu, das andere Beweise allerdings nicht überflüssig macht. Das Gesetz setzt der Verwendung des g. F. Grenzen nach dem rechtsstaatl. Grundsatz, dass der Strafprozess die Wahrheit nicht um jeden Preis zu erforschen hat. Die **Zulässigkeitsgrenzen** dienen u. a. der Sicherung einer sachgerechten Verwendung des Untersuchungsmaterials und dem Individualinteresse Betroffener am Schutz ihrer Grundrechte, bes. des informationellen Selbstbestimmungsrechts (Art. 2 Abs. 1 in Verbindung mit Art. 1 Abs. 1 GG). Danach hat grundsätzlich jeder selbst zu entscheiden, wem wann welche persönl. Lebenssachverhalte wozu offenbart werden. Dieser verfassungsrechtl. Schutz des Individuums unterliegt gesetzl. Einschränkungen, die im überwiegenden Allgemeininteresse ergehen. Eine möglichst umfassende strafprozessuale Wahrheitsermittlung und eine wirksame Strafverfolgung sind als wesentl. Auftrag eines rechtsstaatl. Gemeinwesens verfassungsgerichtlich anerkannt. Mit dem g. F. verbundene Grundrechtseingriffe, die nach Maßgabe der gesetzl. Regelungen erfolgten, haben der Bundesgerichtshof 1990 und das Bundesverfassungsgericht 1996 als verfassungsrechtlich zulässig und prozessual verwertbar angesehen.

Seit 1997 ergingen nähere, z. T. wieder geänderte oder aufgehobene, aber den Anwendungsbereich des g. F. kontinuierlich erweiternde Gesetze, u. a. das Gesetz zur Novellierung der forens. DNA-Analyse vom 12. 8. 2005. Die unübersichtl. Regelung (§§ 81a, 81c–81h StPO) des mehraktigen Rechtseingriffs betrifft einerseits die Gewinnung des Untersuchungs-

genetischer Fingerabdruck: Entnahme einer Zellprobe; Hautzellen der Schleimhaut werden samt Speichel mit einem Wattetupfer abgenommen und auf diesem getrocknet. Die in den Zellen enthaltene DNA kann zunächst auf dem Tupfer unbearbeitet gelagert werden oder sofort gewonnen und mit anderem Material verglichen werden.

materials und andererseits dessen anschließende molekulargenet. Untersuchung, aber auch die Verarbeitung, Speicherung und Vernichtung des Materials oder der Befunde. Zu unterscheiden ist weiterhin, ob der g. F. der Aufklärung einer begangenen Straftat in einem aktuellen Strafverfahren dient oder vorsorglich wegen befürchteter künftiger Taten für später mögl. Strafverfahren erstellt wird.

Zulässig gewonnenes Untersuchungsmaterial sind aufgefundene, regelmäßig auch freiwillig zur Verfügung gestellte Körperstoffe, sowie kraft richterl., in Ausnahmefällen auch kraft staatsanwaltl. oder polizeil. Anordnung einem Beschuldigten, einem rechtskräftig Verurteilten oder Dritten entnommene Körperstoffe. Gegen einen Dritten darf die Anordnung nur ergehen, wenn dies zur Aufklärung einer begangenen Straftat unerlässlich ist. Zeugnisverweigerungsberechtigten (z. B. Verlobten, Ehepartnern, eingetragenen Lebenspartnern, Geschwistern des Beschuldigten) dürfen gegen ihren Willen keine Körperzellen entnommen werden.

Eine molekulargenet. Untersuchung des von einem bereits rechtskräftig Verurteilten gewonnenen Materials darf, wenn dieser keine schriftl. Einwilligung erteilt hat, nur der Richter anordnen (Richtervorbehalt, §81 g Abs. 3 Satz 2 StPO). Im Übrigen wurde der Richtervorbehalt 2005 gesetzlich aufgehoben. Bei Gefahr im Verzug dürfen nunmehr auch die Staatsanwaltschaft und die Polizei die Untersuchung von Material Beschuldigter oder Dritter anordnen.

Die zur Aufklärung einer bereits begangenen Tat angeordnete Analyse von DNA-Material darf nur drei Zwecke verfolgen (**Zweckbindung**). Sie ist zulässig zur Klärung der Frage, ob das Spurenmaterial vom Beschuldigten oder vom Verletzten stammt, und sie darf einer strafrechtlich bedeutsamen Feststellung der Abstammung oder des Geschlechts dienen. Untersagt sind kraft ausdrückl. gesetzl. Bestimmung (§81 e StPO) alle weiter gehenden Feststellungen, z. B. zu Erbanlagen, Persönlichkeitsmerkmalen oder ethn. Zugehörigkeit (u. a. Europäer, Asiaten oder Afrikaner) des Spurenlegers. Andererseits ist der g. F. nicht nur zur Klärung bestimmter oder bes. schwerer Kriminalfälle verwertbar. Es ist auch weder eine gewisse Verdachtsschwelle (z. B. dringender Tatverdacht) Eingriffsvoraussetzung noch ist die Zulässigkeit molekulargenet. Untersuchungen von einem gewissen Stand des Strafverfahrens, von einem Zeitpunkt oder davon abhängig, dass die Wahrheit nicht anders ermittelt werden kann.

Trotz seines hohen Beweiswertes entbindet der g. F. nach ständiger Rechtsprechung ein Gericht nicht von der Pflicht, alle vorhandenen Beweisumstände mit zu berücksichtigen und ihn wegen der notwendigen Wahrscheinlichkeitsfeststellungen und zugrunde liegenden Daten stets kritisch zu würdigen. Bei der Einschätzung des Beweiswertes eines g. F. sind bedeutsame Fehlermöglichkeiten zu berücksichtigen, z. B. Verunreinigungen des Untersuchungsmaterials, mangelnde Präzision bei der Auswertung, Bandenverzerrungen und dass der Körperstoff (anders als der Fingerabdruck) eines Verdächtigen auch ohne sein Zutun an den Tatort (an das Opfer, Tatwerkzeug) gelangt sein kann.

Zur Vorsorge für in Zukunft und nicht in einem anhängigen, sondern in einem später mögl. Strafverfahren zu leistende Ermittlungsarbeit und zu erbringende Beweise dürfen Verurteilten und aktuell Beschuldigten nur zum Zwecke der Identitätsfeststellung Körperzellen entnommen und molekulargenetisch untersucht werden, wenn folgende Voraussetzungen gegeben sind (§81 g StPO): Die Beschuldigung oder Verurteilung muss eine Straftat »von erhebl. Bedeutung« oder ein Sexualdelikt betreffen, und es müssen Tatsachen »Grund zu der Annahme« geben, dass gegen den Beschuldigten oder Verurteilten künftig Strafverfahren wegen einer Tat von erhebl. Bedeutung zu führen sind (Negativprognose). Die wiederholte Begehung von Straftaten ohne erhebl. Bedeutung kann einer solchen von erhebl. Bedeutung gleichstehen. Die Eintragung der Anlasstat darf im → Bundeszentralregister noch nicht getilgt sein.

Zur Vorsorge für künftige Strafverfahren werden die zu diesem Zweck vom Beschuldigten oder Verurteilten erstellten DNA-Identifizierungsmuster in der 1998 beim Bundeskriminalamt (BKA) eingerichteten **DNA-Analysedatei** gespeichert und verarbeitet, ebenso unter der Voraussetzung der Negativprognose die Identifizierungsmuster, die urspr. in einem Strafverfahren für dieses gewonnen wurden (Umwidmung). Auskünfte aus der DNA-Analysedatei dürfen nur für Zwecke des Strafverfahrens, der polizeil. Gefahrenabwehr und der internat. Rechtshilfe hierfür erteilt werden.

Reihengentests (so genannte **DNA-Massenuntersuchungen**) dürfen zur Aufklärung von Verbrechen gegen das Leben, die körperl. Unversehrtheit, die persönl. Freiheit oder die sexuelle Selbstbestimmung an Personen einer bestimmbaren Gruppe (z. B. alle Männer einer bestimmten Altersklasse eines räuml. Gebietes) mit ihrer jeweiligen schriftl. Einwilligung und nur nach richterl., schriftlich erfolgter Anordnung durchgeführt werden. Die daraufhin gewonnenen DNA-Identifizierungsmuster dürfen mit vorhandenen DNA-Identifizierungsmustern (z. B. aus am Tatort gefundenem Material) automatisch abgeglichen, aber nicht beim BKA gespeichert werden (§81h StPO). Sie sind zu vernichten, sobald sie nicht mehr benötigt werden. Die Weigerung, an einer Massenuntersuchung teilzunehmen, begründet keinen Tatverdacht und darf nicht gegen den Betreffenden verwendet werden, kann aber das Interesse der Strafverfolgungsbehörden auf ihn lenken.

Zu vernichten sind entnommene Körperzellen, sobald sie für den jeweiligen Zweck nicht mehr benötigt werden (§§81 a, 81 c, 81 g, 81h StPO). Hingegen werden die Befunde Bestandteil der Prozessakten. In die DNA-Analysedatei aufgenommene Daten werden nach zehn Jahren (bei Jugendlichen: nach fünf Jahren) auf die Notwendigkeit einer Berichtigung oder Löschung geprüft (§32 BKA-Gesetz). Sie sind zu löschen, wenn die Speicherung nicht mehr erforderlich oder der Beschuldigte, von dem sie vorsorglich gewonnen wurden, rechtskräftig freigesprochen ist.

In **Österreich** unterliegt die molekulargenet. Untersuchung von bereits sichergestelltem Beweismaterial derzeit den Bestimmungen des Sachverständigenbeweises. Die Gewinnung von DNA-Analysematerial beim Verdächtigen oder Zeugen ist in der StPO noch nicht eigens erfasst. Erst das 2008 in Kraft tretende

Strafprozessreform-Ges. regelt derartige Untersuchungen als Teil der prozessualen Ermittlungstätigkeit (§ 124 StPO neuer Fassung: gerichtl. Bewilligung über Antrag des Staatsanwalts). Dessen ungeachtet besteht schon jetzt die Möglichkeit, bei einer erkennungsdienstl. Behandlung von Personen durch die Sicherheitsbehörde auch eine DNA-Analyse vorzunehmen (§ 67 Sicherheitspolizei-Ges., SPG). Ergebnisse dieser Untersuchungen sind auch im Strafprozess verwertbar (§ 71 Abs. 1 SPG). Die notwendige Probengewinnung (Mundhöhlenabstrich) ist nicht nur bei einem Verdächtigen, bei dem die Gefahr der Tatwiederholung besteht, sondern auch bei so genannten Gelegenheitspersonen zulässig, die im Zusammenhang mit einer Straftat Spuren hinterlassen haben könnten. Darüber hinaus müssen sich auch (tatgeneigte) Strafgefangene, bei denen noch keine molekulargenet. Untersuchung vorgenommen wurde, einer solchen erkennungsdienstl. Behandlung unterziehen (§ 132 Abs. 4 Strafvollzugs-Ges.). Weigert sich der Verdächtige (Häftling) oder die Gelegenheitsperson, an der DNA-Analyse mitzuwirken, kann der Mundhöhlenabstrich auch zwangsweise durchgesetzt werden (§§ 77 f. SPG). Die DNA-Untersuchungsergebnisse werden in einer Datenbank für spätere Vergleichszwecke gespeichert (§ 70 SPG). Die Löschung der Daten erfolgt i. d. R. sehr spät (z. B. beim verurteilten Verdächtigen erst fünf Jahre nach Vollendung des 80. Lebensjahres, § 73 Abs. 1 Ziffer 1 SPG).

In der **Schweiz** ist die Abnahme, Verwendung und Aufbewahrung des g. F. in zwei Erlassen geregelt. Das Bundes-Ges. über genet. Untersuchungen beim Menschen (vom 8. 10. 2004; voraussichtl. Inkrafttreten 1. 1. 2006) bestimmt, unter welchen Voraussetzungen genet. Untersuchungen am Menschen im medizin. Bereich sowie im Arbeits-, Versicherungs- und Haftpflichtbereich durchgeführt werden dürfen. Das Bundes-Ges. über die Verwendung von DNA-Profilen im Strafverfahren vom 20. 6. 2003, in Kraft seit 1. 1. 2005, regelt hauptsächlich, dass zur Aufklärung von Verbrechen und Vergehen verdächtigen Personen ein Wangenschleimhautabstrich zur Erstellung eines DNA-Profils abgenommen werden darf; unter engeren Voraussetzungen ist auch die Untersuchung von nichtverdächtigen Personen (so genannte Massenuntersuchungen) zulässig. Der Bund führt eine Datenbank mit DNA-Profilen von verdächtigen oder verurteilten Personen. Die Löschungsfristen sind unterschiedlich lang; bei Wegfall des Tatverdachts oder Freispruch ist sofort zu löschen.

Enzyklopädische Vernetzung

DNA ■ Polymerase-Kettenreaktion ■ Rechtsmedizin ■ Sequenzanalyse ■ Vaterschaftsuntersuchungen

C. Keller u. U. Hülsmann: Der g. F. Die DNA-Analyse in der polizeil. Praxis (^{3}2003); ~~D. Maltoni: Handbook of fingerprint recognition (New York 2003)~~*; M. Benecke: Kriminalbiologie (^{3}2005).

* Patzelt D, Baur MP, Bertrams J, Forensische Serologie/Haemogenetik in Madea B, Brinkmann B (Hrsg.) Handbuch gerichtliche Medizin, Springer, 2003, S. 991-1115