

Rechtsmedizin 2003 · 13 : 375–383
 DOI 10.1007/s00194-003-0230-6
 Online publiziert: 15. November 2003
 © Springer-Verlag 2003

Redaktion

K. Püschel, Hamburg

Die Beiträge der Rubrik „Weiterbildung · Zertifizierte Fortbildung“ sollen dem Facharzt als Repetitorium dienen und dem Wissenstand der Facharztprüfung für den Arzt in Weiterbildung entsprechen. Die Rubrik beschränkt sich auf gesicherte Aussagen zum Thema.



Willkommen zur Zertifizierten Fortbildung bei Springer!

Das Zertifizierungsportal von Springer <http://cme.springer.de> bietet Ihnen neben der Online-Version der aktuellen Fort- und Weiterbildungsbeiträge auch die Möglichkeit, die Fragen am Ende dieses Beitrags online zu beantworten und somit wichtige Zertifizierungspunkte zu sammeln. Die Teilnahme ist kostenlos und beschränkt sich im Hinblick auf eine eindeutige Identifizierung auf Individualabonnenten der Zeitschrift.

Für diese Fortbildungseinheit erhalten Sie einen Fortbildungspunkt, wenn Sie 70% der Fragen richtig beantwortet haben bzw. Ihr Ergebnis nicht unter dem Durchschnitt aller Teilnehmer liegt. Zwei Tage nach Einsendeschluss können Sie die Auswertung und damit Ihre Teilnahmebestätigung unter <http://cme.springer.de> abrufen. Reichen Sie Ihre Teilnahmebestätigung zur Erlangung des freiwilligen Fortbildungszertifikats bei Ihrer zuständigen Ärztekammer ein.

Diese Initiative ist zertifiziert von der Landesärztekammer Hessen und der Nordrheinischen Akademie für Ärztliche Fort- und Weiterbildung und damit auch für andere Ärztekammern anerkennungsfähig.

Für Rückfragen stehen wir Ihnen jederzeit zur Verfügung:

Springer-Verlag GmbH & Co.KG
 Redaktion Facharztzeitschriften
 CME-Helpdesk, Tiergartenstraße 17
 69121 Heidelberg
 Fax ++49-(0)6221-487-8461
 E-Mail: cme@springer.de
<http://cme.springer.de>

cme.springer.de

P. Wiegand¹ · B. Rolf²

¹Abteilung Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Ulm, Ulm

²Institut für Rechtsmedizin, Ludwig-Maximilian-Universität München, München

Analyse biologischer Spuren

Teil II: DNA-Typisierung

Zusammenfassung

Die Entdeckung individualspezifischer DNA-Sequenzen durch Jeffreys et al. im Jahre 1985 hat zu einer Anwendung dieser Sequenzen als „genetischer Fingerabdruck“ in der forensischen Spurenanalytik geführt. Die heute gängige Untersuchungstechnik ist die Typisierung der sog. Short-Tandem-Repeat-Systeme (STRs) mittels Polymerasekettenreaktion. Nach Extraktion der Ausgangs-DNA und der Durchführung einer Multiplex-PCR werden die Amplifikate elektrophoretisch nach Länge aufgetrennt. Mit dieser Technik ist es möglich, praktisch sämtliche Spuren menschlicher Herkunft wie Speichel, Sperma, Blut, Urin, Haare, Gewebeteile erfolgreich untersuchen zu können. Die Identifikation unbekannter Leichen mittels DNA-Analytik ist oftmals auch nach Jahren postmortaler Liegezeit noch möglich. Bei Verkehrsunfällen mit mehreren Fahrzeuginsassen ist die Identifikation des Fahrzeugsführers mittels DNA-Untersuchungen häufig von Bedeutung. Seit 1998 gibt es beim Bundeskriminalamt in Wiesbaden die DNA-Analyse-Datei. In dieser Datei werden Profile von verurteilten Straftätern und anonymen Spuren gespeichert. Bis Ende 2002 wurden über 200.000 Personenprofile und über 40.000 Profile anonymer Spuren eingestellt.

Schlüsselwörter

DNA-Typisierung · Short-Tandem-Repeat-Systeme (STRs) · Biologische Spuren

Analysis of biological stains. Part II: DNA typing

Abstract

The discovery of polymorphic DNA sequences by Jeffreys et al. in 1985 resulted in the application of these polymorphisms as “genetic fingerprints” in the field of forensic stain analyses. Today’s state-of-the-art technology includes typing short tandem repeat polymorphisms by polymerase chain reaction. After extraction of the template DNA and performance of a multiplex PCR, the amplified DNA is separated according to length by electrophoresis. With this technology, almost all stains of human origin such as saliva, sperm, blood, urine, and hair can be analyzed successfully. The identification of unknown corpses is often possible even several years post mortem. In cases of traffic accidents with several passengers, the driver of the car might be identified by DNA investigation. The German DNA database in the Bundeskriminalamt has existed since 1998 where as of the end of 2002 profiles of more than 200,000 convicts and 40,000 unknown stains have been stored.

Keywords

DNA typing · Short tandem repeats · Biological stains

Forensische DNA-Systeme

Jeffreys et al. haben 1985 die DNA-Methode des „genetischen Fingerabdrucks“ publiziert

Die PCR wurde in Deutschland Anfang der 90er-Jahre in den forensischen Laboratorien eingeführt

► Polymerasekettenreaktion

► Short-Tandem-Repeat-Systeme (STRs)

► Menschliches Kerngenom

Im Rahmen forensischer DNA-Untersuchungen darf nur im Bereich der nicht kodierenden DNA typisiert werden

Seit der Entdeckung individualspezifischer DNA-Sequenzen durch Jeffreys et al. im Jahre 1985 ist deren Anwendung als „genetischer Fingerabdruck“ auch in der forensischen Spurenanalytik sehr rasch eingeführt worden. In der Folge dieser Entdeckung nahm seit etwa 1990 in der Rechtsmedizin die Bedeutung der herkömmlichen Serologie für die Spurenkunde innerhalb von kurzer Zeit erheblich ab. Die anstelle der serologischen Untersuchungstechniken eingeführten DNA-Methoden brachten eine enorme Steigerung des Untersuchungserfolges mit sich.

Für die erste „Generation“ der angewandten DNA-Marker, den von Jeffreys beschriebenen Minisatelliten, waren noch etwa 1–2 µg hochmolekulare DNA erforderlich, um ein aussagekräftiges Muster zu erstellen. Mit der Einführung der PCR-Reaktion (► **Polymerasekettenreaktion**) ging dann Anfang der 90er-Jahre eine weitere Reduzierung der erforderlichen Ausgangsmenge an DNA auf weniger als 100 pg einher; 100 pg entsprechen etwa der DNA aus 15–20 diploiden Zellen. Dabei hat sich in der forensischen Genetik die Typisierung der sog. ► **Short-Tandem-Repeat-Systeme (STRs)** durchgesetzt. Diese Systeme, die auch als Mikrosatelliten bezeichnet werden, sind heute weltweit in der forensischen DNA-Technologie etabliert. Neben der Steigerung der Sensitivität bewirkte die Einführung der PCR und der STR-Loci eine erhebliche Reduzierung der erforderlichen Mindestlänge der DNA auf wenige 100 Basenpaare (bp), sodass nunmehr auch hochdegradierte DNA erfolgreich typisiert werden konnte. In der Folge war es möglich, praktisch sämtliche Spuren menschlicher Herkunft wie Speichel, Sperma, Blut, Urin, Haare, Gewebeteile erfolgreich untersuchen zu können.

Das ► **menschliche Kerngenom** besteht aus rund 3,5 Mrd. bp mit ca. 35.000–40.000 Genen. Etwa 20% des Gesamtgenoms sind Gene bzw. genverwandte Sequenzen, beim Rest handelt es sich um sog. extragene DNA. Ungefähr 2% der humanen Gesamt-DNA gehört zu dem Bereich der kodierenden DNA, deren Information in eine Polypeptidkette, ein Protein, übersetzt wird.

Gemäß der Vorgabe des Gesetzgebers darf im Rahmen forensischer DNA-Untersuchungen nur im Bereich der nicht kodierenden DNA typisiert werden; die meisten STRs sind in diesem Bereich lokalisiert – z. T. in Pseudogenen oder Intronsequenzen, z. T. aber auch weit entfernt von Sequenzen, deren Funktion man kennt. Aufgrund der Sequenzstruktur der STRs zählen diese Marker zur sog. repetitiven DNA. STR-Sequenzen, die in der forensischen Analytik Anwendung finden, sind durch sich wiederholende Einheiten (Repeats) gekennzeichnet, deren Basislänge 4 bp beträgt (■ **Abb. 1**).

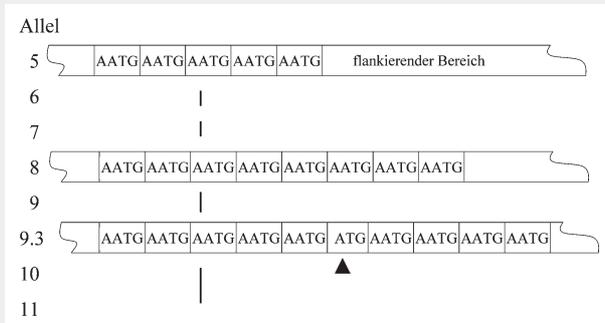


Abb. 1 ▲ Schematische Darstellung der Sequenzstruktur eines Short-Tandem-Repeat-Systems (STRs). Die Allelnomenklatur basiert auf der Anzahl der 4-bp-Wiederholungseinheiten (Repeat–AATG). Bei unvollständigen Repeats wird das Allel entsprechend der Anzahl an vollständigen Repeats und der Nukleotidanzahl des unvollständigen Repeats (s. 9.3) benannt. Die Sequenz der PCR-Primer ist so ausgewählt, dass die Primer außerhalb der Repeatregion hybridisieren

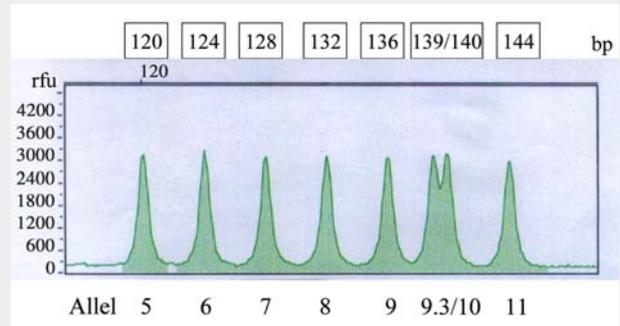


Abb. 2 ▲ STR-TH01: Kapillarelektrophoretische Auftrennung der häufigeren Allele 5–11 (sog. allelische Leiter, anhand der die unbekanntesten PCR-Produkte in dem Polymorphismus typisiert werden). Die über dem Chromatogramm eingefügten Zahlen kennzeichnen die Allellängen, woraus ersichtlich ist, dass der Längenbereich des TH01-STRs unter 150 bp liegt und somit hochdegradierte DNA erfolgreich typisiert werden kann

Tabelle 1

DNA-Analyse-Datei-Systeme und chromosomale Lokalisation

STR-Systeme	Chromosomale Lokalisation
Amelogenin	Xp2.1-22.3 und Yp11.2
D3S1358	3p
ZH01	11p15.5
VWA	12p12-pter
FIBRA (FGA)	4q28
SE33 (ACTBP2)	5per-5qter
D8S1179	8
D18S51	18q21.3

Die Repeatanzahl variiert von Individuum zu Individuum, es handelt sich somit um Längenpolymorphismen.

Vorgehensweise

Nach Extraktion der Ausgangs-DNA und der Durchführung der PCR-Reaktion werden die PCR-Produkte elektrophoretisch nach Länge aufgetrennt (▣ Abb. 2). Das heutzutage übliche Verfahren der PCR-Methodik ist eine sog. ► **Multiplex-PCR**, wobei mehrere auf verschiedenen Chromosomen lokalisierte STR-Systeme und zusätzlich das Geschlechtstypisierungssystem Amelogenin gemeinsam amplifi-

ziert werden. (▣ Tabelle 1, Abb. 3). Aus der elektrophoretischen Auftrennung der Produkte der Multiplex-PCR resultieren individualspezifische DNA-Profile, die für alle kernhaltigen Zellen eines Individuums reproduzierbar sind und somit eine exzellente Möglichkeit des Abgleichs zwischen einer biologischen Spur und einem als Verursacher in Frage kommenden Tatverdächtigen ermöglichen.

DNA-Analyse-Dateien

Acht STR-Systeme sind Bestandteil der seit 1998 beim Bundeskriminalamt in Wiesbaden etablierten DNA-Analyse-Datei. Die juristische Grundlage hierzu bildet das ► **DNA-Identitätsfeststellungsgesetz §81 g STPO**. Alle 8 STR-Systeme haben als Basismotiv ein 4-bp-Repeat, wobei es bei einzelnen Systemen vorkommt, dass auch seltene vom 4-bp-Basismotiv abweichende Varianten auftreten. Die Allelnomenklatur wurde entsprechend internationaler Richtlinien basierend auf der Repeatanzahl definiert (▣ Abb. 1). Die in der deutschen DNA-Analyse-Datei gespeicherten Muster, die in 8 STR-Systemen erstellt wurden, weisen im Mittel eine Profilhäufigkeit von 1 in 1,1 Billionen Personen auf. Mit Ausnahme des Systems SE33 sind die anderen 7 DNA-Systeme auch in anderen Ländern, die entsprechende DNA-Dateien etabliert haben, Bestandteil der forensischen DNA-Typisierungen und können somit für einen DNA-Profil-Vergleich auf internationaler Ebene herangezogen werden. In der deutschen DNA-Analyse-Datei waren bis Ende 2002 über 200.000 Personenprofile und über 40.000 Profile anonymer Spuren eingespeichert, wobei der weitere Aufbau der DNA-Datei mit großer Dynamik voranschreitet.

Allelhäufigkeiten

Die Untersuchung unterschiedlicher ethnischer Gruppen hat gezeigt, dass insbesondere zwischen ethnischen Hauptgruppen (Asiaten, Schwarzafrikaner, weißhäutige Europäer=Kaukasier) signifikante Unterschiede in den Allelhäufigkeiten bestehen, während dies innerhalb einer ethnischen Hauptgruppe (z. B. innerhalb Europas zwischen Italienern, Deutschen, Spaniern etc.) zumeist nicht der Fall ist. Somit ist zu bedenken, dass für die Berechnung der Übereinstimmungshäufigkeiten einer tatverdächtigen Person, die als Verursacher einer biologischen Spur mittels STR-Typisierung zugeordnet werden kann, die jeweiligen Allelhäufigkeiten der relevanten ethnischen Hauptgruppen zu berücksichtigen sind (▣ Abb. 4).

Aufgrund der Unterschiede zwischen den ethnischen Hauptgruppen war es erforderlich möglichst umfassende ► **populationsgenetische Daten** zu erheben. Repräsentative Allelfrequenzen, basierend auf umfangreichen populationsgenetischen Studien, sind im Internet z. B. verfügbar unter der Adresse <http://www.uni-duesseldorf.de/WWW/MedFak/Serology/database.html>.

► Multiplex-PCR

Acht STR-Systeme sind aktuell Bestandteil der DNA-Analyse-Datei

► DNA-Identitätsfeststellungsgesetz §81 g STPO

Die Allelfrequenzen ethnischer Hauptgruppen können sich stark unterscheiden

► Populationsgenetische Daten

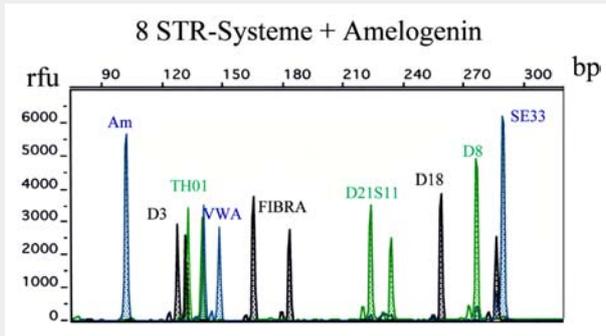


Abb. 3 ▲ Chromatogramm einer DNA-Probe einer weiblichen Person. Die Geschlechtstypisierung ist dadurch gekennzeichnet, dass für das Amelogenin-System (Am) nur 1 Peak (X-chromosomal) nachweisbar ist. Männliche DNA-Profile sind durch ein zusätzliches – 6 bp längeres PCR-Produkt – gekennzeichnet (XY-chromosomal). Die PCR-Primer, die PCR-Produkte mit Überlappungsbereichen eines anderen STRs generieren, sind mit einem anderen Fluoreszenzfarbstoff markiert. Somit können PCR-Produkte im gleichen Längenbereich verlässlich differenziert werden. Hier wurden 3 verschiedene Farbmarkierungen (blau, grün, schwarz) verwendet

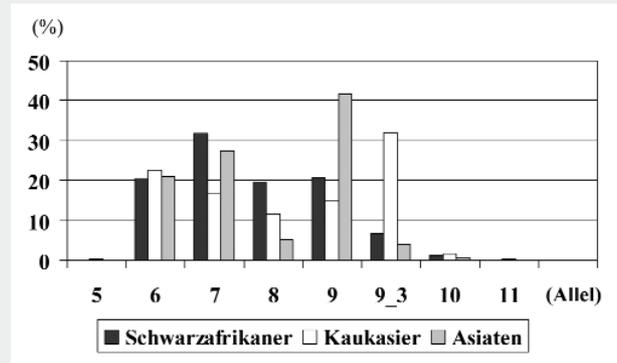


Abb. 4 ▲ TH01-Allelfrequenzen für 3 ethnische Hauptgruppen (Schwarzafrikaner, Kaukasier, Asiaten)

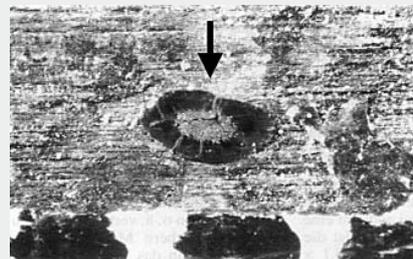


Abb. 5 ◀ Mikroblutspur auf einem Hammerkopf. Die Blutantragung stellt sich als dunkler Ring dar (Pfeil)

Blut- und Sekretspuren können i. d. R. erfolgreich DNA-typisiert werden

Zigarettenkippen und Speichel bilden eine wichtige Untersuchungskategorie biologischer Spuren bei Einbruchdelikten

► Amylasetest

► Bissspuren

Spurenarten

Blutspuren

Blutspuren gehören in der forensischen Praxis zu den häufig zu typisierenden Spuren. Sie finden sich je nach Tatortsituation auf unterschiedlichsten Materialien (z. B. textiles Material, Fußboden, Möbel, Tatwerkzeuge). Durch gezielte, kleinflächige Entnahme der Blutspuren bzw. der kompletten Spurenräger lassen sich diese in getrocknetem Zustand häufig noch nach mehreren Jahren erfolgreich typisieren. Auch Mikroblutspuren (Durchmesser ca. 1 mm oder weniger) können in der Regel noch erfolgreich typisiert werden (▣ Abb. 5).

Speichelspuren

Speichelspuren gehören ebenfalls zu den häufig zu untersuchenden Spurenarten; sie finden sich auf Zigarettenkippen, Gesichtsmasken, Trinkgefäßen, Briefmarken und Briefkuverts. In seltenen Fällen werden sie auch als Biss- oder Kusspuren relevant.

Zigarettenkippen und Speichelspuren an Trinkgefäßen kommen insbesondere häufig im Kontext mit Einbruchdelikten vor. Sie bilden eine wichtige Untersuchungskategorie biologischer Spuren aus dem Deliktbereich des besonders schweren Diebstahls mit noch unbekanntem Täter.

Für die Untersuchung von Gesichtsmasken, die beispielsweise bei einem Banküberfall verwendet wurden, ist es sinnvoll, zunächst die Mundregion zu identifizieren, indem ein sog. ► **Amylasetest** durchgeführt wird, um Speichelantragungen nachzuweisen. Bei entsprechendem positivem Befund kann dann diese Region gezielt ausgeschnitten und der DNA-Extraktion zugeführt werden.

Speichelantragungen an Briefmarken und in Klebefalzflächen von Briefkuverts stehen zur Untersuchung an, falls es sich um Droh- oder Erpresserbriefe handelt.

► **Bissspuren**, die zumeist im Zusammenhang mit Sexualdelikten an Geschädigten auftreten, sind dann besonders aussichtsreich typisierbar, wenn noch eine Bissmarke lokalisiert werden kann. In diesem Zusammenhang bietet es sich wiederum an, eine

Asservierung mit Aqua bidest. angefeuchtetem Wattestieltpuffer durchzuführen. Hierbei sollte nur relativ geringer Druck ausgeübt werden, da ansonsten ein überproportional hoher Anteil an Hautepithelzellen von der geschädigten Person asserviert werden würde.

Haare

Haare, die beispielsweise auf der Kleidung von Täter oder Opfer gefunden werden und mit großer Wahrscheinlichkeit in tatrelevantem Zusammenhang stehen, lassen sich, falls anagene Wurzeln vorhanden sind, zumeist erfolgreich untersuchen. Soweit nur Haarschäfte vorhanden sind, ist eine Typisierung mit STR-Systemen wenig aussichtsreich. Eine Untersuchung von Haarschaft-DNA kann dann mittels Mitochondrien-DNA-Typisierung erfolgen (dies wird im Teil 3 ausführlicher erläutert werden). Können nur telogene Haare in die DNA-Untersuchung eingebracht werden, ist es sinnvoll, DNA-Systeme zu verwenden, die besonders kurze PCR-Produkte generieren, da die DNA in telogenen Haare oftmals durch Degradation stärker verkürzt ist als in Haaren mit anagenen Wurzeln.

Vaginalzell-/Spermaspuren

Nach ► **Vergewaltigungsdelikten** werden im Rahmen der körperlichen Untersuchung der Geschädigten Vaginalabstriche entnommen, in denen dann bei erfolgtem Geschlechtsverkehr eine Mischung aus Vaginalepithelzellen und Spermien nachgewiesen werden kann. Um die Merkmale des Spermaverursachers aus dieser Mischung darzustellen, besteht die Möglichkeit, die zumeist größere Anzahl an Vaginalepithelzellen von der Spermienzellfraktion mittels einer sog. ► **differenziellen Lyse** chemisch so zu trennen, dass die Spermien-DNA mehr oder weniger ungemischt typisiert werden kann. Hierbei handelt es sich um ein Extraktionsverfahren, das dazu führt, dass nach spezifischer chemischer Behandlung im 1. Schritt zunächst die Vaginalepithelzellen lysiert und abgetrennt werden und in einem 2. Schritt die Spermien lysiert und DNA-typisiert werden, sodass unter optimalen Bedingungen ein selektives Spermien-DNA-Muster generiert werden kann. Bei ungünstiger Spurenlage wie dem Vorhandensein von nur sehr wenigen Spermien (z. B. bei Wasserleichen) ist ggf. eine DNA-Typisierung auf der Ebene Y-chromosomaler STR-Systeme der Vorzug zu geben, da hier ohne Trennung selektiv die männliche DNA-Fraktion typisiert werden kann (dies wird ebenfalls im Teil 3 ausführlicher dargestellt werden).

Hautepithelzellspuren

Hautepithelzellspuren sind in den letzten Jahren mit der Steigerung der Nachweissensitivität der PCR-Methodik immer wichtiger geworden. Im Gegensatz zu Fingernagelkratzspuren, die z. B. nach Vergewaltigung unter den Nägeln des Opfers angetragen sein können und in der Regel relativ viele Hautepithelzellen oder auch Blutzellen vom Täter enthalten, sind Hautepithelzellantragungen, die durch Täterhände, beispielsweise nach Würgehandlungen, vom Hals des Opfers asserviert werden können, üblicherweise in deutlich geringerer Anzahl vorhanden. Im Zusammenhang mit ► **Würgehandlungen** ist es sinnvoll, bereits am Fundort der Leiche oder vor einer körperlichen Untersuchung überlebender Geschädigter Halsabstriche getrennt nach Halsseite mit angefeuchteten Wattestieltpuffern durchzuführen, um so die von den Täterhänden übertragenen Hautepithelzellen asservieren zu können. Zumeist werden hierbei Mischmuster, bestehend aus den Allelen des Opfers und des Täters, typisiert. Eine Zuordnung der Täterallele in derartigen Mischspuren mit entsprechend hoher Individualisierungshäufigkeit ist gerade bei diesen Spuren von besonders hohem Beweiswert.

Hautepithelzellantragungen finden sich aber auch typischerweise auf ► **Tatwerkzeugen**, wie beispielsweise Hammer- oder Axtstielen, und können je nach Oberfläche des Stiels in unterschiedlich großer Anzahl kernhaltiger Zellen asserviert und DNA-typisiert werden. Auch bieten sich Messer oder Pistolengriffe für eine entsprechende

Falls anagene Wurzeln vorhanden sind, lassen sich Haare zumeist erfolgreich untersuchen

► Vergewaltigungsdelikte

► Differenzielle Lyse

► Würgehandlungen

Hautkontaktspuren führen häufig zu Mischmusterkonstellationen

► Tatwerkzeuge

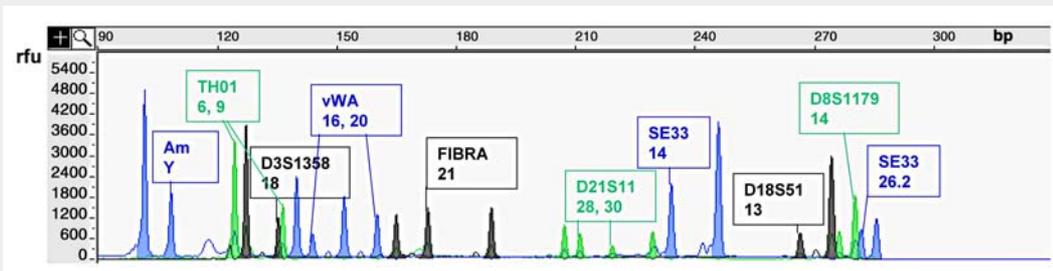


Abb. 6 ▲ Chromatogramm einer DNA-Mischspur, die mittels Wattestiertupferabrieb von dem Nachthemd einer sexuell genötigten Frau asserviert wurde. Der Abrieb enthielt sowohl Hautepithelzellen der Geschädigten als auch Hautepithelzellen, die mit dem DNA-Profil der Vergleichsprobe des Tatverdächtigen übereinstimmen. Die Allele des Tatverdächtigen sind im Chromatogramm hervorgehoben

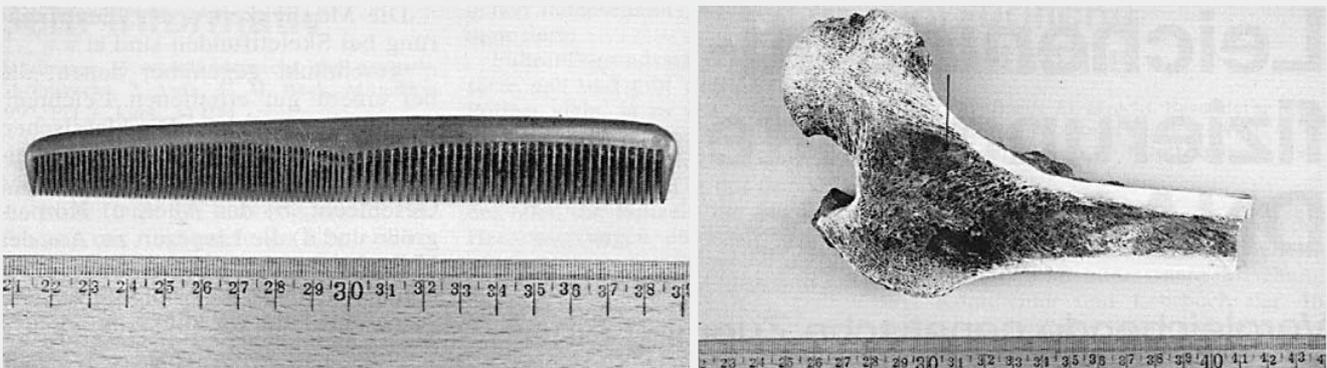


Abb. 7 ▲ a Ein aus dem persönlichen Nachlass eines vermissten Mannes asservierter Kamm, dessen zelluläre Antragsungen noch nach mehreren Jahren für eine vergleichende Zuordnung zur Identifikation der Leiche verwendet werden konnte. b Von der skelettierten Leiche wurden Osteozyten vom Oberschenkelknochen für die DNA-Untersuchung verwendet

Asservierung von Hautepithelzellen an. Zudem ist es auch möglich, Hautkontaktpuren von Opferkleidung selektiv mit angefeuchtetem Wattestiertupfer zu asservieren, insbesondere dann, wenn das Opfer entsprechende Hämatome beispielsweise am Oberarm aufweist, wodurch eine Eingrenzung der in die Asservierung einzubeziehenden Kleidungsregion vorgenommen werden kann (■ Abb. 6).

► Täterkleidung

Aber auch zurückgelassene ► **Täterkleidung** lässt sich oft erfolgreich nutzen, um aus Hautepithelzellantragsungen am Kragen einer Jacke oder im Taschenbereich einer Jeanshose ein DNA-Profil des Trägers zu erstellen.

Identifikation unbekannter Leichen

Eine Identifikation unbekannter Leichen mittels DNA-Analytik ist oftmals auch nach Jahren postmortaler Liegezeit noch möglich

Eine Identifikation unbekannter Leichen mittels DNA-Analytik ist oftmals auch nach Jahren postmortaler Liegezeit noch möglich. Bei langen Liegezeiten bieten gegebenenfalls vorhandene mumifizierte Weichgewebe, wie z. B. Muskulatur, noch eine Typisierungschance. Am besten konserviert ist über lange Zeiträume allerdings die DNA in Knochen und Zähnen. Bei Knochengewebe ist die DNA-Typisierung von Osteozyten aus großen Kompaktknochen, wie z. B. Oberarm oder Oberschenkel, am aussichtsreichsten. Durch die ► **genetische Zuordnung naher Verwandter** (z. B. Kinder, Geschwister oder Eltern) kann häufig mit hoher Wahrscheinlichkeit die Identität abgesichert werden. Sind keine entsprechenden Verwandten mehr verfügbar, so besteht die Möglichkeit, anhand von zellulären Antragsungen an z. B. Zahnbürste, Kamm oder Rasierapparat des Vermissten den Abgleich durchzuführen (■ Abb. 7).

► Genetische Zuordnung naher Verwandter

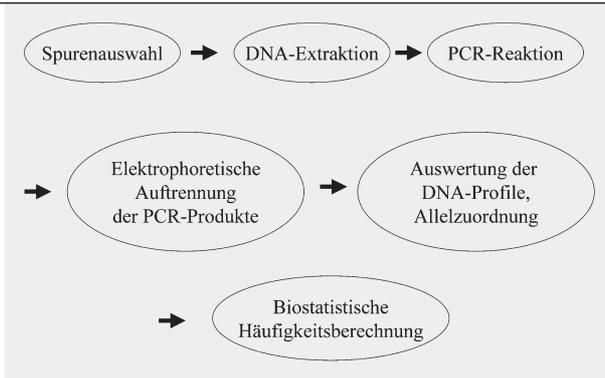


Abb. 8 ◀ **Verlaufsschema
DNA-Spurenanalytik**

Verkehrsunfälle

Bei Verkehrsunfällen spielt insbesondere bei Trunkenheitsfahrten nicht angeschnallter Personen die Zuordnung des Fahrzeugführers mittels DNA-Untersuchungen eine wichtige Rolle. Charakteristische Antragungen wie Haare oder anderes biologisches Material (z. B. Blutspuren oder Hautepithelzellen an bestimmten Fahrzeugteilen wie innen-seitiger Windschutzscheibe oder Holm) ermöglichen eine vergleichende Zuordnung. In diesem Kontext sind auch Airbags als wichtige Spurenräger für die Sitzpositionsbestimmung des Fahrers in die Untersuchung einzubeziehen.

Auch bei angefahrenen oder überfahrenen Verkehrsunfallopfern und anschließender Fahrerflucht des Fahrzeugführers kann eine genaue Analyse des Spuren-musters am infrage kommenden Unfallfahrzeug mittels individueller Zuordnung zum Geschädigten in aller Regel verlässlich durchgeführt werden.

Die **Abb. 8** fasst noch einmal die **Arbeitsabläufe im forensischen DNA-Labor** von dem Spureneingang bis zur Gutachtenserstellung zusammen.

Korrespondierender Autor

Dr. P. Wiegand

Abteilung Rechtsmedizin, Universitätsklinikum Ulm, 89070 Ulm
E-Mail: peter.wiegand@medizin.uni-ulm.de

Weiterführende Literatur

1. Brinkmann B, Wiegand P (1997) DNA-Technologie in der Medizinischen Kriminalistik. Schmidt-Römhild, Lübeck
2. Patzelt D, Baur MP, Bertrams J (2003) Forensische Serologie/Hämogenetik. In: Madea, B, Brinkmann, B (Hrsg) Handbuch Gerichtliche Medizin, Kap. 11, Bd. 2. Springer, Berlin Heidelberg New York Tokyo, S 991–1115

Bei Verkehrsunfällen spielt die Zuordnung des Fahrzeugführers mittels DNA-Untersuchungen eine wichtige Rolle

▶ Arbeitsabläufe im forensischen DNA-Labor

Fragen zur Zertifizierung (nur eine Antwort ist möglich)

1. Welche Aussage zu forensischen DNA-Systemen ist falsch?

- a) Die erste Systemgeneration forensisch relevanter DNA-Systeme waren sog. Minisatellitensysteme
- b) Seit Anfang der 90er-Jahre ist die Untersuchung serologischer Systeme weniger relevant geworden.
- c) Für die Untersuchung von Minisatellitensystemem benötigte man noch ca. 1–2 pg an Ausgangs-DNA.
- d) Mit Einführung der PCR-Reaktion konnte auch hochdegradierte DNA erfolgreich typisiert werden.
- e) STR-Systeme sind weltweit in der forensischen DNA-Technologie etabliert worden.

2. Welche Aussage zur Human-DNA ist richtig?

- a) Das menschliche Kerngenom enthält ca. 60.000–80.000 Gene.
- b) Ungefähr 10% der Human-DNA gehören zum Bereich der kodierenden DNA.
- c) Im Rahmen forensischer DNA-Untersuchungen darf nur im kodierenden Bereich untersucht werden.
- d) STRs gehören zur sog. repetitiven DNA.
- e) Die Basislänge der Repeats der forensisch relevanten STRs beträgt zumeist 3 bp.

3. Welche Aussage zur forensischen PCR-Analytik ist falsch?

- a) Die PCR-Produkte werden gemäß ihrer unterschiedlichen Längen elektrophoretisch aufgetrennt.

- b) Das übliche PCR-Verfahren ist eine Multiplex-PCR.
- c) Aktuell sind 6 STR-Systeme Bestandteil der DNA-Analyse-Datei.
- d) Die deutsche DNA-Analyse-Datei wurde 1998 beim BKA in Wiesbaden etabliert.
- e) Zwischen ethnischen Hauptgruppen bestehen signifikante Unterschiede in den STR-Allelhäufigkeiten.

4. Welche Aussage zur DNA-Typisierung verschiedener Spurenarten ist richtig?

- a) Blutspuren gehören zu den seltener untersuchten Spurenarten.
- b) Blutspuren lassen sich im getrockneten Zustand maximal 1 Jahr lang typisieren.
- c) Mikroblutspuren können in der Regel nicht erfolgreich typisiert werden.
- d) Speichelspuren gehören zu den häufig untersuchten Spurenarten.
- e) Im Deliktsbereich des besonders schweren Diebstahls spielt die Untersuchung von Speichelspuren nur eine untergeordnete Rolle.

5. Welche Aussage zur DNA-Typisierung verschiedener Spurenarten ist falsch?

- a) Speichelantragungen an Gesichtsmasken können durch einen Amylasetest detektiert werden.
- b) Bissspuren treten gelegentlich im Zusammenhang mit Sexualdelikten auf.
- c) Haare sollten grundsätzlich in die DNA-Untersuchung einbezogen werden, da sie immer tatrelevant sind.

- d) Die Untersuchung von Haarschaft-DNA kann mittels Mitochondrien-DNA-Typisierung erfolgen.
- e) In telogenen Haaren ist die DNA oftmals stark degradiert.

6. Welche Aussage zu Vaginalzell-/Spermaspuren ist falsch?

- a) Nach einem Vergewaltigungsdelikt wird bei der Geschädigten ein Vaginalabstrich entnommen.
- b) Es ist möglich die Vaginalepithelzellen von der Spermienzellfraktion mittels differenzieller Lyse zu trennen.
- c) Die differenzielle Lyse ist ein Extraktionsverfahren, wobei zuerst die Vaginalepithelzellen lysiert und abgetrennt werden.
- d) Bei ausreichend Spermien kann ein selektives Spermien-DNA-Muster erstellt werden
- e) Falls nur sehr wenige Spermien vorhanden sind, sollte man eine DNA-Typisierung auf der Ebene X-chromosomaler STR-Systeme durchführen.

7. Welche Aussage zu Hautepithelzellspuren ist richtig?

- a) Hautepithelzellspuren sind in den letzten Jahren immer mehr in den Hintergrund gerückt.
- b) Bei Fingernagelkratzspuren findet man in der Regel zu wenig Hautepithelzellen.
- c) Halsabstriche werden nach Würgehandlungen mit angefeuchteten Wattestieftupfern durchgeführt.
- d) Bei Hautepithelzellantragungen an Tatwerkzeugen findet man keine kernhaltigen Zellen.
- e) Täterkleidung ist nicht geeignet, um ein DNA-Profil des Trägers zu erstellen.



Wichtige Hinweise:

Online-Einsendeschluss: **08.02.2004**

Geben Sie die Antworten bitte über das CME-Portal ein: <http://cme.springer.de>

Per Fax oder Brief eingesandte Antworten können nicht berücksichtigt werden.

Die Lösungen der Zertifizierten Fortbildung aus Ausgabe **5/03** lauten:

1d, 2d, 3c, 4c, 5d, 6c, 7c, 8d, 9a, 10c.

8. Welche Aussage zur Identifikation unbekannter Leichen ist falsch?

- a) Unbekannte Leichen kann man mittels DNA-Analytik auch nach Jahren postmortaler Liegezeit noch identifizieren.
- b) Am schlechtesten konserviert ist die DNA in Knochen und Zähnen.
- c) Die Identität kann oft mit hoher Wahrscheinlichkeit durch die genetische Zuordnung naher Verwandter abgesichert werden.
- d) Es besteht die Möglichkeit der Identifikation über zelluläre Antragungen an Zahnbürsten oder Kämmen.
- e) Über mumifiziertes Weichgewebe kann eine Typisierung erfolgen.

9. Welche Aussage zu Verkehrsunfällen ist falsch?

- a) Bei Trunkenheitsfahrten nicht angeschallter Personen kann eine Zuordnung des Fahrzeugführers über eine DNA-Analyse durchgeführt werden.
- b) Für die Zuordnung des Fahrzeugführers wird biologisches Material wie Blutspuren oder Hautepithelzellen verwendet.
- c) Ausgerissene Haare eignen sich nicht für eine vergleichende Zuordnung.
- d) Airbags werden als wichtige Spurenräger in die Untersuchung mit einbezogen.
- e) Bei angefahrenen oder überfahrenen Verkehrsunfallopfern mit anschließender Fahrerflucht kann eine individuelle Zuordnung des Spurenusters am möglichen Fahrzeug zum Geschädigten durchgeführt werden.

10. Welche dieser Aussagen zur DNA-Typisierung ist richtig?

- a) Short-Tandem-Repeat-Systeme sind nicht geeignet für eine DNA-Typisierung.
- b) Bei einer forensischen DNA-Untersuchung darf nur kodierende DNA typisiert werden.
- c) Alle 8 in Deutschland verwendeten DNA-Systeme sind auch in anderen Ländern Bestandteil der forensischen DNA-Typisierung.
- d) Für die Berechnung der Übereinstimmungshäufigkeit einer tatverdächtigen Person muss die jeweilige Allelhäufigkeit der relevanten ethnischen Hauptgruppe berücksichtigt werden.
- e) Zigarettenkippen können nicht zur DNA-Typisierung herangezogen werden.

Hier steht eine Anzeige
This is an advertisement



Springer

54 x 240 mm)