

# Kriminaltechnik und Beweisführung im Strafverfahren

Neuhaus / Artkämper / Weise

2. Auflage 2024  
ISBN 978-3-406-79920-4  
C.H.BECK

schnell und portofrei erhältlich bei  
[beck-shop.de](https://beck-shop.de)

Die Online-Fachbuchhandlung [beck-shop.de](https://beck-shop.de) steht für Kompetenz aus Tradition. Sie gründet auf über 250 Jahre juristische Fachbuch-Erfahrung durch die Verlage C.H.BECK und Franz Vahlen.

[beck-shop.de](https://beck-shop.de) hält Fachinformationen in allen gängigen Medienformaten bereit: über 12 Millionen Bücher, eBooks, Loseblattwerke, Zeitschriften, DVDs, Online-Datenbanken und Seminare. Besonders geschätzt wird [beck-shop.de](https://beck-shop.de) für sein

umfassendes Spezialsortiment im Bereich Recht, Steuern und Wirtschaft mit rund 700.000 lieferbaren Fachbuchtiteln.

suchen ließ. Der Angekl. unterrichtete seinen Verteidiger, dass die Kippen der verbreiteten Marke zwar seine übliche sei, aber die andere, seltene Marke, von der sich auch ein paar Kippen in dem Tütchen befanden, rauche seine Ehefrau. Die aber war nach Bekundung der Zeugin nie in ihrer Whg. gewesen. Die Ehefrau gab auf Antrag der Vtg. eine Speichelprobe ab, deren Ergebnis eindeutig war. Die Zeugin musste daraufhin eingestehen, die Kippen aus der Mülltonne am Wohnaus des Angeklagten genommen zu haben, um einen „totsicheren“ Beweis gegen den Angeklagten zu führen.<sup>580</sup>

Wegen der Möglichkeiten der Erstellung eines DNA-Profiles nach Brandlegung zum Zwecke der **Spurenvernichtung** durch den Täter und der aus der **Feuerexposition** resultierenden Anforderungen an die Tatortarbeit wird auf die entsprechenden Ausführungen zur Blutspur-Analyse verwiesen.<sup>581</sup> Auch nach Einsatz von **Sprengstoffen** mit hohen Detonationsgeschwindigkeiten und hohen thermischen Belastungen lassen sich am Tatort vielversprechende DNA-Spuren finden.<sup>582</sup>

**2. Verpackung und Lagerung:** Auf die Gefahr der Kontamination von Spurenmaterial bei der Verpackung wird im Fachschrifttum ebenfalls hingewiesen.<sup>583</sup> Asservate müssen gesondert verpackt werden, um Vermischungen zu verhindern. Es kann notwendig sein, ein Asservat, bspw. ein Kleidungsstück, so zu verpacken, dass Übertragungen von Anhaftungen zwischen verschiedenen Bereichen eines Kleidungsstücks ausgeschlossen sind.<sup>584</sup> So sind Wärme und Feuchtigkeit die Feinde aller biologischen Spuren.<sup>585</sup> Feuchte Asservate müssen daher getrocknet werden, damit keine biologische Zersetzung die Spuren zerstört. Ist es nicht möglich, Asservate zu trocknen – bspw. Blut- oder Gewebeproben – müssen sie gekühlt bzw. gar gefroren ins Labor übersandt werden.<sup>586</sup>

Auch kann die Wirkung der bei der Analyse eingesetzten Restriktionsenzyme gehemmt werden.<sup>587</sup> Beides kann ungünstigstenfalls zu falschen Analyseergebnissen führen.<sup>588</sup> Flüssigkeiten sollen daher bei Zimmertemperatur luftgetrocknet werden, bevor man sie bei +4° C aufbewahrt; kann die Untersuchung nicht binnen 48 Stunden durchgeführt werden, sollte die Spur bei –20° C eingefroren werden.<sup>589</sup> Die Lagerung einer feuchten Spur in luftdicht abgeschlossenem Behälter (zB Plastikfläschchen) stellt deshalb einen groben Kunstfehler dar, der häufig gleichbedeutend mit der Spurenvernichtung ist.<sup>590</sup> Zur DNA-Degradation – darunter versteht man die Zerreiung der DNA-Kette bei alten und nicht konservierten Spuren – kann es auch wegen „Herumstehen-Lassens“ der Proben und/oder bei Postversand ohne Kühlung kommen.<sup>591</sup> So ist zB die hochmolekulare DNA der Leber in der Regel schon wenige Stunden nach Todeseintritt weitgehend retardiert.<sup>592</sup> Bei Mischsekretspuren aus Leichen (etwa nach Vergewaltigung) tritt Degradation aufgrund von Fäulnis und/oder Eiweißzerfall schon ca. 13 Stunden nach dem Tode ein.

<sup>580</sup> R. Hamm, in: Michalke (Hrsg.), Geschichte des Deutschen Strafverteidiger e. V. (2014), S. 167 (177); zum Problem bewegl. Beweisstücke s. auch Rn. 354.

<sup>581</sup> BT → Rn. 193.

<sup>582</sup> Einzelheiten bei Dunkelmann et al. KR 2014, 673 ff.

<sup>583</sup> Graß/Hidding ArchKrim 2000 (Bd. 205), S. 177, 177.

<sup>584</sup> MAH Strafverteidigung/Bastisch/Banmann § 70 Rn. 19.

<sup>585</sup> Wirth/Strauch KR 2001, 840.

<sup>586</sup> MAH Strafverteidigung/Bastisch/Banmann § 70 Rn. 19.

<sup>587</sup> Feuerbach/Müller/Schwerd ArchKrim 1991 (Bd. 187), S. 173, 177.

<sup>588</sup> Eisenberg BewR Rn. 1906 und Rn. 1900.

<sup>589</sup> Schneider/Münefering/Ruf/Prager-Eberle KR 1992, 403, 405.

<sup>590</sup> Brinkmann/Weigend/Kleiber KR 1996, 720, 721 mwN; Strauch/Wirth KR 2001, 840.

<sup>591</sup> Vgl. für Blutproben: Bär/Katzer ZRechtsMed 1989, 263 ff.; Huber, S. 20; Eisenberg BewR Rn. 1906.

<sup>592</sup> Eine Tabelle zur postmortalen DNA-Stabilität verschiedener Gewebe (Hirn, Lymphknoten, Muskeln, Milz, Niere und Blut) ist abgedruckt bei Bär KR 1989, 313, 317. Möglichkeiten der DNA-Typisierung an exhumierten Leichenteilen werden von Wiegand/Rand/Bajanowski ZRechtsMed 1992, 10 ff. dargestellt.

Bei der Sicherung von **Munitionsteilen**, etwa Hülsen, ist im Auge zu behalten, dass deren Metalle recht schnell oxidieren und so die eventuell noch vorhandene DNA zerstört wird.<sup>593</sup> Ende des Jahres 2023 sprach das LG Bonn einen wegen Mordes Angeklagten frei, da im LKA möglicherweise die von der Leiche abgenommenen Folien und die sog. Info-Folie mit den beim Beschuldigten abgenommenen Faserspuren neben- oder übereinander lagen und die DNA so übertragen worden sein könnte.<sup>594</sup>

268 **3. Mobile Analysegeräte:** Die Untersuchung der DNA-Spur im Labor ist – natürlich – die Regel. Es gibt inzwischen aber auch mobile Analysegeräte, die grundsätzlich in der Lage sind, ein Profil innerhalb von 90 Minuten zu erstellen.<sup>595</sup> Bei Einsatz eines solchen Rapid Hit ID Gerätes (RHID) ist aber zu fordern, dass die Spur immer noch ein weiteres Mal in einem zertifizierten Labor untersucht wird. Bei geringem Spurenmaterial, das nicht auf zwei Wattestielstopfer aufgeteilt werden kann, sollte man daher auf den Einsatz verzichten. Zwar können durch die Analyse nicht verbrauchte Zellen aus dem RHID zurückgewonnen werden. Für die zweite Analyse einer Spur existieren jedoch keine klar definierten Empfehlungen, Prozesse oder Vorgehensweisen.<sup>596</sup> Deshalb ist jedenfalls bei minimalem Spurenmaterial vom Einsatz eines RHID abzuraten.

269 **4. Labor; a) Beauftragung des Sachverständigen:** Für den Bereich der DNA-Analyse will das Gesetz wegen der Schwierigkeit der Materie sicherstellen, dass der Gutachtenauftrag nicht einem beliebigen Sachverständigen erteilt oder sogar als Auftragsarbeit an andere Einrichtungen weitergegeben wird, die den Qualitätsstandards nicht genügen. Deshalb bestimmt § 81f Abs. 2 S. 1 StPO, dass der die molekulargenetische Untersuchung anordnende Beschluss, in dem das Untersuchungsziel genau zu bezeichnen ist, zugleich den zu beauftragenden Sachverständigen zu bestimmen hat. Es bedarf also der Bezeichnung der Person des Sachverständigen.<sup>597</sup> Gleichwohl werden nach Beobachtungen in der Praxis häufig nur Institute bezeichnet oder es erfolgt die Weitergabe des Auftrages an einen Mitarbeiter des namentlich beauftragten Sachverständigen. Die Verfahrensbeteiligten dürfen sich in solchen Fällen nicht scheuen, die Sachkunde zu hinterfragen. Ein Sachverständiger, der sich zu einer maßgeblichen Beweisfrage äußert, muss Verständnis dafür haben, dass sachliche Fragen zu seiner Ausbildung, seinem beruflichen Werdegang und seiner forensischen Erfahrung zu beantworten sind. Wie sonst will man feststellen, ob er über die erforderliche wissenschaftliche Kompetenz und Autorität verfügt? Ergibt sich, dass die Sachkunde zweifelhaft ist, kann ein Beweisantrag auf Vernehmung eines weiteren Sachverständigen nach § 244 Abs. 4 S. 2 StPO gestellt werden, sofern nicht das Gericht von Amts wegen in Erfüllung seiner Aufklärungspflicht tätig wird. Aber auch bei namentlicher Nennung des Sachverständigen sollte er in der Hauptverhandlung mindestens danach gefragt werden, ob er die konkrete Analyse selbst durchgeführt hat oder ob sie ganz oder teilweise einem Mitarbeiter, etwa dem Assistenten, übertragen wurde.

270 Gem. § 81f Abs. 2 S. 3 StPO ist das Untersuchungsmaterial<sup>598</sup> ohne Namen, Anschrift und Geburtstag des Betroffenen zu übergeben. Dies begründet irrtumsbedingte Fehlerquellen von beachtlichem Ausmaß: Die Anonymisierung erfolgt durch Codierungen in Buchstaben und/oder Zahlen. Fehlerübertragungen durch „Zahlendreher“ sind, auch bei der späteren Decodierung, die regelmäßige und geradezu unvermeidbare Folge.<sup>599</sup> Auch

<sup>593</sup> Christen/Kallupurakal/Lory KR 2017, 552, 555.

<sup>594</sup> RUHR NACHRICHTEN v. 25.10.2023: „Freispruch im ‚cold case‘ Claudia Otto“.

<sup>595</sup> Köhnmann/Teifel/Kriegsmann/Weichhold/Simon/Kruger KR 2021, 431, 431.

<sup>596</sup> Köhnmann/Teifel/Kriegsmann/Weichhold/Simon/Kruger KR 2021, 431, 433.

<sup>597</sup> OLG Bremen 28.9.2009 – Ws 123/09, StV 2010, 122; KK-StPO/Hadamitzky § 81f Rn. 6; Graalmann-Scheerer, FS Rieß (2002), 153, 159; aA Huber KR 1997, 737, 736.

<sup>598</sup> Gemeint ist allein das Vergleichsmaterial, nicht das Spurenmaterial; SK-StPO/Rogall, 4. Aufl. 2014, § 81f Rn. 24.

<sup>599</sup> Rath/Brinkmann NJW 1999, 2697, 2700 mwN; vgl. auch Oberwetter, S. 128.

die Verwechslung von Proben ist schon vorgekommen.<sup>600</sup> ZB saß 2003 deshalb ein Unschuldiger in Bremen mehrere Monate wegen des (unrichtigen) Verdachtes der Vergewaltigung in Untersuchungshaft.<sup>601</sup>

DNA-Analysen werden gewöhnlich von den **Landeskriminalämtern** durchgeführt. Ohne Eilbedürftigkeit dauert dies oftmals ein halbes Jahr und länger; die Landeskriminalämter arbeiten die übersandten Spuren nach **Priorität** ab. Auf eine Eilbedürftigkeit sollte der Staatsanwalt besonders hinweisen und die DNA-Analyse ggf. bei einem rechtsmedizinischen Institut in Auftrag geben.<sup>602</sup>

**b) Qualitätssicherung:** Generell gilt für Labore der ENFSI Standard. Danach ist die Akkreditierung nach DIN EN ISO/IEC 17025<sup>603</sup> für alle DNA-Untersuchungsstellen zwingend.<sup>604</sup> Gleichwohl muss auch heute noch die Frage nach qualitätssichernden labor-internen wie -externen Maßnahmen gestellt werden, etwa der Teilnahme an Ringversuchen o. ä. Das Institut für Rechtsmedizin der Universität Münster verschickt jedes Jahr einheitliche Proben (Zigaretten, Kaugummis oder Textilien) an ca. 80 deutsche und eine etwa gleich große Anzahl Labore in anderen europäischen Ländern. 13 Labore, darunter auch deutsche, fielen zB 2004 durch gravierende Fehler in ihren Analysen auf.<sup>605</sup> „Die Labore wussten ja, dass sie getestet werden. Wie mögen die wohl arbeiten, wenn sie sich unbeobachtet fühlen?“, fragt besorgt Bandelt, Mathematiker und DNA-Datenbankexperte an der Universität Hamburg.<sup>606</sup> Benecke warnt mit Nachdruck davor, sich auf externe Qualitätskontrollen zu verlassen: „Nicht die Kontaminierung ist das eigentliche Problem, sondern die Faulheit oder Dummheit irgendwo zwischen Herstellung und Labor, nicht nachzuprüfen, ob alles sauber ist.“ Benecke spricht sich deshalb auch gegen Standardisierungen aus: „Ich glaube niemandem, auch keiner Zertifizierung.“ Das führe nur dazu, „Verantwortung auszulagern. Jedes Labor muss eigene Blindproben machen“ und das auch dokumentieren.<sup>607</sup> Es ist zu hoffen, dass sich diese früheren Fälle nicht mehr wiederholen. Dennoch zeigt allein schon der Fall des „Phantom von Heilbronn“, wie richtig Benecke mit dieser Forderung liegt und im Grunde durch Zertifizierungen nur **trügerische Sicherheit** erzeugt wird.

Es ist im Zusammenhang mit der beabsichtigten Qualitätssicherung nicht verständlich, dass etwa die Landesinnen- und Landesjustizverwaltung NRW seit Ende 1998 den Landeskriminalämtern den Vorrang bei der Gutachtenerteilung bzw. -erstattung einräumen (Erlasse der Ministerien vom 23. Oktober 1998; ähnlich Bayrisches Staatsministerium des Innern vom 5. Oktober 1998): Hierdurch wird den Landeskriminalämtern eine Monopolstellung eingeräumt, die eine Begutachtung durch andere neutrale und unabhängige Sachverständige nicht mehr gewährleistet. Zweifelhafte Interpretationen von DNA-Analysen werden sich deshalb nach Befürchtungen renommierter Wissenschaftler regelmäßig nicht mehr aufdecken lassen, weil Gericht, Staatsanwaltschaft und Verteidigung nicht die besondere Fachkunde aufweisen können, um die Notwendigkeit eines **Zweitgutachtens** zu erkennen.<sup>608</sup>

<sup>600</sup> Romberg/Drexel, GEO – Das neue Bild der Erde, Heft 3/1991, 128, 139; anonyme Mitteilung in der FAZ vom 18. März 1992, S. 17; vgl. auch den Hinweis des LG Darmstadt StV 1989, 424, 425. Weiteres Bsp. bei Siegmund-Schultze, BILD DER WISSENSCHAFT 10/2004, S. 20, 23.

<sup>601</sup> Thielicke/Schlattauer in FOCUS 2005, Heft 5, S. 74, 74.

<sup>602</sup> Diezel StRR 2010, 376 ff.

<sup>603</sup> Übersicht bei Steinhorst RMed 2006, 52 ff.

<sup>604</sup> Etwa Offenmüller/Grossenbacher/Dion/Balitzki RMed 2017, 266, 266.

<sup>605</sup> Siegmund-Schultze BILD DER WISSENSCHAFT 10/2004, S. 20, 22; eine besonders vernichtende Beurteilung erhielt eine Magdeburger Datenbank; dazu auch ausf. Bandelt/Parson RMed 2004, 251: Fehlerquellen mitochondrialer DNS-Datensätze und Evaluation der mDNS-Datenbank „D-Loop-Base“.

<sup>606</sup> Zitiert bei Siegmund-Schultze, BILD DER WISSENSCHAFT 10/2004, S. 20, 24.

<sup>607</sup> Benecke in LAUSITZER RUNDSCHAU vom 28./29.3.2009.

<sup>608</sup> Rath/Brinkmann NJW 1999, 2697, 2702.

273 c) **Kontamination:** Die technische Sensitivitätssteigerung kann eine mögliche Spurenverfälschung durch Kontaminationen mit Fremd-DNA nicht nur im Rahmen der Spurensicherung, sondern auch bei der Analyse im Labor als Nachteil mit sich bringen.<sup>609</sup> Namentlich bei Anwendung des sehr empfindlichen PCR-Verfahrens müssen daher **getrennte Arbeitsbereiche** für die Durchführung der DNA-Extraktion und der PCR-Untersuchung vorhanden sein; Prä- und Post-PCR Bereiche.<sup>610</sup> Damit wird einschlägigen Forderungen im Schrifttum entsprochen,<sup>611</sup> nachdem Berichte über laborinterne Kontaminationen, etwa durch Untersuchungsinstrumente,<sup>612</sup> bekannt geworden waren.<sup>613</sup> Tische und Geräte sind vor und nach der Bearbeitung zB mit 1%iger **Hypochloridlösung** zu reinigen.<sup>614</sup> Arbeitsgeräte wie Pipetten, Scheren und Pinzetten sollten zusätzlich täglich (!) mit **UV-Licht** (250 nm für 45 min) bestrahlt und nachgereinigt werden.<sup>615</sup> Jeder Laborraum muss mit eigenen Geräten und Chemikalien ausgestattet sein. Eine Umlagerung von Gegenständen aller Art (auch: Möbeln) zwischen verschiedenen Laborräumen ist zu vermeiden.<sup>616</sup> Wegen des **Prinzips der Trennung** benötigt jeder Laborraum eigenes Reinigungsmaterial, um auch insoweit Übertragungen von DNA-Material aus einem in den anderen Raum zu verhindern.<sup>617</sup> Während der Arbeit sollten Laborkleidung, Armschutzhandschuhe, Einweghandschuhe, Haarnetz und Mundschutz getragen und das Sprechen vermieden werden. Mundschutz und Einweghandschuhe sollten regelmäßig jenseits des Tatorts oder der Asservate gewechselt werden.<sup>618</sup> Es müssen Regelungen zur **turnusmäßigen Kontaminationskontrolle** der Arbeitsbereiche innerhalb eines jeden Labors vorhanden sein.<sup>619</sup> Spuren- und Vergleichsmaterial müssen räumlich getrennt untersucht werden.<sup>620</sup> Schließlich muss jede Analyse Positiv- und Negativkontrollen enthalten.<sup>621</sup>

Wie schwierig es ist, trotz all dieser Maßnahmen laborinterne Kontaminationen zu vermeiden, wird durch Untersuchungen deutlich, bei der sog. **Streu-DNA** selbst in sichersten Bereichen von Laboren gefunden wurde. Die in den Laboren befindlichen Akten wiesen gar zu 75 % DNA-Spuren von Personen auf, die diese Akten definitiv niemals in den Händen gehalten hatten!<sup>622</sup>

274 Verunreinigungen – mögen sie der Spur von vornherein schon angehaftet haben, mögen sie auf fehlerhafte Tatortarbeit oder auf schlampige Arbeit im Labor zurückzuführen sein – können sich zunächst auf die eingesetzten Restriktionsenzyme auswirken. Der DNA-Strang kann genau an der Stelle degradiert (= zerfallen) sein, die das Enzym als Erkennungsmuster benötigt. Der „Kiefer“ des Restriktionsenzym „passt“ nur bei einer spezifischen Sequenz, vergleichbar etwa dem spezifisch geformten Schnabel einer Kolibriart, der nur zu einem bestimmten Typus eines Blütenkelchs passt. Die Restriktionsenzyme finden dann nicht alle Erkennungssequenzen. Zu lange DNA-Fragmente sind die Folge.<sup>623</sup>

<sup>609</sup> Foerster et al. RMed 2023, 52, 53.

<sup>610</sup> Bastisch et al. KR 2015, 112, 114.

<sup>611</sup> Eisenberg BewR Rn. 1908 mwN.

<sup>612</sup> Pfeifer et al. RMed 2016, 538, 539 mwN.

<sup>613</sup> Graß/Hidding ArchKrim 2000 (Bd. 205), S. 177 ff.

<sup>614</sup> Ballantyne/Salemi/Guarino/Pearson/Garlepp/Fowler/Oorschot/Hvan, Journal of Forensic Sciences 2015, 428 ff. mit Testberichten; ebenso Pfeifer et al. RMed 2016, 538, 539 mwN.

<sup>615</sup> Pfeifer et al. RMed 2016, 538, 539 mwN.

<sup>616</sup> Bastisch et al. KR 2015, 112, 114.

<sup>617</sup> Bastisch et al. KR 2015, 112, 114.

<sup>618</sup> Pfeifer et al. RMed 2016, 538, 539 mwN.

<sup>619</sup> Bastisch et al. KR 2015, 112, 114.

<sup>620</sup> Bastisch et al. KR 2015, 112, 114.

<sup>621</sup> Bastisch et al. KR 2015, 112, 114.

<sup>622</sup> Taylor et al., Forensic Science International Genetics 2016, 33 ff.

<sup>623</sup> Krieglstein, S. 68; Ritter/Schacker/Schneider MedR 1989, 12, 14.

**d) Bestimmung der Sekretart:** Für die Rekonstruktion eines Tathergangs ist oftmals nicht nur die Erstellung eines DNA-Profiles von Bedeutung, sondern auch die Identifizierung einer **Sekretart**. Die Frage, aus welchen Zelltypen (Blut, Speichel, Sperma, Vaginalschleimhaut, Menstrual- und Nasensekret) sich eine biologische Spur zusammensetzt, kann verhältnismäßig einfach, nämlich ohne STR-Typisierung,<sup>624</sup> geklärt werden, was insbesondere bei Fällen von sexualisierter Gewalt (bspw. Feststellung von Vaginalsekret der verletzten Frau an den Fingern des Tatverdächtigen) sinnvoll ist.<sup>625</sup> Abgesehen von **Schnelltests**, die aber nur hinweisenden Charakter haben,<sup>626</sup> erfolgte der Nachweis in den vergangenen Jahren mittels spezifischer mRNA- und rRNA-Transkripte, sog. RNA-Marker. Diese Methode hatte aber den Nachteil, dass Proben, aus denen eine DNA extrahiert wurde, nicht nachträglich zu einer RNA-Untersuchung herangezogen werden konnten.<sup>627</sup> Deshalb beruht die heute gängigste Methode, die in den meisten forensischen Laboren angewandt wird, auf der Immun-Chromatographie. Diesem Test liegt eine Antigen-Antikörper-Reaktion auf Proteinbasis zugrunde.<sup>628</sup> Ein neuer Ansatz für die Sekretdifferenzierung unterscheidet Körperflüssigkeiten anhand von sekretspezifischen Methylierungsmustern („Tissue-specific methylation pattern“, TSMP).<sup>629</sup> Seine Verwendung bietet sich an, wenn das Asservat längere Zeit gelagert wurde und ein immun-chromatographisches Verfahren insoweit keine Klärung mehr bringen kann.

**e) Interpretationsfehler:** Ein weiteres Problem liegt darin, dass der Analyst mitunter etwas sieht, was er sehen will. Um das zu verstehen, muss man sich in Erinnerung rufen, dass es bei dem in der Praxis so gut wie ausschließlich verwendeten PCR-Verfahren um die Vervielfältigung (= Amplifizierung) von Zellmaterial an der unteren Nachweisgrenze geht. Ohne Vervielfältigung der Spur wäre eine DNA-Analyse also gar nicht möglich; sie wird es erst durch die **Amplifizierung**. Doch kann eine Vervielfältigung niemals aussagekräftiger sein als das Original, mag der Strang aufgrund der Amplifizierung auch mehrere Milliarden Einheiten lang sein. Die in ihm schlummernde molekularbiologische Information beträgt nur „eins“. Es leuchtet ein, dass eine solche Informationsbasis von vornherein schmaler und unzuverlässiger sein muss, als wenn ein originäres DNA-Stück mit entsprechender Länge untersucht worden wäre (wie bei der RFLP-Methode). Doch damit nicht genug: Bei der Amplifizierung des „Mutter“-DNA-Bruchstücks, also der mehrfachen Verdoppelung, geschieht es immer wieder, dass nicht „sauber kopiert“ wird. Man kann das durchaus mit dem allgemein bekannten Phänomen vergleichen, wenn man von einem Original-Schriftstück eine Kopie anfertigt, von dieser Kopie dann eine weitere Kopie, von dieser zweiten eine dritte, von der dritten eine vierte usw. Irgendwann wird das Blatt fast weiß sein. Auf dem Weg zum „weißen Blatt“ wird sich etwa eine auf dem Original-Schriftstück zu lesende Ziffer 8 irgendwann nur noch als eine Ziffer 3 lesen lassen, eine Ziffer 4 auf dem Original als eine 7 oder 1 usw. Umgekehrt wird vielleicht aus einer Ziffer 0 im Laufe der wiederholten Kopiervorgänge ein Gebilde, das wie eine 8 oder 9 erscheint. Bei der Vervielfältigung im Rahmen der PCR-Methode ist es nicht anders. Es entstehen sog. **Artefakte**, also „Künstlichkeiten“, die dem ursprünglichen „Mutter“-DNA-Bruchstück nicht entsprechen. Beim Kopieren können daher Allelausprägungen

<sup>624</sup> Dazu sogleich bei → Rn. 283 ff.

<sup>625</sup> Näher Neis/Siegel/Banaschak/P. Schneider RMed 2022, 289 ff.

<sup>626</sup> MAH Strafverteidigung/Bastisch/Banemann § 70 Rn. 31. Vaginalsekret wird durch Überprüfung von Glycogen, Sperma durch Bestimmung des prostataspezifischen Antigens (PSA) abgeklärt.

<sup>627</sup> Näher Wobst, Identifizierung von Körperflüssigkeiten und Haut mittels RNA-Markern für den forensischen Anwendungsbereich, RNA-based identification of body fluids and skin for forensic applications.

<sup>628</sup> Teschner/Tsokos/Nagy RMed 2018, 175, 177.

<sup>629</sup> Teschner/Tsokos/Nagy RMed 2018, 175, 177.

entstehen, die nicht identisch sind mit dem auf dem „Mutter“-DNA-Bruchstück.<sup>630</sup> Manchmal werden Basenpaare zusätzlich eingeschoben (allelic drop in), manchmal fallen welche heraus (allelic drop out). Low-template-Spuren, also solche, die wenige und/oder wenig intakte DNA-Spuren enthalten, insbesondere Hautkontakts Spuren, weisen eine stark erhöhte Neigung zu derartigen Unbalanciertheiten innerhalb eines heterozygoten Locus sowie zwischen den Loci auf.<sup>631</sup> Einzelne Allele oder ganze STR-Marker fallen häufiger aus.<sup>632</sup> Ebenso können bei LT-Spuren auch eher als bei Standardspuren zusätzliche Allele auftreten, bedingt durch Amplifikationsfehler in der Frühphase der PCR.<sup>633</sup>

277 Das Erkennen und die Verarbeitung von Drop-in- und Drop-out-Ereignissen erfolgt in der gegenwärtigen Praxis durch drei unterschiedliche Modelle:

Für eine Berechnung mit **binären Modellen** werden ausschließlich die nachgewiesenen Allele einer DNA-Spur sowie deren Populationsfrequenzen genutzt.<sup>634</sup> Bei der Messung weiter anfallende Informationen zur Intensität des Signals und zur Länge eines DNA-Fragments bleiben hingegen ausnahmslos unberücksichtigt. Folglich sind in binären Modellen Aussagen zu den Mischungsverhältnissen und den Merkmalsmustern weiterer Spurenverursacher nicht möglich. Alle Rückschlüsse auf die Merkmalsmuster der beteiligten Spurenverursacher beruhen daher ausschließlich auf der Einschätzung des auswertenden Sachverständigen.<sup>635</sup>

278 Sog. **semikontinuierliche Modelle** weisen demgegenüber den Vorteil auf, dass sie mögliche Drop-Ins und Drop-Outs zwar prinzipiell in die Berechnung einbeziehen. Dabei stellen sie aber keinen konkreten Bezug zu den im konkreten Fall gemessenen Signalintensitäten her, sondern verwenden experimentell bestimmte Drop-in- und Drop-out-Wahrscheinlichkeiten.<sup>636</sup>

279 **Vollkontinuierliche Modelle** beziehen neben den Allelen und deren Frequenzen zusätzlich die gemessenen Signalintensitäten und DNA-Fragmentlängen sowie sog. Stutterpeaks (Vor- und Nachpeaks) und eventuelle Degradationseffekte in die Berechnungen von DNA-analytischen Befunden ein.<sup>637</sup> Aufgrund der Einbeziehung all dieser Informationen lässt das vollkontinuierliche Modell eine genauere Modellierung der DNA-Spur (en) zu, und damit eine sachgerechtere Bewertung bezüglich Menge und Qualität der DNA. Auch kann ggfs. das Mischungsverhältnis der Komponenten einer DNA-Spur rechnerisch abgeschätzt werden.<sup>638</sup> Die Anwendung von vollkontinuierlichen Modellen setzt jedoch ein spezifisches Wissen voraus, das zwar keine weitreichenden mathematischen Kenntnisse verlangt, aber Kenntnisse über die theoretischen Grundlagen dieses Modells, dessen Konzepte, Funktionalitäten und Grenzen sowie die korrekte Interpretation der erhaltenen Ergebnisse. Eine spezielle Schulung ist „unabdingbar“.<sup>639</sup>

280 Wenn nun am Ende der Prozedur mittels einer Software die Auslesung erfolgt, an welchen Orten auf dem DNA-Strang welche Allel-Ausprägungen vorhanden sind, dann

---

<sup>630</sup> Das ist insbesondere, aber eben nicht nur dann, der Fall, wenn sich das DNA-Material in einem so schlechten Zustand befindet, dass keine intakte Vorlage des zu amplifizierenden Abschnitts vorhanden ist; vgl. etwa Verhoff/Heidorn, *der kriminalist* 2006, 120 (121).

<sup>631</sup> Pfeifer et al. *RMed* 2016, 538, 540 mwN; ausf. Whitaker/Cotton/Gill, *Forensic Science International* 2001, 215 ff.

<sup>632</sup> Offenmüller/Grossenbacher/Dion/Balitzki *RMed* 2017, 266, 266; Pfeifer et al., *Forensic Science International Genetics* 2012, 716 ff.; Gill/Buckleton, *Forensic Science International Genetics* 2010, 221 ff.

<sup>633</sup> Pfeifer et al. *RMed* 2016, 538, 539 mwN.

<sup>634</sup> Templin et al. *RMed* 2023, 13, 15.

<sup>635</sup> Templin et al. *RMed* 2023, 13, 15.

<sup>636</sup> Templin et al. *RMed* 2023, 13, 15.

<sup>637</sup> Templin et al. *RMed* 2023, 13, 15 f.

<sup>638</sup> Templin et al. *RMed* 2023, 13, 16.

<sup>639</sup> Hahn et al. *RMed* 2023, 3, 5; Templin et al. *RMed* 2023, 13, 27.

erfolgt die Ergebnisdarstellung in einem Elektropherogramm, d. h. in Form von Kurven (Peaks), deren Fragmentlängen im Verhältnis zu einem internen Längenstandard bestimmt werden. Bei Spuren, die nur sehr wenig DNA enthalten, sind die Peaks aber nicht immer authentisch. Es ist ohne Weiteres möglich, dass sie durch die Amplifizierung erzeugt wurden. Die Peaks können also Allel-Ausprägungen anzeigen, die im Original gar nicht vorhanden waren. Umgekehrt können vorhandene Allele nicht oder nur unvollständig vervielfältigt worden sein. Artefakte können aber auch echte Peaks verdecken. Der Analyst muss nun entscheiden, welche Peaks echte Allel-Ausprägungen darstellen und welche nicht.

Eigentlich müsste er das „blind“ tun, also nur die PCR-Peaks betrachten und sich **vor (!) dem Vergleich** mit der vom Beschuldigten stammenden DNA festlegen. Es soll vorkommen, dass beide Kurven übereinander gelegt und dann die Treffer gezählt werden: Was nicht passt, wird also nachträglich zum Artefakt erklärt! Der Kölner Rechtsmediziner Peter Schneider erklärt dazu: „Der Sachverständige muss dem Richter sagen: Das ist jetzt kein objektiver Befund. Ich hab den Eindruck, der kann drin sein, aber es fehlt das und das und das Allel. Deswegen kann es auch sein, dass es jemand anderes ist. Das muss man ganz klar sagen. Und die Leute, die das eben dann weglassen, die begeben sich auf dünnes Eis.“<sup>640</sup> Allerdings hat die Bewertung solcher Spuren mit biostatistischen Methoden in den letzten Jahren enorme Fortschritte erzielt, die es heute grundsätzlich ermöglichen, auch insoweit Bewertungen vorzunehmen.<sup>641</sup>

Grundsätzlich sind also nicht nur naturwissenschaftlich-technische Fehlerquellen im **281** Auge zu behalten, sondern auch die des Personalbeweises, vor allem Irrtum, Nachlässigkeit und Eitelkeit<sup>642</sup>, aber leider auch blinder Jagdeifer. Es gibt offenbar gelegentlich Versuche zielgerichteter Einflussnahme seitens der Ermittler. Katinka Schröder berichtet von einem nahezu unglaublichen Fall, in dem sich ein Vermerk bei der Akte befand. Sein erstaunlicher Inhalt: „Bei Probe 57 müssen wir die Täterschaft ausschließen.“ Probe 57 enthielt die DNA-Spur eines von der Verteidigung präsentierten alternativen Tatverdächtigen!<sup>643</sup> Verstörend ist auch der Fall des Gutachters Fred Zain, mag er sich auch nicht in Deutschland zugetragen haben. Zain hatte seine Untersuchungsergebnisse aus DNA-Labors in West Virginia und Texas frei erfunden. Er ging davon aus, dass ein Mensch, den die Staatsanwaltschaft aufgrund ihrer Ermittlungen konkret im Verdacht habe, auch der Täter sein müsse. Er präsentierte daher stets Gutachten, die den Angeklagten belasteten; 134 Verfahren mussten wiederaufgenommen werden. Es ist ein schwacher Trost, dass glücklicherweise kein Todesurteil dabei war.<sup>644</sup>

**f) Dokumentation:** Es ist dringend zu empfehlen, Veränderungen, die im Labor am **282** untersuchten Material vorgenommen werden, klar zu dokumentieren. Dazu ein Beispiel:<sup>645</sup>

Der Verteidiger legte dem Sachverständigen eine Maske vor und fragte, ob dies das von ihm untersuchte Asservat sei. Das wurde vom Gutachter nach näherer Betrachtung bejaht. Daraufhin konfrontierte ihn der Verteidiger mit mehreren Zeugenaussagen, aus denen unzweideutig hervorging, dass der Täter eine Maske mit nur zwei Sehschlitzen trug, die vorgelegte Maske indessen eine zusätzliche Mundöffnung aufwies. Ohne Dokumentation hätte der Sachverständige nicht belegen können, dass es sich um dasselbe Asservat handelt: Bei der Untersuchung war lediglich der Mundbereich ausgeschnitten worden, weil die dort vermuteten und später gefundenen Speichelspuren analysiert werden sollten.

<sup>640</sup> In der Sendung von Katinka Schröder auf WDR 5 am 30. März 2009.

<sup>641</sup> → Rn. 283 ff.

<sup>642</sup> So zutreffend: Peppersack/Baumann KR 1998, 665, 668.

<sup>643</sup> In der Sendung auf WDR 5 am 30. März 2009.

<sup>644</sup> Vgl. Benecke, Mordmethoden, S. 270; ders: Dem Täter auf der Spur, 8. Aufl. 2013, S. 143 ff.

<sup>645</sup> Fallschilderung bei MAH Strafverteidigung/Bastisch/Banemann § 70 Rn. 21.

## 283 5. Die Bewertung der DNA-Spur

a) **Die untersuchten Systeme:** Ziel des gesamten biotechnischen Aufwandes ist eine Aussage darüber, in welchem Grade das DNA-Gutachten die Richtigkeit des Anklagevorwurfs wahrscheinlich macht. Zu diesem Zweck ist eine **Befundbewertung** vorzunehmen, die die bereits genannten Fehlerquellen bedacht hat und sodann ihren Blick auf die untersuchten STR-Systeme richtet. Der Befund stellt grundsätzlich eine biostatistisch fundierte Aussage aufgrund von Populationsdaten dar, bei der die Möglichkeit, dass die DNA-Merkmale aufgrund der Übereinstimmung vom Beschuldigten stammen, mit der Möglichkeit, dass diese von einer unbekanntem, nicht mit dem Beschuldigten verwandten Person stammen, verglichen werden. Die Übereinstimmung der DNA-Merkmale wäre in letzterem Fall dann rein zufällig. Im forensischen Alltag findet so gut wie ausschließlich das PCR-Verfahren Anwendung. Dabei werden neben dem geschlechtschromosomal<sup>646</sup> Amelogenin-System überwiegend Systeme mit folgenden Bezeichnungen untersucht: D3S 1358, D8S 1179, D18S 51, D21S 11, TH01, SE33, VWA31, FIBRA (FGA)<sup>647</sup> sowie D1S 1656, D2S 441, D10S 1248, D12S 391, D22S 1045, D2S 1338, D16S 539, D19S 433 hinzugekommen.<sup>648</sup> Den etwas verwirrenden Bezeichnungen liegt kein einheitliches System zugrunde. Manchmal bezeichnet es die Lage auf einem Chromosom: D3 auf dem dritten, D8 auf dem achten, D18 auf dem achtzehnten usw.; manchmal wird die genetische Umgebung angesprochen: VWA bedeutet „von Willebrand“.

284 Jedes dieser Systeme zeichnet sich aus durch eine bestimmte Basenpaar-Folge, also eine konkrete **repetitive Sequenz**. Im System TH01 ist es die Sequenz AATG, im System VWA ist die repetitive Sequenz länger: TCTA TCTG TCTA; und, um ein letztes Beispiel zu nennen, im System D18S 51 lautet sie AGAA.<sup>649</sup> Die Sequenzen wiederholen sich unterschiedlich oft, und zwar sowohl auf dem väterlichen Teil des Chromosomenpaares als auch auf dem mütterlichen. Wenn also in einem Gutachten zu lesen steht, es sei in der untersuchten Spur das Allel „TH01 (6/9)“ festgestellt worden, so bedeutet das, dass auf dem untersuchten Abschnitt TH01 auf einem Teil des Chromosomenpaares sechs Wiederholungen der Basenpaar-Folge AATG aufgefunden wurden, auf dem anderen Teil des Chromosomenpaares hingegen neun Wiederholungen.

285 Nicht jedes der untersuchten STR-Systeme ist jedoch in Bezug auf die Individualisierung des Spurenlegers gleich informativ. Vielmehr werden die STR-Systeme in drei Kategorien eingeteilt: hoch-, mittel- und gering polymorph. Hochpolymorph ist zB das System SE 33 mit mehr als 30 Allelen; mittelpolymorph ist zB FIBRA mit etwa zehn bis 30 Allelen. Aber nicht alle Allele sind auch datenbankfähig. Obgleich etwa im System FIBRA auch weniger als 18 Wiederholungen auftreten, werden nur Allele mit 18 Wiederholungen oder mehr (bis 29) untersucht. In gleicher Weise verhält es sich – freilich mit anderen Variationsbreiten, man spricht von **allelischen Leitern**<sup>650</sup> – bei den anderen Merkmalssystemen: TH01 – 5 bis 11;<sup>651</sup> VWA – 11 bis 22; FIBRA – 18 bis 29; D21S 11 – 26 bis 35.2;<sup>652</sup> SE33 8 bis 28; D3S 1358 – 12 bis 19; D8S 1179 – 8 bis 18; D18S 51 – 10 bis 24. Nach dem bisherigen Stand wäre also eine Allelkombination nach der oben genannten datenbankmäßig erfassten Variationsbreite von FIBRA 14/21 oder 18/33 nicht möglich.

<sup>646</sup> Zur fehlerhaften Geschlechtsbestimmung aufgrund partieller Deletion des Y-Chromosoms vgl. Egger/Wand/Scheurer/Schulz/Dion/Balitzki RMed 2020, 94 ff.

<sup>647</sup> MAH Strafverteidigung/Bastisch § 71 Rn. 11; Madea/Patzelt/Schneider S. 502; Stern, Rn. 1669.

<sup>648</sup> Homepage des BKA unter dem Hinweis „DNA-Analyse“; vgl. auch BGH 5. Juni 2014, 4 StR 439/13.

<sup>649</sup> Vgl. etwa Madea/Patzelt/Schneider S. 510 ff.

<sup>650</sup> MAH Strafverteidigung/Bastisch/Banemann § 70 Rn. 41; Madea/Patzelt/Schneider S. 512.

<sup>651</sup> Es kommen aber zwischen drei und 14 Wiederholungen vor; Neuhaus StV 2013, 137, 138.

<sup>652</sup> Die allelische Leiter reicht aber von 24 bis 38.