



21.03.2017

Transkript

„DNA-Profilung und die Wissenschaften: Wie weit kann die erweiterte DNA-Analyse gehen?“

Experten auf dem Podium

► **Prof. Dr. Amade M'charek**

Department of Anthropology, University of Amsterdam, Amsterdam (NL)
und Gründerin des Studiengangs "Forensic Science", dem ersten seiner Art in den Niederlanden

► **Prof. Dr. Barbara Prainsack**

Department of Global Health & Social Medicine, King's College London, London (UK)
und Mitglied der Ethikgruppe der britischen DNA-Datenbank, UK National Criminal Intelligence DNA Database

► **Prof. Dr. Lutz Roewer**

Leiter der Abteilung Forensische Genetik, Institut für Rechtsmedizin, Charité, Berlin

► **Prof. Dr. Peter M. Schneider**

Vorsitzender der Gemeinsamen Spurenkommission der rechtsmedizinischen und kriminaltechnischen Institute
und Leiter der Abteilung Forensische Molekulargenetik, Institut für Rechtsmedizin, Uniklinik Köln, Köln

► **Franziska Badenschier**

Redakteurin für Medizin und Lebenswissenschaften, Science Media Center Germany,
und Moderatorin dieser Veranstaltung

Audio-Mitschnitt

Einen Audiomitschnitt im .wav-Format finden Sie in der Dropbox des SMC unter
<http://bit.ly/2nN7pqC> .



Transkript

Moderatorin: (00:00):

Herzlich Willkommen zum Press Briefing des Science Media Center Germany. Heute zu dem Thema „DNA-Profilung und die Wissenschaften: Wie weit kann die erweiterte DNA Analyse gehen?“. Mein Name ist Franziska Badenschier, ich bin Medizinredakteurin beim SMC und ich werde Sie heute ein bisschen durch die Veranstaltung hier begleiten.

Ich würde Sie ganz gerne vorab um eines bitten: Machen Sie Ihre Handys bitte aus.

Und ganz kurz noch ein paar einleitende Worte. Dass wir mit Hilfe von DNA-Spuren Verbrecher finden können, das wissen wir durchaus aus dem fiktiven Leben. Wir gucken alle irgendwie den „Tatort“ am Sonntag, wir lesen Krimis, aber im realen Leben funktioniert das ja auch. Bisher dürfen die Rechtsmediziner und forensischen Genetiker zwei Dinge bestimmen. Das eine ist das Geschlecht, und das andere ist ein sogenanntes Identifizierungsmuster. Das ist ein Muster von Abschnitten im Erbgut, und das wird dann mit anderen Mustern verglichen. Und das Ganze sagt aber eben nichts darüber aus, was vielleicht die Augenfarbe ist von einem Täter, welche Erbkrankheiten man hat oder eben auch anderes. Das heißt: Bisher sind es sogenannte nicht codierende Abschnitte, die untersucht werden. Es gibt jetzt aber die Idee, auch einen politischen Vorstoß, dass bei der DNA-Analyse bei Ermittlungen, das Ganze vielleicht ausgeweitet werden soll. Das heißt man möchte jetzt schauen, wenn man einen Täter sucht: Welche Augenfarbe hat diese Person, welche Haarfarbe, welche Hautfarbe? Woher kommt diese Person? Also die sogenannte biogeografische Herkunft. Dass das nicht unbedingt was mit dem Geburtsort dieser einen Person oder mit der Nationalität, der Staatsangehörigkeit mit dieser Person zu tun hat, werden wir heute noch hören.

Das ist eine durchaus oder gar nicht mal so sehr neue Methode der DNA-Analyse. DNA-Analysen gibt es ja durchaus schon seit ein paar Jahrzehnten. Und diese eine Methode wird im Englischen „Forensic DNA Phenotyping“ genannt. Man kann das vielleicht ganz grob so übersetzen: Aus der DNA, aus dem Genotyp, wird das Erscheinungsbild, der sogenannte Phänotyp. Und das Ganze nutzt man für forensische Zwecke, also um Kriminalfälle zu untersuchen und aufzuklären. Und es gibt jetzt eben eine Gesetzesinitiative vom Land Baden-Württemberg, dass beim Bundesrat eingereicht wurde. Bayern ist dem auch schon beigetreten. Und der Anlass war, dass ein vermutlich aus Afghanistan stammender Flüchtling eine Medizinstudentin in Freiburg ermordet haben soll.

Heute, ich glaube so viel darf ich zumindest verraten, gab es dazu eine Expertenanhörung beim Bundesjustizministerium. Die war allerdings nicht öffentlich. Aber ich glaube, wir können davon ausgehen, dass das Thema bei der Bundesjustizministerkonferenz auf die Agenda kommt. Auf alle Fälle auf das politische Parkett. Und was man so vor und auch ein bisschen hinter den Kulissen mitbekommt – das ist zumindest mein Eindruck: Dass es manchen Politikern nicht schnell genug gehen kann und manchen Wissenschaftlern nicht langsam genug. Und manch einer von Ihnen hat das vielleicht auch gehört: Da gibt es zum Beispiel von ein paar Wissenschaftlern aus Freiburg einen Offenen Brief und ich möchte mal den Schlusssatz zitieren: „Wer behauptet DNA-Analysen in der polizeilichen Ermittlungsarbeit seien einfach, trivial, zuverlässig, unproblematisch und eindeutig, und damit impliziert die Technik bedürfe keiner sozialen, ethischen und rechtlichen Eingrenzung, der irrt nicht nur, er handelt unverantwortlich.“

Also Sie merken schon: Es ist ein politisches Thema, aber es ist eben auch ein wissenschaftliches Thema.

Und deswegen veranstalten wir eben heute dieses Press Briefing vom Science Media Center, das heißt von Wissenschaftsjournalisten, mit Wissenschaftlern, für Journalisten, für Sie hier und auch für die Kollegen, die uns über den Live-Stream per Voice Republic folgen. Wir haben den Ort auch, hoffe ich, passend gewählt. Wir sind hier in der Hörsaalruine des Medizinhistorischen Museums der Charité in Berlin und damit auch vis-à-vis zum politischen Berlin.



Was aber viel wichtiger ist, das sind die Experten, die hier neben mir sitzen und die möchte Ihnen gerne ganz kurz vorstellen.

Wir haben Frau Professor Dr. Amade M'charek von der University of Amsterdam. Sie ist, was man vielleicht sieht oder nicht, aus der DNA oder wie sie hier so vor uns sitzt, Anthropologin in den Niederlanden, aber geboren in Tunesien. Ihr Schwerpunkt ist Forensik, genetische Vielfalt und Rassen, und Sie hat den allerersten Masterstudiengang forensische Wissenschaften in den Niederlanden gegründet. Und vielleicht, weil Sie in Tunesien geboren ist, hat Sie dunkelbraune Augen und dunkelbraune Haare. Vielleicht auch nicht. Das können wir gleich noch klären.

Dann haben wir Professor Dr. Lutz Roewer. Er leitet die Abteilung forensische Genetik am Institut für Rechtsmedizin der Charité. Er ist Rechtsmediziner, hat braune Augen und sagt über sich selbst: „Meine Haare waren mal dunkelbraun und trotzdem bin ich ein Nordeuropäer.“

Wir haben außerdem hier auf dem Panel: Barbara Prainsack vom Kings College London. Professor Doktor – ich habe bei allen die Titel bisher genannt, entschuldigen Sie. Politikwissenschaftlerin und Bioethikerin in Großbritannien, aber geboren in Österreich. Mit den Schwerpunkten soziale und ethische Dimensionen von Biomedizin und Forensik. Und sie ist außerdem Mitglied der Ethikgruppe der nationalen DNA-Datenbank in Großbritannien. Sie hat blaue Augen und braune Haare.

Und last but not least: Professor Dr. Peter M. Schneider. Er ist der Leiter der Abteilung Forensische Molekulargenetik am Institut der Rechtsmedizin der Uniklinik Köln und außerdem Vorsitzender der Gemeinsamen Spurenkommission der rechtsmedizinischen und kriminaltechnischen Institute. Er hat braune Augen und sagt von sich selbst: leicht angegrautes Haar.

Vielen Dank, dass Sie alle heute hier sind, auch an dem langen Tag. Und alle Experten werden ein ganz kurzes Input-Statement geben, bevor wir dann zu den Fragen der Journalisten kommen.

Und ich würde gerne anfangen mit Herrn Schneider, der uns ein bisschen aus dem Alltag der Rechtsmedizin von genetischen Forensikern berichten wird und vielleicht auch skizzieren kann, wie das DNA-Profilung in Zukunft aussehen könnte, wenn das Gesetz – so, wie es jetzt vorgeschlagen wird oder so ähnlich – durchgeht. Sie haben das Wort.

Peter M. Schneider: (06:19)

Ja. Vielen Dank für die freundliche Einführung. Und es ist natürlich schwer, sozusagen einen Rahmen abzustecken, weil: Es gäbe viel zum Thema zu sagen. Grundsätzlich ist es natürlich so, dass – auch wenn der Anlass zunächst einmal eine sehr schlimme Straftat war und ich der Meinung bin, dass man natürlich das immer unbedingt als Aufhänger nehmen sollte, solche Dinge voranzutreiben – können wir die Diskussion, wie sie jetzt im Raum steht, nicht wegdenken und ungeschehen machen. Und von daher sollten wir uns damit intensiv auseinandersetzen.

Die Gesetzinitiative, die jetzt von Baden-Württemberg für den Bundesrat eingebracht wurde, sieht vor, dass bestimmte äußere Körpermerkmale – und zwar ganz gezielt, die Hautfarbe, die Haarfarbe und die Augenfarbe sowie das Alter einer Person – Gegenstand polizeilicher Ermittlungsarbeiten gemacht werden sollen. Und es gibt eine weitere Eigenschaft, nämlich die sogenannte biogeografische Herkunft – was das ist, sage ich gleich noch; im Prinzip also die Frage, wo jemand seine genetischen Wurzeln hat, das kann man vielleicht etwas einfacher damit umschreiben – auch mit in diese Initiative einzubeziehen. Das Land Bayern hat sich dafür stark gemacht, dass diese Eigenschaft auch mit sozusagen Bestandteil dieser Änderung sein soll. Die Frage, die ich jedoch stellen möchte, ist: Macht es Sinn, die Strafprozessordnung sozusagen ad hoc für sozusagen einzelne Eigenschaften zu modifizieren und dabei vielleicht das große Ganze aus dem Auge zu verlieren? Mir persönlich wäre eine nachhaltige Regelung, die auch über längere Zeit Bestand hat, die auch klare Grenzen zieht, zwischen dem, was gestattet ist, und zu dem Bereich, der sozusagen der persönlichen Privatsphäre, dem Datenschutz, unterworfen sein sollte, ob man dieses nicht etwas weitsich-



tiger und nachhaltiger definieren sollte. Und das braucht sicherlich ein bisschen Zeit. Und diese Zeit sollten wir uns auch nehmen.

Nichts destotrotz hat natürlich dieser Fall in Freiburg dazu geführt, dass es diese öffentliche Diskussion gab. Ich weiß nicht, warum gerade bei diesem Fall, dieses Thema hochgekommen ist, weil aus so meiner Sicht der überhaupt nicht dafür geeignet war. Aber das ist eine ganz andere Frage. Sie wissen, wie das ist: Wenn die Diskussion erstmal losgetreten ist, dann diskutieren natürlich alle mit. Und auch das war der Grund, weswegen wir als Spurenkommission uns entschieden haben, hier eine eigene Stellungnahme zu veröffentlichen, weil viele Dinge, die in der Presse von interessierten Parteien geäußert wurden, was man alles Tolles mit dieser erweiterten DNA-Analyse machen kann, eben keinerlei wissenschaftliche Grundlage hatte. Und wir versuchen wollten, in unserer Stellungnahme auch vielleicht ein bisschen wieder auf die Fakten uns zurückzuziehen und auch ein bisschen bescheidener aufzutreten. Nicht alles das, was man gerne möchte, kann man auch tatsächlich machen. Und wir haben heute im Justizministerium genau diese Themen besprochen. Und zwar genau mit den Schwerpunkten: einmal die genetische Herkunft eines Menschen, dann bestimmte äußere Körpermerkmale, die alle mit der Pigmentierung – also Farbe von Haut, Haare, Augen – zu tun haben. Und auch mit dem aus meiner Sicht heute ein bisschen zu kurz gekommenen Thema der Vorhersage des biologischen Alters, das in gewisser Weise mit dem chronologischen Alter korreliert ist und wo es also in einem bestimmten Bereich eine sehr gute lineare Abhängigkeit gibt, die man für Ermittlungszwecke aus meiner Sicht sehr gut nutzen könnte.

Ja, die genetische Herkunft ist dadurch bestimmt, dass wir, die Menschen, nachdem irgendwelche Vorfahren vor 70.000 bis 80.000 Jahren beschlossen haben, aus Afrika heraus die Welt zu erobern, dann sich über den Erdball nach und nach verteilt haben, und dass in diesem Laufe dieser Wanderung immer wieder genetische Veränderungen aufgetreten sind. Und diese haben dann nur die Teile der Bevölkerung betroffen, die dann die Nachkommen dieser Menschen waren, so dass sich also über die Zeit eben Unterschiede ausgebildet haben aufgrund von spontanen Veränderungen im Erbgut, aber auch aufgrund von Selektionseffekten, die damit zu tun haben, dass man andere Klimazonen erobert, dass man andere Expositionen zum Sonnenlicht hat. Dass das dazu geführt hat, dass wir alle, die mal schwarz gewesen sind, immer hellere Haut bekommen haben, damit wir unseren Vitamin-D-Stoffwechsel sozusagen in Betrieb halten können, sind alles solche Dinge, die da mit eine Rolle spielen. Man kann nun, wenn man diese Merkmale geschickt kombiniert und auswählt, anhand solcher genetischer Merkmale mit einer einigermaßen guten Sicherheit vorhersagen, wo eine unbekannte Person sozusagen seine genetischen Wurzeln hat, wo er sozusagen biogeografisch einzuordnen ist. Das sind jetzt keine Ländergrenzen oder Städte oder Dörfer: Das sind wirklich kontinentale Regionen. Im Moment sprechen wir nur über die kontinentale Herkunft eines Menschen. Wir sind nicht in der Lage, zumindest mit den Werkzeugen, die wir forensisch validiert haben, eine Binnendifferenzierung zu treffen, die wirklich uns mit absoluter Sicherheit sagt, ob jemand jetzt aus Nord-, Süd- oder Osteuropa kommt. Da gibt es zwar Werkzeuge für, aber die gewisse Einschränkungen haben.

Und letztendlich muss man natürlich überlegen: Wenn man ein Gesetz ändert, wie kann man die Dinge so formulieren, damit sie auch verständlich und für alle nachvollziehbar eingesetzt werden können? Eine zweite große Beschränkung ist die Tatsache, dass wir ja hier uns in einem polizeilichen Ermittlungsverfahren bewegen. Das heißt wenn wir eine normale Straftat haben – sagen wir mal: Ein Mord ist geschehen; es gibt an der Leiche Spuren, die darauf schließen lassen, dass es sich hier um Täterspuren handelt. Dann ist es natürlich so, dass man zunächst immer einmal die klassische Ermittlung durchführt, das heißt man erhebt das sogenannte DNA-Profil. Und wenn es sonst keinerlei Hinweise auf Tatverdächtige gibt, dann wird dieses DNA-Profil in der DNA-Datenbank beim Bundeskriminalamt abgespeichert und wird dort recherchiert. Und wenn es dort einen Treffer gibt, dann hat man auf jeden Fall einen heißen Kandidaten als möglichen Tatverdächtigen. Wenn es jedoch keinen Treffer gibt und auch die andere Ermittlungsarbeit ins Leere läuft, dann ist die Frage: Was macht man mit dieser DNA-Information? Sie ist letztendlich wertlos. Man kann natürlich warten, ob irgendwann in vier, fünf, sechs oder acht Jahren eine Person in die Datenbank gerät, die



dann sozusagen retrospektiv diese alte Tatortspur trifft. Das ist auch schon in vielen Fällen geschehen, aber das dauert natürlich.

Und deswegen hat man eben überlegt: Kann man die Ermittlungsarbeit befördern, indem man in solchen Fällen, wo alle anderen Ermittlung nicht weiterführen, solche personenbezogenen Informationen aus der DNA herausliest? Das bedeutet, man muss den sogenannten nicht-codierenden Teil der DNA, dem das DNA-Profil zuzuordnen ist, verlassen und sich in den codierenden Teil bewegen, wo viele dieser populationsspezifischen Marker lokalisiert sind, auszulesen und zu typisieren. Das erfordert eben von daher schon eine Änderung in der gesetzlichen Grundlage. Und wenn man das dann tut, kann man versuchen, sozusagen der Polizei eine Hilfestellung zu geben, in welche Richtung ihre Ermittlungen bevorzugt laufen sollten: Prioritäten zu setzen, in Bezug auf bestimmte Personen, europäische Herkunft oder afrikanischer Herkunft oder wo auch immer sie nun herkommen mögen. Oder auf bestimmte äußere Körpermerkmale: Hautfarbe, Haarfarbe, Augenfarbe sind hier Beispiele, die zurzeit für die forensische Anwendung validiert sind.

Und da ist auch das zweite Problem. Das Spurenmaterial ist in Regel begrenzt, das heißt wir können nur so viel untersuchen, wie wir auch DNA haben. Das heißt, nicht alle Fälle sind von vornherein dafür geeignet. Das heißt, wir haben also einmal die Fragestellung der polizeilichen Ermittlungen, des Datenbankabgleichs und drittens das Materialproblem. Also wir können es nur dann machen, wenn wir ausreichend Material haben und wir mit den Tests, die wir haben, auch ein belastbares Ergebnis bekommen. In diesem Spannungsfeld bewegen wir uns. Ich will jetzt auch nicht zu viel Redezeit nehmen, weil es noch mehr Themen gibt, die wir besprechen müssen, aber ich bin sicher, dass wir zu den ganzen Dingen auch viele Fragen noch haben werden.

Moderatorin: (14:25)

Vielen Dank, Herr Schneider.

Dann springen wir auch direkt weiter zu Frau M'charek. Also die Idee ist, dass wir jetzt ganz kurz die Input-Statements hören und dann die Fragen der Journalisten. Sie werden uns was erzählen aus den Erfahrungen aus den Niederlanden.

Amade M'charek: (14:40)

Genau. Danke schön. Da es mein erster öffentlicher Vortrag auf Deutsch ist, habe ich das aufgeschrieben, damit mir die Worte nicht davonfliegen, so gesagt. Und ich werde das dann vorlesen. Und es entspricht so ein bisschen dem, was Herr Professor Schneider gerade gesagt hat. Also.

In 2003, 14 Jahre her, wurde in den Niederlanden die Gesetzgebung verabschiedet, die es möglich macht, äußerliche, wahrnehmbare Merkmale eines unbekanntes Verdächtigen genetisch zu bestimmen. Anlass hierfür war ein schwerwiegendes Sexualdelikt mit Mordfall in Nordfriesland im Jahre 1999. Der Fall Marianne Vaatstra. Ein junges Mädchen feierte Königinndag und radelte danach nach Hause. Kommt aber nicht an. Das Fahrrad und ihre entstellte Leiche werden am nächsten Morgen auf einer Wiese gefunden im benachbarten Dorf. Der Fall löst große gesellschaftliche Anteilnahme und Unruhe aus. Der öffentliche Verdacht fällt direkt auf ein benachbartes Flüchtlingsheim. Der Volkszorn äußerte sich in zunehmend gewalttätigen Übergriffen auf die Flüchtlinge, die da lebten. Um die öffentliche Ruhe wiederherzustellen, ordnete der Staatsanwalt zum ersten Mal einen neuen DNA-Test an, zur geografischen Herkunft dieses unbekanntes Täters. Das war im Jahr 2000 illegal, weil ohne jegliche Rechtsgrundlage. Das DNA-Ergebnis deutete auf eine nordeuropäische Abstammung des Täters und nicht des Mittleren Ostens, wo die meisten Asylbewerber herkamen. Die Ruhe kehrte wieder ein. Das Verfahren war zwar illegal gewesen, aber es hatte sich bewiesen und führte direkt zu dieser Gesetzgebung von 2003. Die Auflösung des Falles jedoch sollte 13 Jahre dauern. Der Täter war ein Bauer aus der Nachbarschaft, Jasper S. . Die heutige niederländische Gesetzgebung aus 2003 erlaubt den genetischen Test nach geografischer Herkunft



und Augenfarbe. Der Test der Augenfarbe steht seit 2009 zur Verfügung, ist aber noch nie verwendet worden. Der Test auf Haarfarbe befindet sich noch im Gesetzgebungsverfahren. Der Test auf – das war Haarfarbe, genau. Und Hautfarbe ist im Labor erprobt, vom Gesetzgeber wird er aber noch nicht behandelt. Laut Ministerium ist das Validierungsverfahren noch nicht abgeschlossen. Und biologisches Alter ist überhaupt kein Thema bei uns. In der Praxis wird damit ausschließlich auf geografische Herkunft getestet.

Die Situation in den Niederlanden unterscheidet sich damit deutlich vom vorliegenden deutschen Gesetzentwurf. Trotzdem kann die niederländische Praxis uns einiges sagen über die Effizienz und Auswirkung der deutschen Gesetzesinitiative. Jährlich werden in den Niederlanden rund 50.000 Anfragen auf reguläre DNA-Tests eingereicht. Nur etwas zehn, ja, zehn, Anfragen richten sich dabei auf äußerliche Merkmale, auf die geografische Herkunft. Die wenigen Anträge stehen am Ende der klassischen Ermittlungsarbeit und ausschließlich dann, wenn alle anderen Möglichkeiten ausgeschöpft sind. Sie sind nur zulässig in Ermittlungen bei schwerwiegenden Fällen wie Mord, Totschlag und Sexualdelikten sowie zur Identifizierung von Findelkindern und Babyleichen.

Warum diese Restriktionen? Weil diese Art DNA-Test nicht einen individuellen Verdächtigen projiziert, also ein Individuum, sondern eine verdächtige Gruppe, eine Population. Braune Augen, schwarzes Haar, dunkle Haut ist kein Individuum. Genau so wenig wie blond, blauäugig und hellhäutig. Alle unschuldigen Mitglieder dieser so generierten Gruppe geraten in den Fokus polizeilicher Ermittlungsarbeit. Und da es sich um schwerwiegende Straftaten handelt, die die Gemüter erhitzen, besteht die große Gefahr der Stigmatisierung und Mobilisierung von Vorurteilen.

Die Technologie von äußerlich wahrnehmbaren Merkmalen wird gerne dargestellt als ein genetisches Phantombild. Am liebsten eines, das – via Medien verbreitet – schnell zu der Verhaftung des Täters führt. Die Wirklichkeit sieht allerdings anders aus. Es hat in den Niederlanden, mit Ausnahme des Marianne Vaatstra Falles, nicht eine einzige Veröffentlichung von genetischen Merkmalen von unbekanntem Verdächtigen gegeben. Diese Technologie wird also selten und diskret benutzt als internes, letztes Hilfsmittel, denn sie stellt einen weitreichenden Einbruch in die Privatsphäre größerer Gruppen unschuldiger Bürger dar. Das heißt: Anders als der vorliegende Gesetzesentwurf suggeriert, stellt diese Technologie kein Quick Fix am Anfang der Ermittlungen dar. Sie darf keinesfalls, meine Ansicht, frühzeitig zu einer Einschränkung der Ermittlungsrichtung führen. Denn die Risiken dabei sind: Diskriminierung, Tunnel-Vision schon zu Beginn der Ermittlungen und, nicht unwichtig, Aufbrauchen des oft beschränkten Spurenmaterial. Und wir wissen nicht, was die Technik morgen bringt oder möglich macht.

Der Marianne Vaatstra Fall hat nicht nur zwei wichtige Gesetze hervorgebracht: DNA-Test äußere Merkmale, aber auch DNA-Test familiäre Untersuchung, glaube ich, ja, auf Deutsch, Verwandtschaftsuntersuchungen. Sie hat auch das sogenannte Marianne Vaatstra-Drehbuch vorgebracht, das die Zusammenarbeit der verschiedenen Instanzen bei einer DNA-Reihenuntersuchung regelt. Und das ist wichtig. Generell hat der Fall Polizei und Forensik, Justiz und Gesetzgeber sensibilisiert für die weitreichenden gesellschaftlichen Folgen dieser Technologien. Das Feststellen von äußerlichen Merkmalen ist das Gegenteil von Routine, und die Interpretation der Ergebnisse ist hochkomplex. Eine enge Zusammenarbeit all dieser Akteure ist eine notwendige Voraussetzung für den sinnvollen Ansatz dieser Technologie.

Moderatorin: (22:33)

Ich danke Ihnen, Frau M'charek.

Dann springen wir auch direkt einen Platz weiter nach links zu Herrn Roewer, der uns auch etwas mehr über die wissenschaftlichen Grundlagen, Methoden der DNA-Analyse erzählen kann und auch noch vielleicht die einen oder andere anderen Anwendungsgebiete.



Lutz Roewer: (22:50)

Ja, vielen Dank. Also ich arbeite hier in diesem Haus. Ich bin hier der Lokalmatador. Ich bin fast 30 Jahre hier an der Charité, verantwortlich für die forensisch-genetische Analyse. Ich habe viele tausend Fälle im Labor untersucht, und 30 davon befassten sich mit der Herkunft. Der erste im Jahr 1994. Ich will auch zwei Fälle erwähnen.

Den ersten habe ich nicht selbst gemacht. Das ist nämlich genau der Vaatstra-Fall. Um das zu konkretisieren: 1999, die junge Frau, die umgebracht wurde und das Asylbewerberheim in der Nähe, oder das Heim mit Migranten, das handelt sich um asiatische Migranten, soweit ich weiß. Dieser Fall wurde untersucht mit dem sogenannten Y-Chromosom. Es wurde nämlich von einem Kollegen in Holland ein sogenanntes Y-chromosomales Profil gemacht für die Spuren. Es wurde festgestellt, dass eben die Herkunft, die Signatur des Y-Chromosoms, auf Nordeuropa hinweist und nicht auf Asien. Das konnte man damals schon machen und zwar mit einer Datenbank, die hier im Haus entstanden ist. Also bereits Ende der 90er Jahre.

Der zweite Fall, den ich kurz erwähnen will – er hat hier große Wellen geschlagen: der sogenannte Fall Sereda. Wieder eine Frau, die ausgeraubt und ermordet wurde. Die einzige Spur – eine Fremdspur – war unter den Fingernägeln zu finden. Interessant an dem Fall: dass wieder eine asiatische Spur gelegt wurde. Es wurde nämlich mit Lippenstift auf die Beine, die Strumpfhosenbeine der Frau geschrieben: „Respectez Asia“, also eine französische Phrase, die eine asiatische Spur legen sollte. Wir haben das Y-Chromosom untersucht, was die einzige Möglichkeit war, aus der Mischung der Zellen, die von dem Opfer stammten und den Fremdzellen eines Mannes: Es ging nur mit dem Y-Chromosom. Das heißt mit dem Abfallprodukt quasi dieser Untersuchung stellten wir fest, dass es eine afrikanische Signatur ist; und wir haben die Polizei darüber informiert. Dieser Fall blieb zwei Jahre unaufgeklärt, bis in Frankreich eine Person festgenommen wurde, die inzwischen – und zwar bei einem Mordversuch – festgenommen wurde und gestand auch den Berliner Fall, einen weiteren Mord gestand, also einen versuchten, zwei Morde. Diese Person war aus Martinique. Wir konnten im Nachhinein feststellen, das heißt das haben wir schon damals gesehen, aber später konnten wir es noch deutlich feststellen, dass also alle Übereinstimmung dieser Signatur aus den Fingernägeln war einer afrokaribischen und afroamerikanischen Population, nicht in Westafrika. Offensichtlich gibt es also sogar eine Möglichkeit, Signaturen festzustellen oder zuzuordnen, die schon einer Auswanderungspopulation zugehören. Das haben wir nicht gesagt. Wir haben „afrikanisch“ gesagt, aber interessant bleibt es doch.

Ich will damit darauf hinweisen, dass es mehrere Methoden, wissenschaftliche Methoden zur Herkunftsbestimmung – ich benutze dieses Wort „biogeografisch“ gar nicht so gerne. Ich spreche immer von Herkunft, unter anderem deshalb, weil dieses Y-Chromosom, das wir hier untersuchen, vor allem sich zu Sprachen verhält. Also die Häufigkeit der Signaturen sind vor allem mit Sprachgruppen korreliert. Das müsste man fast in einer biolinguistischen Herkunft, also biolinguistischen Herkunftsanalyse sprechen. Das tue ich nicht. Ich spreche lieber gleich von Herkunft.

Es gibt aber andere Methoden. Das erste – die Erstanalyse, die wir 1994 gemacht haben – war zum Beispiel der HLA-Lokus, ein DNA-Lokus, der mit der Immunantwort zu tun hat und auf sehr viele Antigene reagieren muss, in verschiedenen Populationen unterschiedlich, und deshalb extrem variabel und auch sehr unterschiedlich in verschiedenen Weltpopulationen. Also es gibt verschiedene Ansätze, verschiedene Möglichkeiten. Mitochondriale DNAs [ist] eine weitere. Also hier wird sich die Wissenschaft noch einigen müssen, was dann am Ende angewendet wird.

Ich denke, dass Biogeografie oder Herkunft wichtiger ist als die Farben, für die Polizei. Das sage ich aus Erfahrung, sage ich mal aus Erfahrung. Und wir werden sehen, wie das Gesetz, wenn es denn kommt, aussieht. Auf jeden Fall sollte diese Herkunftsanalyse – ich glaube, da bin ich mir mit meinen Vorrednern einig: Wenn was kommt, dann sollte auch eine Erweiterung berücksichtigt werden. Vielen Dank.



Moderatorin: (27:38)

Ich danke Ihnen, Herr Roewer.

Und dann haben wir schließlich noch Barbara Prainsack, die uns ein paar Gedanken erläutern wird, welche ethischen und sozialen Konsequenzen eine erweiterte DNA-Analyse vielleicht mit sich bringen kann. Und zwar nicht nur für die Straftäter, sondern für die Gesellschaft, für die Bevölkerung im Allgemeinen.

Barbara Prainsack: (27:58)

Also es ist natürlich schwierig, über Konsequenzen einer Technologie zu sprechen, die nicht weitflächig angewendet wird. Und ich glaube, wie meine Vorrednerin und meine Vorredner bereits gezeigt haben, ist diese weitflächige Anwendung, erstens nicht sinnvoll und [zweitens] von vielen Leuten auch nicht gewünscht; das muss man ganz deutlich sagen. Aber einen Schritt zurück.

Es gibt, das kann man auch generell sagen, es gibt keinen Gentest für Rasse, auch wenn das manchmal im Internet, in Blogs, in Medien so vermittelt wird. Also Rasse als solches hat kein genetisches Substrat. Es gibt kein Charakteristikum, das alle Norwegerinnen und Norweger haben und alle Holländerinnen und Holländer nicht. Insofern gibt es regionale Cluster, wie bereits auch mein Vorredner gesagt hat, mit genetischer Proximität. Also Menschen, die sozusagen bestimmte Eigenschaften häufiger haben, weil sie näher miteinander verwandt sind. Das kann man auch genetisch testen. Zusätzlich wird beim jetzigen Gesetzesentwurf auch ein bisschen überlegt, Tests für Pigmentierung, die wissenschaftlich relativ gut validiert wurden, also Hautfarbe, Augenfarbe und Haarfarbe, mit einzuschließen. Es wird sehr häufig betont, dass die Niederlande, wie wir auch von Amade M'charek gehört haben, die Niederlande eine Sonderstellung innehaben. Und das haben sie eindeutig, weil die Niederlande explizit die Verwendung solcher Informationen und die Gewinnung solcher Informationen erlaubt haben.

Man muss allerdings unterscheiden zwischen Ländern, die ein ausdrückliches Verbot der Analyse bezüglich dieser Eigenschaften haben, was die Einspeicherung der Daten in die zentralen Datenbanken betrifft, und das, was sozusagen in der Tatortarbeit, in der Kriminalistik passiert. Es gibt kein Land außer den Niederlanden oder es gibt kein Land, das im Moment die Speicherung und die systematische Suche von Informationen vorschreibt oder auch erlaubt, die über diese nicht codierenden STA-Profile, wie wir sie kennen, hinausgehen. Es gibt aber doch einige Länder, wo in der Einzelfall-Tatortarbeit solche Informationen verwendet werden beziehungsweise verwendet werden können. Beispiel Schweden, Beispiel Spanien und auch Frankreich. Also hier muss man unterscheiden zwischen Informationen, die in der Datenbank eingespeichert sind und so verwendet werden und auf die auch Argumente, wie „Wir sind alles gläserne Menschen“ abzielen, und anderen Argumenten, wo man wirklich – und das haben wir auch von Herrn Roewer sehr gut gehört, in Einzelfällen, und auch von der Frau M'charek und von Herrn Schneider – in Einzelfällen solche Informationen verwendet oder verwenden möchte, um Fälle aufzuklären, in denen es großes öffentliches Interesse gibt. Und wo man auch sagen könnte: Das wäre sicher, wenn wir über die Rechtssetzung sprechen, ein wichtiges Kriterium, wo man auch sagen könnte, es handelt sich hier um eine verantwortungsvolle Verwendung öffentlicher Gelder.

Es ist sicher nicht eine verantwortungsvolle Verwendung öffentlicher Gelder, wenn wir sagen: Bei allen Einbruchsdiebstählen nehmen wir alle DNA, die wir finden können, und schauen mal, welche regionalgenetische Herkunft – das ist mein Wort –, welche regionalgenetische Herkunft diese Personen haben. Das schlägt auch niemand, der ernst zu nehmen ist, vor. Also ich kenne überhaupt niemanden, der das vorschlägt. Das ist, glaube ich, ganz wichtig, das auseinander zu halten, so wie wir das bereits gehört haben. Es geht darum, das als letzten Ausweg zu verwenden, und darüber sollten wir sprechen.



Ganz kurz, welche Argumente gibt es für eine Ausweitung? Leute führen ins Treffen, das ist jetzt vielleicht eine Frage für die Expertinnen und Experten unter uns, dass diese Trennlinie zwischen codierender und nicht codierender DNA ja ohnehin mit Massive Parallel Sequencing, also mit den neuen Sequenziermethoden, vielleicht noch mehr auflösen [wird], als sie es bisher schon getan hat. Es gibt natürlich auch das öffentliche Interesse, dass in Fällen, wo es keine anderen Hinweise gibt, wie wir das bereits gehört haben, es ratsam scheinen lassen, einen Test anzuwenden auf Spurenmaterial, das ja keiner Person zugeordnet ist. Darum geht es im Gesetzesentwurf in Deutschland. Es geht nicht darum, Spurenmaterial zu untersuchen, dass bereits einen Beschuldigten oder einer anderen bekannten Person zuzuordnen ist. Damit ist auch die Frage des Eingriffs in Persönlichkeitsrechte, in meinen Augen, nicht ganz eindeutig geklärt. Also das ist glaube ich etwas, was wir noch weiter diskutieren müssen. Die herrschende Lehre ist sich hier auch nicht einig oder es gibt hier abweichende Rechtsmeinungen.

Zu den Argumenten dagegen, gegen eine Ausweitung. Natürlich ist es ein wichtiges Argument, dass man fürchtet, es könnte zur Festschreibung und Fortpflanzung rassistischer Stereotypen führen. Es kann Stigmatisierung geben, weil: Wenn der genetische Test sozusagen im Labor für Augenfarbe und Hautfarbe stattfindet, könnte das ja schnell, wenn es nach außen in Gesellschaft dringt, zu einer nationalen Zuschreibung werden, was natürlich ein genetischer Test niemals testen kann. Das ist sicher ein Problem, das man ernst nehmen muss.

Es gibt dann auch das Argument, dass es ja auch bei Zeugenaussagen solche rassistischen Zuschreibungen gibt und dass das weniger streng geregelt ist. Hier muss man aber auch fairnesshalber sagen, dass natürlich [eine] Information, die sozusagen wissenschaftlichen Anspruch stellt und aus dem Labor kommt, von vielen Leuten ernster genommen wird, als wenn da ein Zeuge kommt oder eine Zeugin, wo man ja weiß, dass Menschen fehlerbar sind. Das ist ein Effekt; den kennt man auch aus Funk und Fernsehen als den CSI-Effekt. Es gibt auch wissenschaftliche Studien dazu, dass selbst Leute, die – also die meisten Studien in den USA – Laienrichterinnen und Laienrichter und Richterinnen und Richter selbst glauben, dass die eine DNA-Information wahrer ist oder besser oder stärker als andere Informationen. Und unsere eigene Forschung mit meiner Kollegin Helena Machado: Wir haben Gefangene interviewt in Portugal, in Österreich, und wir finden das dort auch. Also wir finden den CSI-Effekt sogar im Gefängnis.

Der letzte Punkt, ein weiterer Grund, der gegen die Ausweitung ins Treffen geführt wird. Die Leute verstehen die Information nicht, weil, wenn sie sozusagen wie ein herkömmliches STA-Profil haben, das was wir herkömmlich als DNA-Profil kennen, dann wird das als – es ist natürlich keine binäre Information, die man bekommt. Es ist nicht: Ja, das ist ein Treffer oder nicht. Aber so wird es verwendet sehr häufig. Und hier sind wir natürlich bei der regionalgenetischen Herkunft. Bei Augenfarben, Haarfarben und Hautfarben, kriegen wir überhaupt keine binäre Information. Wir kriegen Prozente, wir kriegen Wahrscheinlichkeiten. Und hier lautet ein Argument, dass viele Menschen damit nicht umgehen können und Kriminalbeamte und Polizeibeamte schon gar nicht. Ich glaube, dieses Argument ist ein erstzunehmendes Argument, in gewisser Weise auch problematisch, weil wir das auch aus der Gentest-im-Internet-Diskussion kennen, wo man die Fähigkeit von Leuten, mit probabilistischer Information umzugehen, stark unterschätzt und wo man auch die Zeitdimension unterschätzt. Also am Anfang ist es so, dass man eine Zeit braucht, um sich daran zu gewöhnen, aber Menschen können mit probabilistischer Information an und für sich ganz gut umgehen. Und hier gibt es natürlich den Auftrag auch zur öffentlichen Diskussion. Und dafür sind wir auch heute hier.

Moderatorin: (26:03)

Herzlichen Dank Ihnen allen für die Input-Vorträge und dass Sie hier sind.

Jetzt kommen wir endlich zu den Fragen der Journalisten. Trotzdem habe ich noch zwei, drei kurze Vorbemerkungen. Zum einen: Frau Prainsack muss uns leider schon um 19 Uhr verlassen, weil sie



zum Flieger muss. Und deswegen würde ich Sie alle bitten, sozusagen Fragen an Frau Prainsack nicht auf die lange Bank zu schieben. Dann haben wir ein Saalmikrofon hier. Und meine Kollegin Ute Bieringer ist schon bereit und kommt dann mit dem Mikrofon zu Ihnen. Geben Sie einfach ein kurzes Handzeichen. Und der dritte Punkt: Wir haben ja den Live-Stream, ich habe ihn schon kurz erwähnt. Deswegen an die Kollegen da draußen: Wenn Sie Fragen haben, schicken Sie einfach eine kurze E-Mail bitte an redaktion@sciencemediacenter.de. Meine Kollegin Marleen Halbach steht bereit und reicht mir dann die Fragen hier zu uns zum Panel.

Ihre Fragen, bitte.

Christina Sartori.

Christina Sartori: (37:00)

Danke schön. Christina Sartori für den WDR.

Ich würde einmal gerne wissen, warum es nicht schon früher so eine Gesetzesinitiative gab oder von irgendeiner Seite her darum gebeten wurde, dass so etwas möglich ist. Waren das eher wissenschaftliche Gründe oder andere?

Und dann ist mir noch nicht ganz klar: Ist der Knackpunkt das mit dem codierend, nicht codierend? Also ist es so, dass man jetzt nur in nicht-codierende Abschnitte gehen darf und es auch nur tut? Und das würde – wenn man jetzt Augenfarbe, Haarfarbe und so was machen will – dann muss man in die codierenden Bereiche gehen?

Moderatorin: (37:38)

Wer möchte von Ihnen die erste Frage beantworten? Gab es schon Mal ähnliche rechtliche, politische Vorstöße? Und warum erst jetzt?

Lutz Roewer:

Also vielleicht kann ich kurz dazu sagen, dass ich glaube, das ist von beiden Seiten ganz gut gewesen. Vielleicht gab es Vorstöße, das weiß ich nicht. Es gab aber immer Vorstöße der Polizei, also die wollten immer das gerne schon wissen. Es gab aber auch seitens der Wissenschaft – so kann ich zumindest für uns sprechen – auch die Information, dass wir noch nicht soweit sind, dass wir da noch forschen müssen, dass wir im Grunde noch keine valide forensische. Also es geht immer um Forensik. Es ist ein angewandtes Fach mit ganz besonders starken Kontrollmechanismen, die wir einhalten müssen. Das muss ja alles möglicherweise auch vor Gericht standhalten. Man belastet Menschen mit schwersten Straftaten. Also das war auch beidseitig möglicherweise. Vielleicht lag es sogar an uns, dass wir dies auf die lange Bank geschoben haben. Denn man muss in die 90er Jahre, oder: Ende der 90er Jahre gab es gerade mal den Beschluss, dass man überhaupt DNA machen darf. Das war schon umstritten genug. Gläserner Mensch und so, die Diskussion kenne ich noch, Peter auch. Da war das schon viel und dann muss man erstmal ganz tief Luft holen und sich eine Weile zurücklehnen. Erstmal das in die Wege leiten. Wie gesagt immer klarer wurde, dass man solche Populationshinweise aus den normalen Analysen sogar schon kriegt. Und natürlich wurde geforscht. Es gibt zum Y wahrscheinlich Tausende Paper. Und es gibt Millionen Menschen, die solche Herkunftstest schon gemacht haben. Das heißt, es durchdringt alles.

Trotzdem würde ich sagen: Es ist spät, aber es ist nicht zu spät. Es ist auch die Erfahrung, dass eben einzelne Fälle die politische Diskussion dann auch dort steuern. Das hätte in Deutschland auch der ein oder andere Fall sein können. Vielleicht liegt es dann sogar an den Medien, dass die auch zurückhaltend genug waren und nicht gesagt haben: Wir müssen sofort diese Untersuchung ausweiten. Selbst das kann eine Rolle gespielt haben. Also das sind so ein paar Gründe. Richtig erklären



kann man es nicht. Es hätte genauso gut dieser eine Fall Sereda, von dem ich gesprochen habe, hier in Berlin, dazu führen können. Das entzieht sich jetzt meiner Kenntnis, warum es nicht genau so gelaufen ist wie in Holland, wo es dann ja auch relativ schnell, aber auch vier Jahre später, auch erst dann passiert ist. Und jetzt haben wir Freiburg. Vier Jahre später von jetzt, das wäre dann 2021.

Peter Schneider: (40:14)

Vielleicht noch zu codieren, nicht codieren: Das haben Sie ja auch gefragt.

Das ist sicher ein ganz gewichtiges Argument, weil die DNA Analyse war – ursprünglich hat sie sich immer in dem sogenannten nicht codierenden Bereich der DNA bewegt. Und dazu muss man wissen, dass ungefähr 98 Prozent des Humangenoms im Prinzip nicht codierend sind, wobei man keine klare Grenze ziehen kann. Das muss man auch dazu sagen. Diese juristische Unterscheidung, die sehr klar ist, lässt sich wissenschaftlich leider nicht so gut reflektieren. Und ich sehe da sehr viele Grauzonen, die man eben gar nicht genau beschreiben kann. Und wir lernen im Moment erst richtig, wie die Gene funktionell zusammenwirken und welche Rolle diese nicht codierenden Bereiche dabei eventuell spielen. Also was eben Regulation und Aktivitäten und solche Dinge betreffen. Und es war aber auch aufgrund der ursprünglichen Rechtsprechung des Bundesgerichtshofes, der schon sehr früh auf diese Unterscheidung abgehoben hat, dann so ein bisschen ein Dogma der Strafverfolgung, dass man sagt: Bloß nicht in den codierenden Bereich. Solange wir uns im nicht codierenden Bereich befinden, sind wir auf der sicheren Seite. Und wir können keine Rechte verletzen und können nichts falsch machen.

Und natürlich muss man auch dazu sagen, dass gerade dieses klassische DNA-Profil, was man jetzt heutzutage generell verwendet, genau für diese Zwecke im nicht codierenden Bereich besonders effizient ist, weil es eben eine enorme genetische Vielfalt gibt bei diesen Merkmalen, die man im codierenden Bereich nicht hat, weil der ja funktionell beschränkt ist, durch eben die Tatsache, dass eben nur bestimmte Variationen möglich sind und man ansonsten eben Krankheiten ausbrechen oder sonst irgendwas passieren kann. Also, weil natürlich in dem Moment, wo wir Dinge typisieren oder vorhersagen, die man von außen sehen kann, sind wir natürlich im Bereich der Gene. Wo sonst sollen wir uns bewegen?

Moderatorin: (41:58)

Frau Prainsack, Sie wollten was ergänzen.

Barbara Prainsack: (42:01)

Genau. Ergänzend dazu. Es ist, glaube ich, ganz wichtig festzuhalten, dass die Grenze zwischen codierend und nicht codierend nicht präzise ist wissenschaftlich. Und es hat eine politisch-rechtliche Funktion gehabt, weil die DNA-Analyse sich und die Regulierung und die Gesetzgebung zu DNA-Analyse sich traditionell – und ich meine jetzt von Beginn der 90er Jahre an – sich auf die Speicherung bezogen hat. Und dass in vielen Ländern es auch so ist.

Die einzige Rechtssetzung, die es zur DNA-Analyse in manchen Ländern gibt, betrifft die zentrale Speicherung in einer nationalen DNA-Datenbank. Und hier sagte man, dass, weil die codierende, um dieses Wort jetzt trotzdem zu gebrauchen, als kurzer Begriff oder als Symbolbegriff dafür, weil die codierende DNA Aufschluss geben kann über Krankheiten, über Intelligenz, was auch immer die Intelligenz misst sozusagen. Über Persönlichkeitsmerkmale. Deshalb wollen wir nicht, dass eine staatliche Organisation diese Information gespeichert hat. Daher kommt diese Unterscheidung zwischen codierender und nicht codierender DNA als politisch wichtige Grenzziehung, die immer schon auf die Einzelfallermittlung oder die Ermittlung im einzelnen Fall nicht zu stark angewendet



wurde oder nicht so klar angewendet wurde. Weil, wenn natürlich im codierenden Bereich, in bestimmten Gruppen, wie zum Beispiel unidentifizierten Leichen, schon seit längerer Zeit eingegriffen haben. Wir haben bereits in diese codierende DNA – wir haben die codierende DNA bereits analysiert. Es geht um die Speicherung, wo das bisher als problematisch angesehen wird. Und Leute, die das heute noch hochhalten, denen geht es da auch um ein Dammbuch-Argument. Also sie wollen den Dammbuch verhindern, dass man sonst so sagt: „Jetzt machen wir alles und speichern mal alles.“ Das wollen sie verhindern.

Moderatorin: (44:09)

Vielen Dank.

Ich habe drei Handzeichen gesehen. Ich würde mal ganz kurz fragen, wer von Ihnen dreien hat eine Frage an Frau Prainsack, weil: Ich bekomme gerade den Zettel, dass Ihr Flug pünktlich ist. Deswegen müssen Sie in zehn Minuten leider uns verlassen. Dann bitte schön.

Klaus Martin Höfer: (44:23)

Klaus Martin Höfer. Ich habe eine Frage. Wenn ich es richtig verstanden habe, Sie sagten eben, es gibt keine Ja-Nein-Aussagen aus dem Labor, sondern Wahrscheinlichkeiten. Können Sie mir bitte erklären, wenn Sie von mir eine Probe haben, woran liegt es dann, dass Sie sagen können: Das ist eine hohe Wahrscheinlichkeit, eine niedrige Wahrscheinlichkeit, kommt der Mensch aus Mitteleuropa oder hat graugrüne Augen oder eine helle Hautfarbe? Liegt das an der Reinheit der Probe? Liegt es daran, dass ich irgendwie ganz viele bin – oder dass es von meinem Typ ganz viele gibt und Sie nicht eindeutig sagen können? Sagen wir es mal, wann können Sie zu, sagen wir mal, zu 90 Prozent erkennen: Das bin ich oder jemand mit meinen Eigenschaften oder zu 50 Prozent?

Barbara Prainsack: (44:22)

Ich gebe das gleich an meine Kollegen weiter, die diese Analysen auch machen. Ich möchte nur einen Satz sagen.

Zusammengefasst ist das deshalb so, weil es nicht ein Gen gibt, das sozusagen immer blonde Haare oder braune Augen, dunklere Hautfarbe produziert. Also das Verhältnis zwischen den genetischen Merkmalen und der Erscheinung ist komplex. Aber damit gebe ich jetzt an meine Kollegen weiter. Also ich kann schon weiter dazu was sagen, aber die sagen es bestimmt professioneller.

Lutz Roewer: (45:54)

Wir können es alle. Wir müssen es vielleicht so ausdrücken: Es geht immer um die Häufigkeit von Merkmalen in Referenzpopulationen; so nennen wir das also. Wir finden eben viele Anlagen auch in gewissen Häufigkeiten. Es gibt ja keine blaue Augenfarbe, in einer gewissen Art, die nur Sie haben. Sondern blaue Augen haben auch andere und wir müssen also rausfinden: Wie häufig ist dieses Merkmal? Und auf die Herkunft bezogen, sprechen wir eben davon, dass ein bestimmtes Merkmal einer Population 100-mal häufiger ist als in einer anderen. Das kennen wir, aber das können wir nur anhand von Referenzdaten sagen. Das ist sozusagen empirisch, wir müssen schon gesammelt haben und müssen schon geguckt haben. Und aus diesen Referenzdaten können wir dann die Frequenzen ableiten. Wir müssen natürlich sehr viel sammeln, es muss sehr gut gesammelt sein, aber letztlich bleibt es eine Wahrscheinlichkeit, weil wir nicht ausschließen, dass es einer trotzdem plötzlich da hat, wo wir es gar nicht vermutet haben: dieses Merkmal, das auch Sie haben.



Klaus Martin Höfer: (46:57)

Wenn Sie ganz viele Daten von Menschen ähnlich wie wir haben: Wie hoch kann die Wahrscheinlichkeit idealerweise oder höchstens werden?

Amade M'charek: (47:08)

Also ähnlich wie Sie ist wirklich problematisch, weil, wenn es zum Beispiel um die Y-Chromosomen geht: Es gibt Männer, die schwarze Haut haben, aber ein europäisches, also typisch europäisches Y-Chromosom haben. Warum? Weil es halt diese Geschichte mit Sklaverei gegeben hat und weiße Männer Kinder gemacht haben mit schwarzen Frauen. Also da ist keine Korrelation zwischen der Genetik und dem Äußeren. Da muss man immer aufpassen. Also wenn Sie und viele mit Ihnen repräsentiert sind in einer Datenbank und auch andere Völker, kann man das einfacher sagen. Das Problem sind eigentlich die Datenbanken. Wie repräsentativ sind die?

Lutz Roewer: (48:04)

Also man kann mit diesen wissenschaftlichen Methoden – man könnte mit unwahrscheinlich vielen Methoden arbeiten, wenn es nur die guten Referenzdatenbanken gäbe. Also ganz viele Methoden, die man, die ein theoretisches Konzept haben, könnte man anwenden, aber es gibt keine Chance sinnvolle Populationsdaten dafür zu erheben, weil –

Barbara Prainsack: (48:23)

Aber man könnte es ja trotzdem nicht 100%ig. Das ist der Punkt.

Lutz Roewer: (48:27)

Genau, das ist der Punkt. Um überhaupt in die Nähe einer Aussage zu kommen, braucht man diese Daten. Ohne Daten kann man schon mal gar nichts sagen. Da kann man nur feststellen: Es gibt es, es gibt es, aber wie häufig wissen wir. Aber viele – ja. Das ist eigentlich die Antwort. Reicht das?

Moderatorin: (48:45)

Vielen Dank. Dann haben wir noch zwei Wortmeldungen. Wer davon auch noch an Frau Prainsack? Ich habe so ein bisschen die Uhr im Blick. Nicht direkt? Gut.

Dann gehen wir weiter [zu] Volkart Wildermuth.

Volkart Wildermuth: (48:58)

Volkart Wildermuth, für den Deutschlandfunk.

Ich habe zwei Fragen. Eine ganz kurze an den Herrn Roewer. Dieser Fall aus Berlin, den Sie vorgestellt haben: Der ist aber mit einem klassischen DNA-Abgleich gelöst worden. Da war im Grunde die Herkunftsinformation für die Lösung des Falles nicht entscheidend?



Lutz Roewer: (49:14)

Genau. Es wurde nicht eine Methode zur Herkunftsinformation durchgeführt, sondern eine klassische STR-Methode allerdings auf dem Y-Chromosom. Das lag daran, weil es eine Spur war. Aber es wurde mit nicht-codierenden Merkmalen gearbeitet, die diese Information erbrachten.

Volkart Wildermuth: (49:29)

Und dann jetzt. Es geht ja konkret um Augenfarbe, Haarfarbe, Hautfarbe, Alter. Lassen wir die Geografie weg. Für diese Kennzeichen: Können Sie kurz sagen, wie hoch die Wahrscheinlichkeiten sind? Also kann man sagen: Blaue Augen können Sie mit 80 Prozent Wahrscheinlichkeit korrekt vorhersagen? Alter, gibt es eine Übereinstimmung zwischen dem genetischen? Ich nehme mal an, das machen Sie mit den Enden der Chromosomen und dem chronologischen Alter von plus, minus fünf Jahren? Vielleicht können Sie mal klare Aussagen geben.

Peter M. Schneider: (50:03)

Ja. Also ich kann das versuchen.

Also zunächst mal zu den Pigmentierungsgenen. Es ist so, dass man die jeweilig extremen Ausprägungen immer sehr gut mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit in der Regel weit über 90 oder auch 98 Prozent unterscheiden kann. Sprich bei der Augenfarbe, ja, dass Sie dunkelbraune Augenfarbe gegen die blaue Augenfarbe [haben]. Bei der Hautfarbe wäre das eben die sehr helle Haut gegen die sehr dunkle oder schwarze Haut. Und bei den Haaren wäre es eben schwarze Haare gegen blonde Haare. Wobei das ein bisschen schwieriger ist, weil: Es sind eben nicht nur ein oder zwei Gene, die eine Rolle spielen, sondern es sind Dutzende von Genen, die da einen Beitrag leisten. Und der individuelle Beitrag jedes einzelnen Gens ist unterschiedlich stark. Und deswegen kann man nur durch eine sozusagen komplexe Auswertung aller dieser genetischen Merkmale eine Bewertung machen. Und es wird immer noch Fälle geben, die sich dann diesem Zugriff entziehen und wo man danebenliegt. Wir haben heute auch Beispiele gesehen. Herr Professor Kayser, der das auch speziell erforscht hat in den Niederlanden, der eben gesagt hat: „Wir haben halt hier jemanden, der hat blaue Augen, obwohl er eigentlich braune haben müsste.“ Das kann im Einzelfall passieren. Das sind Ausreißer, wo wir eben nur sehen, dass das Repertoire, was wir haben, nicht die wahre Wirklichkeit komplett beschreibt, sondern nur näherungsweise beschreibt. Deswegen können wir auch nur von Wahrscheinlichkeiten reden. Also das ist ein ganz wichtiger Punkt, den man dabei nicht vergessen darf.

Die Genetik von äußeren Körpermerkmalen ist wesentlich komplexer, als man sich das so ohne Weiteres vorstellt. Oder auch der Glaube, wenn – was weiß ich – eine Frau blaue Augen und der Mann hat braune Augen, dass die braunen Augen sozusagen dominant sind und alle Kinder auch braune Augen haben müssen. Auch das stimmt nicht so. Das ist längst nicht so trivial und ist wesentlich komplizierter in der Vererbung. Und deswegen muss man eben gute wissenschaftliche, valide Daten haben, aus denen man diese Vorhersagen dann tatsächlich machen kann.

Zweite Geschichte gerade zur Augenfarbe, ist – das wissen auch sehr wenige Leute nur –, dass es eine europäische Erfindung ist. Wenn wir also jemanden haben, der wirklich blaue Augen hat, dann brauchen wir eigentlich gar keine Herkunftsanalyse mehr zu machen, dann wissen wir eigentlich schon, dass der [einen] europäischen genetischen Hintergrund hat. Weil das eine Mutation ist, die irgendwann in der europäischen Vorgeschichte entstanden ist. Diese Mutation hat dann dazu geführt, dass es hier offensichtlich eine Präferenz in der Partnerwahl gab. Also diese Personen waren offensichtlich besonders attraktiv und haben dazu geführt, dass dieses Gen sich besonders gut durchgesetzt hat und dann sich in Europa rasant verbreitet hat. Und es gibt auch einen Nord-Süd-Gradienten. In Nordeuropa, wissen Sie ja, in Skandinavien, gibt es mehr blauäugige Menschen als in



Südeuropa, aber da gibt es sie natürlich auch. Und dieses Gen ist auch mit einigen Merkmalen assoziiert mit der blonden Haarfarbe, aber auch nicht [zu] 100 Prozent. Auch das wissen wir ja. Es gibt blonde Menschen, die braune Augen haben. Es gibt auch Braunhaarige, die blaue Augen haben. Aber natürlich spielen zum Teil die gleichen Gene eine Rolle.

Zum Alter ist es noch ein bisschen anders. Da untersuchen wir etwas, was eine vorübergehende Modifikation, eine Veränderung der DNA ist. Wir untersuchen nicht die Telomere. Das hat man mal eine Zeit lang versucht, das war aber nicht zielführend, weil die Variation viel zu stark ist und das nicht korrelierbar war. Sondern wir untersuchen die Methylierung, eine Modifikation der DNA. Und das sind also Bereiche, die die Aktivität von Genen steuern. Wenn ein Bereich, ein sogenannter Promoter, mit Methyl-Gruppen versehen ist, dann ist er inaktiv. Und wenn er keine Methyl-Gruppen hat, ist er aktiv. Und es gibt Gene, die altersabhängig methyliert werden. Einige werden stärker methyliert; bei anderen nimmt die Methylierung ab. Und man hat nun durch großangelegte Studien von vielen 100.000 solchen Methylierungsstellen eine Handvoll identifiziert, die besonders gut geeignet sind, hier Vorhersagen über das Alter zu machen. Und da korreliert das biologische mit dem chronologischen Alter relativ gut – und zwar insbesondere in so einem Fenster zwischen 20 und 70 Jahren; da ist das recht gut linear. Darunter und darüber gibt es größere Variationen. Das hängt etwa mit dem Wachstum zusammen und auch mit der Tatsache, dass man im Alter, sagen wir mal, durch Umwelteinflüsse, durch Krankheiten und andere Dinge sehr viel größere Variabilitäten hat. Aber in diesem mittleren Lebensalter-Bereich kann man mit einer Genauigkeit von – je nachdem, wie viele Merkmale man untersucht – so circa plus, minus fünf Jahren das Alter recht gut vorhersagen. Und das ist natürlich schon eine Hausnummer für die Polizei: ob sie weiß, ob ein Straftäter 20, 30 oder 60 Jahre alt ist. Wenn man in diesen Größenordnungen denkt, kann das durchaus hilfreich sein.

Moderatorin: (54:42)

Okay. Frau Prainsack bevor Sie uns verlassen, habe ich noch eine Frage an Sie.

Vielen Dank schon mal, Herr Schneider, für die Zahlen auch, die Sie genannt haben. Ich glaube, die sind nämlich ganz wichtig, dass die mitkommuniziert werden.

Ich habe noch die eine Frage. Ich habe immer mal wieder gelesen, gehört, dass Bedenken bestehen, wenn diese erweiterte DNA-Analyse durchkommt, in welcher Art und Weise auch immer, dass das sozusagen gegen das deutsche Grundgesetz wäre, weil es zum Beispiel bestimmte Menschengruppen, die nicht unbedingt überproportional in Deutschland vertreten sind, aber überproportional betreffen würde, als – sagen wir mal – Treffer oder die Wahrscheinlichkeit, dass ein Treffer besteht, relativ groß wäre. Was sagen Sie denn dazu?

Barbara Prainsack: (55:30)

Also als Österreicherin jetzt als Expertin zum Grundgesetz zu sprechen, fällt mir schwer. Also natürlich gibt es auch die völkerrechtlichen Verträge, die ja verfassungsrechtlich bindend sind hier. Und hier ist natürlich die sachlich ungerechtfertigte, also sachlich nicht gerechtfertigte Ungleichbehandlung – wenn es eine solche gibt – ein Problem. Das sehe ich jetzt nicht mit der Ausweitung der DNA-Tests, so wie es geplant ist. Und natürlich ist es ganz, ganz wichtig zu betonen, dass das Vorhandensein eines Rechtsstaates in einem System, wo diese besondere Ausweitung überhaupt angedacht wird, von fundamental wichtiger Bedeutung ist. Und in meinen Augen sollten unsere Anstrengungen, wenn es eine Einführung gibt, diese auch auf verantwortungsvolle Weise durchzuführen, über rechtliche Bedenken weit hinausgehen. Also die Bewertung verfassungsrechtlicher Bedenken möchte ich jetzt nicht selber durchführen, aber wenn es sozusagen keine gibt, sollten wir trotzdem versuchen, noch weitere Vorkehrungen zu treffen, dass Menschen, die ungerechtfertigte



press briefing

Nachteile dadurch erfahren könnten, sich auch wehren können, dass sie es erfahren und dass sie sich wehren können. Das ist, glaube ich, sehr wichtig.

Moderatorin: (56:55)

Vielen Dank. Dass Sie auch hier waren. Sie müssen jetzt gehen. Wir lassen kurz das Gepäck rascheln. Gute Reise. Vielen Dank.

Und dann hatten wir noch ein Handzeichen bei der Dame. Vielleicht könnten Sie sich auch kurz vorstellen, bitte?

Kathrin Gießelmann: (57:15)

Mein Name ist Gießelmann; ich bin vom Deutschen Ärzteblatt.

Ich habe eine Frage nochmal zu der Einschätzung dieses Gesetzesvorschlags, den es jetzt gibt. Wenn ich es richtig verstanden habe, ist jetzt jeder, der hier auf dem Podium sitzt, ein Stück weit dafür. Frau M'charek, Sie meinten, dass es in den Niederlanden größtenteils gar nicht eingesetzt wird, daher nehme ich mal an, dass Sie Hautfarbe, Haarfarbe und Augenfarbe oder was darunterfällt, was alles nicht eingesetzt wird, auch für Deutschland wahrscheinlich nicht für sinnvoll erachten würden. Meine Frage wäre jetzt nochmal: Wie wäre jetzt Ihre explizite Empfehlung, vielleicht auch von Herrn Schneider – welche Sachen sollten, können sinnvoll eingesetzt werden, zum jetzigen Zeitpunkt zumindest nicht?

Amade M'charek: (58:09)

Ich werde es versuchen, auf Deutsch das hinzukriegen. Ich habe da so ein bisschen ambivalente Gefühle [dazu], vor allem diese Pigmentierungsmerkmale [betrifft], weil: obwohl validiert noch nicht eigentlich ausgetestet. Wir wissen zu wenig, was die Aussage ist von diesen Technologien: ganz pragmatisch – und das ist nicht, weil ich aus den Niederlanden komme, – weil die Tests ziemlich teuer sind. Und dafür gibt es zum Beispiel diese Erfahrung mit der Y-Chromosom und Mitochondrial-DNA-Forschung und total große Datenbanken, wo man Herkunftsanalyse machen kann. Also aus dieser Hinsicht würde ich sagen: Da ist eine voll ausgereifte Technologie, die das machen kann, was wir uns jetzt wünschen. Und das ist das eigentlich, wenn wir, wenn die Polizei in der Verfahren ausgeforscht [haben], die Möglichkeiten wirklich alles ausgeschöpft sind: dass da noch ein letztes Resort ist, DNA. Und gerade für diese Fälle, ist es hilfreich. Also ich kenne so ein paar Fälle in den Niederlanden, wo wirklich eine große Gruppe – asiatisch wieder: Bei Marianne Vaatstra war es eigentlich keine einzige Datenbank, Pakistani und Irakische oder so.

Peter M. Schneider: (59:45)

Irakisch ist aber asiatisch. Vorderasien.

Lutz Roewer: (59:52)

Also Asien fängt in Istanbul an. Das haben wir gelernt in der Schule.

Amade M'charek: (1:00:08)

Da war ich noch nie. Wo war ich? Der Fall, ja, genau.



press briefing

Letztes Jahr, wo es wirklich über die Namen des Gruppenverdächtige die Polizei ziemlich schnell eigentlich eine bestimmte Person rausgekriegt hat. Und der war auch der Verdächtige am Ende. Also das kann man ziemlich präzise benutzen. Und alles am liebsten dann außerhalb der Medien.

Kathrin Gießelmann: (1:00:37)

Es ging da um die genetische Herkunft?

Amade M'charek: (1:00:39)

Genau. Genetische Herkunft. Ja. Also ich bin da ambivalent.

Kathrin Gießelmann: (1:00:43)

Was fänden Sie am sinnvollsten von den Parametern zu untersuchen?

Amade M'charek: (1:00:50)

Sinnvoll wenn es wirklich. Ich denke, was ich so auch in meinem Beitrag nach vorne gebracht habe, ist, dass diese Zusammenarbeit und diese kurze Connection oder diese Verbindungen zwischen Polizei und forensischer Forscher und anderen Akteuren in diesem Feld, dass das wirklich wichtig ist. Dass man wirklich immer wieder sich zusammen hinsetzt und darüber spricht: Wie weit sind wir? Was haben wir ausprobiert? Was sind die taktische Ermittlungsfakten und was wollen wir eigentlich wissen? Was ist das Problem heute? Das ist wichtig für diese Technik. Sonst ist es wirklich, wäre es problematisch, würde ich sagen.

Moderatorin: (1:01:44)

Vielen Dank.

Herr Schneider, Sie wurden ja auch angesprochen. Was ist Ihre Empfehlung? Und vielleicht können Sie auch kurz ergänzen, ob es so eine Art Zusammenarbeit, Task Force oder wie auch immer man es nennen mag, in Deutschland möglich ist?

Peter M. Schneider: (1:01:56)

Also zunächst mal stimme ich zu, was die Frau M'charek, gesagt hat. Ich halte das auch für eine Technologie, wenn alle anderen Methoden versagt haben. Und wenn man sich das überlegt, macht das auch Sinn. Und es wird dann auch –. Man kommt zu dem Ergebnis, dass es nicht so viele Fälle geben wird, wo man das tatsächlich benutzen kann. Und die Erfahrungen aus den Niederlanden unterstreichen das ja auch.

Zunächst einmal muss man wissen, was viele in der Öffentlichkeit nicht wissen. Jede dritte DNA-Spur, die eben in die deutsche DNA-Analysedatei eingestellt wird, erzeugt auf Anhieb einen Treffer. Zu einer Person oder zu einer anderen Spur. Das ist also ein enorm effizientes Ermittlungswerkzeug. Es heißt schon mal: Ein Drittel aller Tatortspuren sind damit schon mal erledigt. Und die, die nicht sofort einen Treffer erzielen, tun das dann nach einem gewissen Zeitraum, zwei, drei Jahren. Das haben wir also sehr häufig so.

Dann, das Zweite ist: Nicht jede Spur eignet sich für eine solche Herkunfts- oder Vorhersage von äußeren Körpermerkmalen. Denn ich muss wissen, dass die Spur auch mit hoher Wahrscheinlich-



keit von dem vermutlichen Straftäter ist. Also ich kann keine spekulativen Abriebe von Türklinken oder Fenstergriffen oder sonst etwas dieser Analyse unterziehen, weil man den Tatbezug gar nicht beurteilen kann. Das macht natürlich bei der Datenbankrecherche, da würde das Sinn machen, dass ich sozusagen ins Blaue DNA-Profile sammle in der Hoffnung, irgendwo einen Volltreffer zu landen, ja. Und dann gucke ich halt, ob der Betreffende tatsächlich was mit der Sache zu tun hatte oder nicht. Das kann ich dann noch aufklären. Aber bei der Vorhersage, wo ich da wirklich einen engeren Kreis von Tatverdächtigen suche, da muss ich mich auf Spuren beschränken, wo der Tatzusammenhang eindeutig klar ist. Und das sind natürlich Spuren an der Leiche, das sind Spuren bei Geschädigten, Abwehrverletzungen, Fingernagelspuren, Spermassekretspuren bei Sexualdelikten, wo man eben einen unmittelbaren Zusammenhang mit der Straftat herstellen kann. Das reduziert schon mal die gesamten Spektren von möglichen Spuren enorm.

Und dann ist es in der Tat so, gibt es ja auch noch andere Ermittlungswege, nicht nur die DNA-Analyse. Das wird zwar immer so vorgeschoben, weil die Polizei spart viel Geld, wenn sie einen Treffer in der Datenbank hat, dann brauchen sie alle anderen Ermittlungen nicht mehr zu machen. Aber man muss natürlich das parallel betreiben. Das wird auch gemacht. Und deswegen würde man eben auch in Fällen, wo man zunächst mal über die DNA nichts findet, vielleicht über andere Wege und andere forensische Verfahren oder sonstige Ermittlungsmöglichkeiten dann auch noch Informationen sammeln. Das heißt: Unterm Strich bleiben gar nicht so viele Fälle übrig. Aber diese möchte man dann tatsächlich auch mit allen Möglichkeiten ausermitteln, die einem zur Verfügung stehen. Und genau für diese Fälle, denke ich, dass diese erweiterte DNA-Analyse eine sinnvolle Ergänzung ist.

Und da gibt es in der Tat eine Hierarchie. Ich sehe es auch so, dass die Pigmentierungsmerkmale eher in zweiter Linie stehen, weil, da kann ich nicht so stark meine Kandidaten eingrenzen. Ich sehe es auch eher so, dass die genetische Herkunftsanalyse aussagekräftiger ist. Und ich setze auch große Hoffnung eben in die Altersschätzung, in die molekularbiologische. Die muss zwar noch ein bisschen validiert werden, hat auch den Nachteil, dass man noch relativ viel DNA dafür braucht. Das ist ein technisches Problem, das mit dem Analyseverfahren zusammenhängt. Ist von daher eben auch nicht für jede Spur geeignet. Aber die Polizei weiß natürlich sehr viel mehr anzufangen mit einem Altersfenster und kann sagen: Okay, der Täter kommt aus Europa oder er kommt eben nicht aus Europa, woher auch immer. Dann kann man schon ein bisschen zumindest überlegen, in welche Richtung weiter ermittelt [wird].

Wobei das auch – und das muss man aber ganz klar sagen – eben keine Schwarz-Weiß-Aussagen sind. Das sind eben Wahrscheinlichkeiten. Man muss auch immer in Betracht ziehen, dass es eventuell ganz anders ist, aber zunächst mal kann man Prioritäten setzen. Und das ist das, was die Polizei an der Stelle braucht.

Das heißt: Einen Entwurf, wie er jetzt ist, – um das noch mal zusammenzufassen – halte ich für ein wenig mit der heißen Nadel gestrickt, auch unter politischen Gesichtspunkten. Die Herkunftsanalyse ist wieder rausgekegelt worden, möglicherweise aufgrund der politischen Verhältnisse in Baden-Württemberg. Andere Länder wären dafür, es wieder reinzunehmen. Also da ist das letzte Wort noch nicht gesprochen. Auch die Begründung halte ich im Moment noch nicht für wirklich fundiert. Auch die Folgekostenabschätzung halte ich für, ja, nicht so gut begründet. Da ist sicher noch einige Arbeit zu leisten.

Aber ich denke schon, die Diskussion ist hilfreich, einfach, dass wir jetzt diese Dinge mal auf den Tisch bringen, auch in der Öffentlichkeit diskutieren. Das ist mir auch ein großes Anliegen: dass das keine Fachdiskussion ist unter Wissenschaftlern oder Sozialwissenschaftlern, sondern dass auch die Öffentlichkeit weiß und informiert ist, wohin geht die Reise und was wollen wir und wo ziehen wir die Grenze. Das können wir als Wissenschaftler alleine nicht festlegen. Das muss die Öffentlichkeit akzeptieren und bestimmen.



Moderatorin: (1:06:46)

Also weil Sie jetzt explizit nach Ihren Empfehlungen gefragt wurden, Herr Schneider, Frau M'charek: Ich würde gern auch Herrn Roewer noch die Chance geben bzw. die Frage an ihn auch weiterleiten. Was ist denn Ihre Empfehlung, wie mit dem Gesetzesvorschlag umzugehen ist oder was sozusagen vielleicht in eine erweiterte DNA-Analyse mit hineingenommen werden sollte, könnte?

Lutz Roewer: (1:07:07)

Ja, vielleicht kann ich noch mal zu diesem Punkt Task Force und Zusammenarbeit [zurückkommen], weil das finde ich, ist mir sehr wichtig. Also wir haben es erlebt, als die DNA noch nicht jeder konnte: wie die Polizei bei uns gesessen hat, die Mordkommission, hochintelligente Leute, muss man sagen, natürlich auch mit ein bisschen Jagdinstinkt ausgestattete Leute. Also sie hatten auch einen Mord zu klären, und die saßen bei uns, und wir haben über jede Spur geredet und über Ermittlungsansätze, also was ich alles weiß im Fall Sereda. Das ist heutzutage häufig gar nicht mehr, das kriegen wir gar nicht mehr gesagt, ja. Also es werden sehr automatisierte, sehr, sehr entfremdete Systeme verwendet, Abgleiche gemacht, aber du kriegst nicht mehr mit: Womit beschäftigt sich so eine SoKo, nicht? Und da haben sie gesagt: So, wir haben hier eine asiatische Spur oder wir haben da Zweifel und – verstehen Sie? Also meiner Meinung nach kommen möglicherweise durch diese Art von Untersuchungen wieder oder es wäre zu wünschen, wieder eine engere – ein engerer Kontakt zwischen Wissenschaftlern. Wir sind ja forensische Wissenschaftler, ja. Wir arbeiten ja als Service für die Polizei. Wir sind ja gar keine Elfenbeinleute, die irgendwo am Max-Planck-Institut sitzen, ja, sondern wir sind direkt im Auftrag der Polizei unterwegs. Und wir möchten gerne mit denen über diese Spuren reden. Das wäre mir wichtig. Das kann ich ja hier vorne – das interessiert jetzt keinen –, aber das hilft. Das kann man schreiben, weil es nämlich enorm hilft und weil wir auch wissen, dass die Polizei sich das wünscht.

Dann kommt noch der Punkt des Richtervorbehalts. Also habe ich heute auch erwähnt in der Diskussion im Justizministerium, weil ich denke, man kann es manchmal vielleicht auch [der] Exekutive nicht allein überlassen, sondern es sollte jemand draufgucken, der die Verhältnismäßigkeit der Untersuchung einschätzt, ja. Also es müssen jetzt hier wirklich 50 Spuren aller Art, Abstriche und, was Peter [Schneider] schon erwähnt hat, untersucht werden oder eine bestimmte Spur. Das könnte man entweder in der Diskussion mit dem Wissenschaftler machen oder eben auch durch einen Richter oder durch eine Kommission, wie es, glaube ich, in Holland auch gibt und in England auch gibt. Da hat die Polizei sofort gesagt zu der Kommission: Das geht hier gar nicht. Also das dauert Wochen, bis wir hier in Deutschland eine Kommission zusammenkriegen, wo Ethiker drinsitzen und so, also ausgeschlossen. Deswegen der Vorschlag: eventuell einen Richter, der hier auch über Haft entscheidet innerhalb von einigen Stunden, der hier jahrelang entschieden hat, ob man einem Tatverdächtigen überhaupt eine Probe abnehmen darf. Das war hier ein Richtervorbehalt in Deutschland. Der ist vor kurzem erst abgeschafft worden. Warum nicht auch mit einer guten Begründung der Kollegen bei der Polizei, hier eine Altersschätzung, eine Herkunftsschätzung und so weiter vorzunehmen. Also das noch mal zum Thema Zusammenarbeit Wissenschaft, Judikative, Exekutive.

Moderatorin: (1:09:42)

Vielen Dank.

Weitere Fragen, bitte! Ja? Es ist nicht das Limit: eine Frage pro Person. Auf keinen Fall. Bitte? Bitte! Journalisten sind doch neugierig, dachte ich.



Christina Sartori: (1:09:53)

Ja genau. Dann würde ich noch mal gern.

Sie hatten ja alle betont, dass es wichtig ist, dass es nur in Einzel- oder nur in ganz besonders geeigneten Fällen, wenn alle anderen Optionen zu nichts gekommen sind, dass es dann angewendet wird, weil es dann auch nur Sinn macht. Meinen Sie denn, das müsste auch in dem Gesetzesentwurf festgehalten werden, oder glauben Sie, dass es reicht, weil das sich in der Praxis sowieso entwickelt? Und falls Sie glauben, dass es festgeschrieben werden sollte – „Bitte nicht bei jedem zweiten Mordfall anwenden.“: Ist das derzeit der Fall?

Peter M. Schneider: (1:10:25)

Ja, vielleicht fange ich mal an. Also ich denke, in der Tat sollte das im Gesetz irgendwo abgebildet werden, dass entweder die Schwere der Straftat oder die bestimmten Voraussetzungen wie eben, dass die Spur einen unmittelbaren Tatbezug haben muss, da auch irgendwie abgebildet sein muss. Weil die Gefahr besteht ja: Wenn ich eine noch so schöne Blutspur finde, und ich mache jetzt irgendeine große Ermittlung in eine bestimmte Richtung, und es stellt sich heraus, das war die polnische Putzfrau, die sich in den Finger geschnitten hat, ja, und hat mit der Straftat nichts zu tun, dann kann das völlig irreführend sein. Und das will ich ja möglichst vermeiden. Und dann werden nämlich genau die Fehler gemacht, dass dann bestimmte Teile der Bevölkerung in irgendeine Ecke gestellt werden, weil es vielleicht eine öffentliche Fahndung gibt oder so. Und man stellt hinterher fest: Diese Spur war völlig irrelevant für die Straftat. Und genau das muss irgendwo auch natürlich entweder im Gesetz oder in der Begründung abgebildet sein aus meiner Sicht, damit man sich über diese Problematik bewusst ist.

Moderatorin: (1:11:31)

Wer will noch was ergänzen? Ja.

Lutz Roewer: (1:11:32)

Vielleicht, aber ich bin da etwas skeptisch. Also ich bin auch dafür, aber ich erinnere mich, glaube ich, dunkel, dass ursprünglich DNA in Deutschland Anfang der 90er Jahre auch vor allen Dingen für schwere Straftaten vorgesehen war. Und das Speicherungsargument, das Datenbankargument war nachher so schlagend, dass es heute so ist, dass wir von jedem Fahrrad Spuren untersuchen, was geklaut wurde hier in Berlin, ja, und wir also Hunderttausende von Spuren untersuchen müssen – „müssen“ sage ich jetzt fast, die überwiegend, also sehr häufig, irrelevant sind, ja. Also das – wenn das –. Es wäre sehr wünschenswert, auch für alle Beteiligten, wenn das geregelt wäre, aber ich bin da etwas skeptisch.

Moderatorin: (1:12:09)

Ich kann da sogar noch die Zahlen mit nennen; ich habe sie mir extra aufgeschrieben und mitgebracht. In der deutschen DNA-Datenbank, die jetzt seit ungefähr 18 Jahren sozusagen besteht, gab es insgesamt fast 240.000 Treffer. Und das können Sie vielleicht noch besser sagen: Es gibt ja immer den Unterschied zwischen Treffer – man hat sozusagen den Täter gefunden oder man hat nur den Spurenleger, was nicht immer unbedingt der Täter ja sein muss. Und von diesen 240.000 Treffern sind 145.000, also drei Fünftel, Diebstahldelikte; 12.000 Raub und Erpressung; und Straftaten gegen das Leben sind 2.032; Straftaten gegen die sexuelle Selbstbestimmung 3.303 und Straftaten gegen körperliche Unversehrtheit 3.144. Das ist der Stand Ende 2016, so für die Relation.



Schneider: (1:13:06)

Ja, das spiegelt die Kriminalstatistik auch wider: dass eben Einbruchs- und Diebstahlsdelikte viel, viel häufiger stattfinden als Morde und Sexualstraftaten. Was ja zum Glück auch sehr gut ist, nicht? Aber die Aufklärungsquote ist natürlich nicht nur von der Schwere der Straftat abhängig. Das hängt auch damit zusammen, dass natürlich Einbruchsdelikte häufig seriell immer von den gleichen Personen begangen werden, die auch sehr schnell dann in der Datenbank irgendwann landen, nicht?

Und klar, irgendwo ist natürlich dann die Frage: Wann ist das noch effizient? Aber da möchte ich auch das, was der Herr Roewer gesagt hat, noch mal verstärken: Es werden leider viel zu viele Spuren wild gesichert ohne Sinn und Verstand und verursachen enorme Kosten für die öffentliche Hand – wo wir denken, dass es manchmal sehr viel besser wäre, Spuren mit Verstand auszuwerten, eine Priorisierung zu machen und auch ein bisschen mit den Leuten, die diese Spuren untersuchen, zu sprechen, wie denn die Erfolgsaussichten überhaupt sind. Stattdessen werden die Preise für die DNA-Analyse immer weiter in den Keller getrieben durch öffentliche Ausschreibungen, ja, die dazu führen, dass man gar nicht mehr die Qualität liefern kann, die man gerne liefern möchte. Das ist in Berlin, glaube ich, zum Glück noch nicht ganz so extrem, aber in anderen Bundesländern wie in Nordrhein-Westfalen ist es leider wirklich so, dass wir heute nur noch die Hälfte von dem Geld bekommen für eine DNA-Analyse, als was wir 2008 bekommen haben, und wir deswegen als Kölner Institut uns an solchen Ausschreibungen nicht mehr beteiligen. Weil wir sagen: Wir können für dieses Geld nicht die Qualität liefern, die wir gerne in der Spurenanalytik liefern wollen. Und wir machen es dann einfach nicht mehr. Das hat jetzt mit dem Thema nichts zu tun, ist aber – sollte mal gesagt werden, ja.

Moderatorin: (1:14:47)

Das ist, glaube ich, durchaus relevant. Als nächstes Sonja Kastilan, bitte.

Sonja Kastilan: (1:14:53)

Ich möchte gerne anknüpfen. Also Sie sagten gerade eben, im Falle zum Beispiel einer öffentlichen Fahndung. Aber wenn ich das aber richtig verstanden habe, wird in den Niederlanden ja ganz am Schluss erst überhaupt mit Merkmalen umgegangen. Wird das öffentlich? Eben nicht, glaube ich. Oder doch?

Amade M'charek: (1:15:10)

Nee. Nee, nee, nee.

Sonja Kastilan: (1:15:13)

Nicht. Das heißt also: Dort wird eigentlich komplett getrennt zwischen –

Amade M'charek: (1:15:15)

Also es wird natürlich öffentlich, wenn es um diese Reihenuntersuchung geht. Da, dann ist es – Da muss man die Bevölkerung mobilisieren, damit die mitmachen und mitspielen dann. Da ist ein Drehbuch, wie man das macht medientechnisch und kommunikationstechnisch, aber sonst ist es eigentlich alles, ja, diskrete Sphäre handelt sich das ab. Und ich wollte nur sagen, dass: Ich finde es eigentlich sehr wichtig, dass diese Beschränkung da ist, weil es wirklich geht um die Privatsphäre von so vielen Menschen, dass die Polizei wirklich – weil wenn du von dieser Populationsgruppe ein



Teil davon bist, kann es wirklich sein, dass die Polizei hinter dich herkommt und dich recherchiert, vielleicht dein, deine Tasse mit Kaffee mitnimmt, damit da Proben abgenommen werden und solche Sachen. Also es geht wirklich um weit. Es ist ein schweres Mittel und das muss man sich merken, auch wenn es um, na ja, mikroskopisch kleine Körperteilchen geht. Das ist wirklich wichtig. Und, also die Gesetzgebung, glaube ich, in Deutschland: Es geht um Entführungsfälle, Mord und Sexualstraftaten, oder?

Peter M. Schneider: (1:16:35)

Ja, in dem Gesetzesentwurf gibt es keine Einschränkungen, soweit ich weiß, oder? Ich weiß gar nicht. Nee, ist nichts beschränkt. Am Anfang war es mal so, dass das allererste DNA-Gesetz 1997 verabschiedet wurde. Da hat man gesagt „Straftaten von erheblicher Bedeutung“, und das war alles das, was mit einem Jahr Gefängnis und mehr bestraft wurde. Und diese Grenze ist aber aufgebrochen worden 2005 bei der Revision, als man dann gesagt hat: Auch Straftaten von weniger schwerer Bedeutung können untersucht werden, wenn sie wiederholt begangen werden. Dadurch hat man quasi Serientäter, Einbrecher und so weiter dann auch mit in der Kiste gehabt. Ja, also man hat es schon geöffnet, aber natürlich auch unter dem Aspekt, dass man gesehen hat, dass es extrem erfolgreich ist. Und das muss man natürlich auch ganz klar sagen. Unterm Strich ist es natürlich – wenn ich DNA-Spuren habe – ein sehr effizientes Ermittlungswerkzeug, wenn ich in die Datenbank gehe und dann sofort einen Treffer habe und ich dann nicht mehr noch zehn Kriminalbeamten in alle Richtungen schicken muss, die da sich die Füße platt laufen. Und das ist ja schon eine gute Sache. Also da will man ja auch das eigentlich weiter nutzen. Nur ob man das auch braucht für solche genetischen Herkunftsanalysen und andere Dinge: Das ist noch die Frage, weil wir ja eben nur ein ganz begrenztes Einsatzspektrum haben und auch nur über bestimmte Situationen eine sinnvolle Aussage liefern können.

Lutz Roewer: (1:17:54)

Also noch mal ganz klar: Also für diese, wenn du diese äußeren Merkmale und die Herkunft und das Alter, das ist sehr aufwendig, und das sind auch ganz andere Gutachten. Also für eine normale Spur schreiben wir mit Wortbausteinen einen kleinen Report, aber hier schreibt man vielleicht 20 Seiten, 30 Seiten. Also das sind sehr langwierige, aufwendige und teure Untersuchungen. Allein deshalb muss das beschränkt sein, weil: Ich höre schon von den Landeskriminalämtern – also die haben jetzt schon die allergrößten Sorgen, dass das durchkommt. Weil die wissen nicht, wie sie das auch nur annähernd schaffen sollen. Das heißt, das wird auch schon bei der Rechtsmedizin, also bei Leuten landen, die das schon können und auch schon länger machen.

Aber hier müssen wir total aufpassen, dass die Qualität bei solchen komplizierten Fragestellungen mit den Wahrscheinlichkeiten, dass wir da so darauf achten, dass wir dafür genug Zeit und Mittel haben. Sonst sehe ich schwarz, denn das Hauptproblem wäre ja, wenn wir das nach rein ökonomischen Gesichtspunkten machen würden oder auch nach Masse, dass dann die Qualität so leidet, dass am Ende steht: „Das funktioniert gar nicht.“ Und das ist ja immer das Hauptproblem, dass wir uns selber ins Bein schießen, wenn wir die Analyse schnell machen müssen und nicht die erforderlichen Marker untersuchen, die wir untersuchen müssen, ohne die wir zu keinen Ergebnissen kommen können. Und das – Dann haben wir das größte Problem, weil dann ist die Methode diskreditiert. Ein einziger Fall, den Sie von den Medien dann spitzkriegten, der wird die Methode aber sowas von ausradieren, ja. Das muss also äußerst sorgfältig gemacht werden. Und das kostet Zeit und Geld.



Moderatorin: (1:19:48)

Vielen Dank. Wir haben eine Frage aus der Ferne bekommen, die ich gerne hier mit auf das Podium geben möchte. Dirk Asendorpf fragt speziell Sie, Herr Roewer: Was, wie konnten Sie im Fall Sereda die geografische Herkunft mitteilen, wenn dies nach bisheriger StPO, Strafprozessordnung, gar nicht zulässig ist?

Lutz Roewer: (1:20:03)

Ja, das ist eigentlich relativ interessant, weil wir müssen ja für eine normale Übereinstimmung eines DNA-Profiles aus der Spur zu einer Person, müssen wir ja sagen, wie wahrscheinlich es ist, dass dieses Profil genau von dieser Person kommt und nicht von irgendeiner zufälligen aus der Bevölkerung, der sogenannte random man. Dazu müssen wir eine Population auswählen, zum Beispiel, wo die Tat stattgefunden hat; das ist sozusagen der Default, ist Europa. Da stellen wir dann fest: Es ist so und so 1 auf 60.000. Das gehört allerdings dazu, dass man eigentlich auch in die anderen Populationen guckt. Dann stellt man plötzlich fest: in Afrika 1 zu 100, ja? Das passiert nicht in jedem Gutachten, aber ganz häufig vor Gericht, ja. Vor Gericht kriegt man häufig erst mit, aus welcher ethnischen Gruppe dieser Angeklagte ist und dann sagen die: „Sie haben hier in Ihrem Gutachten vor drei Jahren geschrieben, dass es eins auf so und so viel [ist]. Jetzt haben wir aber hier einen libanesischen Tatverdächtigen, wie ist denn da die Frequenz?“ Das heißt, es fällt im Grunde damit ab. So war das damals auch und ganz besonders, weil wir ja das Y-Chromosom untersucht haben, weil nur das aus den Fingernägeln als Fremdspur analysierbar war. Und beim Y-Chromosom wussten wir schon, war in diesem Falle aber sehr auffällig, ist eben die Populationspezifität viel höher als für die normalen STR-Mittel. Wir durften diese STRs untersuchen auf dem Y-Chromosom, um die Mischspur aufzulösen und wir haben dann eben mitgeteilt in verschiedenen Populationsgruppen und stellten extreme Unterschiede fest. Insofern war das nicht intendiert, es war eine ganz normale Mitteilung von drei verschiedenen Zahlen. Häufigkeit in Europa, Häufigkeit in Asien, Häufigkeit in Afrika. Jeder, der nicht völlig blind ist, sah unmittelbar die Relevanz dieser Aussage, ja. Insofern: Ich rede mich jetzt auch nicht raus, ja, um sozusagen nicht im Nachhinein noch hier vor den Kadi gezerzt zu werden, sondern das sind, im Grunde sind das Dinge, die wir täglich machen. Und wenn wir nur, wenn wir bestimmte Marker angucken, dann sehen wir sehr starke Populationsunterschiede und bei anderen geringere. Und hier war das eben bei den Kollegen auch so der Fall.

Moderatorin: (1:22:31)

Vielen Dank. Dann war da drüben noch ein Handzeichen, neben Herrn Lossau.

Michael Kröher: (1:22:35)

Guten Abend, Michael Kröher vom Manager Magazin.

Sie haben vorhin erwähnt, dass die Ermittlung der genetischen Herkunft ein sehr aufwändiges Verfahren ist, dass es sehr teuer ist, dass es sehr lange dauert, dass die Gutachten sehr aufwändig sind. Es wäre doch aber jetzt naiv anzunehmen zu sagen, dass ausgerechnet hier die Technisierung, die wir in allen anderen Bereichen erleben, dass die nicht auch greift, dass wir also schon in wenigen Jahren davon ausgehen dürfen, dass das erstens zum großen Teil automatisiert passiert. Zweitens, dass auch durch Verfahren der künstlichen Intelligenz da ganz neue Analysemethoden möglich sind, an die wir noch gar nicht denken, und dass dann dadurch eben es umso notwendiger wird, dass wir eben halt hier ethische, juristische Grenzen einziehen, die sagen: „Das dürft ihr, das dürft ihr nicht, weil wir haben ja erfahren, es ist hocheffektiv.“ Also müssen wir es auf anderen Wegen irgendwie eingrenzen. In welchem Zeitraum rechnen Sie damit, dass sich eine solche Automa-



tisierung und Technisierung umsetzen lässt und wann, wie glauben Sie, dass man dem entgegenwirken könnte?

Lutz Roewer: (1:23:39)

Also ich fange mal an und Peter kann, Sie können fortsetzen.

Ich glaube, ich bin völlig mit Ihnen einig: Das wird technisch nicht mehr die große Problematik sein. Wir können in kürzester [Zeit], also jetzt schon und wahrscheinlich in zehn Jahren, sämtliche Polymorphismen, wie wir das nennen, also Varianten abgreifen. Ich denke mehr an das Gutachten, denn da bewegen wir uns im juristischen Bezugsrahmen. Und da kommt es auf Formulierungen an, da kommt es auf Interpretationen an. Und das kannst du nicht technisieren und das kannst du auch nicht abkürzen, diesen Prozess. Und eine Herkunft zu beschreiben – das kam heute im Justizministerium wieder raus, das weiß jeder: Das ist eine komplizierte Sache. Du musst wirklich alle Populationen, die du irgendwie kennst, abgleichen, also um nur anzudeuten, und du musst erklären in langen Anhängen, warum du diese Referenzpopulation so gewählt hast und so weiter und so fort. Also das ist alles. Ich meine vor allen Dingen die Arbeit an diesen Gutachten, an der Interpretation, die nicht technisch in irgendeiner Form abzulösen sein wird. Die Laborarbeit, da haben Sie völlig Recht, die kann in Stunden wahrscheinlich in fünf, sechs Jahren geleistet sein, aber ich meine die Arbeit des Gutachters am Gutachten, das ist –

Amade M'charek: (1:24:59)

Da geht es wirklich um Routinearbeiten.

Lutz Roewer: (1:25:04)

Genau. Wir rechnen nach Stunden ab. Also da kommen Kosten, also das ist klar. Der sitzt an so einem Gutachten vielleicht drei Tage und an einem normalen sitzt du fünf, vielleicht 30 Minuten. Das meine ich.

Peter M. Schneider: (1:25:17)

Ja, das kann ich so unterschreiben. Das ist wirklich, ich sage mal: Die technische Entwicklung ist fulminant. Das wissen wir alle. Gerade im Bereich der Genetik, Sequenziertechnologien, da hat es ja schon mehrere Revolutionen gegeben. Wir sind gerade in der nächsten; und die allernächste ist schon wieder quasi, kommt auf uns zu, dass wir nicht mehr sozusagen noch künstlich vermehrte DNA sequenzieren, sondern wir die Moleküle direkt sequenzieren können. Das ist sozusagen der nächste Schritt, sodass wir dann auch quasi unverfälschte Sequenz direkt lesen können, wie diese Porensequenziertechnologien. Da tut sich ständig irgendwas. Und natürlich wird das dann irgendwann immer billiger werden, aber ist natürlich richtig. Die gutachterliche Bearbeitung, aber auch die Bioinformatik, die notwendig ist, um diese ganzen Daten, die man braucht, um die Ergebnisse zu interpretieren: Das ist also auch ein wichtiger Punkt. Es gibt in keinem einzigen Landeskriminalamt, auch in keiner Rechtsmedizin, vielleicht mit wenigen Ausnahmen, wirklich explizite Bioinformatiker, die sich mit dieser Thematik befassen können. Wir haben gar kein Geld, diese Leute zu bezahlen, und die Kriminalämter auch nicht. Und die Infrastruktur, das ist also, am Anfang ist es eine sehr hohe Investitionsschwelle. Das wird natürlich irgendwann einfacher werden, aber wenn man bedenkt, dass das Ganze ja sicher keine – sagen wir mal eben – Untersuchung ist, die man mit jeder einzelnen Spur vermachen würde, ist es natürlich eine hohe Einsatzschwelle. Dann werden die Kosten auch immer noch relativ hoch bleiben, weil man es über die Masse sozusagen refinanzieren kann. Also ich bin mir da nicht ganz so sicher, wie [sich] das entwickeln wird. Möglicher-



weise wird es auch wenige Zentren nur geben, die spezialisiert sind, die dann solche Sachen irgendwie für alle machen. Da gibt es verschiedene Modelle, die man diskutieren kann. Und das ist sicher alles im Fluss noch soweit.

Moderatorin: (1:26:59)

Vielen Dank. Wir müssen so langsam zum Ende kommen. Herr Lossau hatte noch eine Frage. Und dann schon mal kurz in die Runde geschaut: Hat jemand noch eine Frage, die er unbedingt an alle loswerden muss? Gut. Dann können wir nämlich halbwegs pünktlich schließen.

Norbert Lossau: (1:27:14)

Also meine Frage ist wahrscheinlich schnell zu beantworten, geht einen Schritt zurück. Wir haben jetzt sehr viel über die Kosten geredet. Sie haben das ausgeführt, aber es ist noch keine konkrete Zahl gesagt worden. Können Sie mal eine Hausnummer nennen? Also eine Analyse plus 20, 30 Seiten Gutachten. Was kostet so ein Ding? Und Sie haben darauf, Professor Schneider, gesagt: Nordrhein-Westfalen kostet es jetzt die Hälfte wie 2008. Können Sie auch das konkretisieren? Und ist das von Bundesland zu Bundesland deutlich verschieden? Oder ist diese Entwicklung, die Sie von NRW schildern, überall so zu beobachten?

Peter M. Schneider: (1:27:43)

Also vielleicht zu dem Letzteren, bei den Ausschreibungen: Die Preise werden leider nicht offengelegt. Also seitdem wir nicht mehr mitmachen, wissen wir auch nicht genau, was es kostet. Wir wissen aber, dass fast alle diese Aufträge in die Hände von Privatlaboren gehen, die hochgradig, einen hohen Automatisierungsgrad haben und die Spuren wirklich am Fließband abarbeiten. Und da weiß ich genau, dass sie sicher nicht sehr viel Geld bekommen, also deutlich unter hundert Euro für eine anteilige Analyse. Und wir waren also 2008 so bei zirka 150 bis 160 Euro gewesen. Und wir müssen heute doppelt so viel genetische Merkmale untersuchen wie damals. Das wird auch vergessen. Wir haben damals acht Merkmale untersucht für die STR – heute untersuchen wir 16; und das wird auch nicht billiger unbedingt. Also das hat schon einen enormen Kostendruck. Das heißt: Man kann im Prinzip jede Spur nur noch einmal anfassen. Entweder es klappt oder es klappt nicht. Und dann ist die Sache durch für das Geld. Und je mehr Spuren nicht funktionieren, umso mehr Geld verdient man letztendlich. Wenn man nach Zahl der Spuren bezahlt wird, ja, dann, je mehr Spuren ich sozusagen direkt aussortieren kann, umso weniger Kosten habe ich hinterher. Ob das die beste Lösung ist, weiß ich nicht, weil: Es ist leider so, dass das heutzutage in den Händen der Finanzleute ist und die Kontrolle sozusagen von den Experten so ein bisschen verlorengegangen ist. Es liegt einfach am europäischen Ausschreiberecht und Vergaberecht. Das ist das Problem, aber da will ich niemanden für den Schwarzen Peter in die Schuhe schieben. Aber weil das eben so große Auftragsvolumen sind, führt das Vergaberecht dazu, dass das über Ausschreibung europaweit vergeben werden muss. Und da ist dann die Qualität nur ein kleiner Aspekt unter vielen. Und ausschlaggebend ist bei vielen der Preis, wobei das in einzelnen Bundesländern durchaus unterschiedlich geregelt ist, muss man auch sagen. Ich weiß nicht, wie es in jedem einzelnen Bundesland ist. Da würde ich auch nicht zu viel sagen, weil: Möglicherweise gibt es auch welche, die das vernünftig geregelt haben. Denen will ich natürlich da nicht zu nahe treten.

Lutz Roewer: (1:29:39)

Ja, wenn ich noch was sagen soll, zur Hausnummer, weil ich hoffe ja, dass diese erweiterten DNA-Analysen, falls sie dann kommen, nicht ausgeschrieben werden, sondern dass die also durch Einzelvergabe an Experten gehen und dann. Wie gesagt: Wir untersuchen überwiegend Y-



Chromosomen, auch mitochondriale DNA. Wenn wir nur Y untersuchen – was dann erfordert, dass es eine Spur eines Mannes ist –, dann kommen wir im Durchschnitt für eine Spur auf 700 Euro mit einem zweistufigen Verfahren. Wenn wir noch die mitochondriale, also für die mütterliche Linie – die haben ja Männer auch, aber die Männer haben keine –, wenn wir das dann noch miteinbeziehen, dann kann es bis 1.000 gehen, aber so ist die Größenordnung, ja. Also es ist jetzt auch nicht extrem, weil: Die Methoden – wurde ja auch schon gesagt – [sind] eigentlich schon recht einfach, also vom Technischen her. Also da gibt es kompliziertere Methoden, die jetzt auch im Raum stehen. Da gibt es sehr viel Druck der Firmen. Die Y-Analyse mit Mitochondrien ist so etabliert, dass die auch im Labor mit überschaubaren Mitteln geleistet werden kann. Da geht es vor allem um die Gutachterstunden, aber das kann man dann auch –. Aber es ist jetzt in Zeiten des Preis-Dumpings, wo es bei 100 Euro liegt oder weniger oder 60 oder 70 Euro für eine DNA-Spur, ist es dann immer das Zehnfache: Also das müsste man dann zumindest in die Hand nehmen.

Moderatorin: (1:31:07)

Vielen Dank. Jetzt müssen wir wirklich zum Ende kommen, weil auch Herr Schneider zum Flughafen muss und schon in den Startlöchern sitzt.

Deswegen noch ganz kurz die Info: Zumindest Frau M'charek und Herr Roewer sind noch hier. Falls der eine oder andere noch eine Follow-up-Frage hat, lässt die sich dann auch noch hier eins zu eins klären. Und außerdem haben wir auch noch drei andere Experten hier im Publikum, die von der Anhörung aus dem Justizministerium mit hier als Gäste dazugestoßen sind. Falls da vielleicht noch Interesse besteht für die Journalisten. Das sind zum einen Matthias Wienroth aus London, der Erfahrungen mit der DNA-Analyse in Großbritannien hat. Veronika Lipphardt vom University College in Freiburg, die den einen Offenen Brief initiiert hat. Und die – ich glaube, ich darf es sagen – die Schwester Anna Lipphardt von der Universität Freiburg, die den Fall des Heilbronner Phantoms wissenschaftlich aufbereitet hat.

Und wer es braucht, wen es interessiert: Es wird einen Audiomitschnitt geben. Den werden wir noch heute Abend auf die Website stellen.

Und es gibt auch ein Transkript. Das wird ungefähr morgen Abend oder dann übermorgen am Morgen auf der Webseite erscheinen. Einfach sciencemediacenter.de auf der Startseite unter „Aktuelle Beiträge“ finden Sie dann alles.

Nun bleibt nur noch eins zu sagen: Ganz, ganz herzlichen Dank vor allem an die Experten und selbstverständlich an die Journalisten – und bleiben Sie neugierig. Ich hoffe, es gibt auch in Zukunft weitere Fragen zu dem Thema. Vielen Dank.



press briefing

Ansprechpartner in der Redaktion

Franziska Badenschier

Redakteurin für Medizin und Lebenswissenschaften

Telefon +49 221 8888 25-0

E-Mail redaktion@sciencemediacenter.de

Impressum

Die Science Media Center Germany gGmbH (SMC) liefert Journalisten schnellen Zugang zu Stellungnahmen und Bewertungen von Experten aus der Wissenschaft – vor allem dann, wenn neuartige, ambivalente oder umstrittene Erkenntnisse aus der Wissenschaft Schlagzeilen machen oder wissenschaftliches Wissen helfen kann, aktuelle Ereignisse einzuordnen. Die Gründung geht auf eine Initiative der Wissenschafts-Pressekonferenz e.V. zurück und wurde möglich durch eine Förderzusage der Klaus Tschira Stiftung gGmbH.

Nähere Informationen: www.sciencemediacenter.de

Diensteanbieter im Sinne RStV/TMG

Science Media Center Germany gGmbH
Schloss-Wolfsbrunnenweg 33
69118 Heidelberg
Amtsgericht Mannheim
HRB 335493

Redaktionssitz

Science Media Center Germany gGmbH
Rosenstr. 42-44
50678 Köln

Vertretungsberechtigte Geschäftsführer

Mirko Meurer, Beate Spiegel, Volker Stollorz

Verantwortlich für das redaktionelle Angebot (Webmaster) im Sinne des §55 Abs.2 RStV

Mirko Meurer, Volker Stollorz

