

## SEMINARARBEIT

Rahmenthema des Wissenschaftspropädeutischen Seminars:

*Forensik*

Leitfach: *Chemie*

Thema der Arbeit:

### **Identifizierung eines Täterprofils mittels PCR und des genetischen Fingerabdrucks**

Verfasser/in:  
Miriam Bartenschlager

Kursleiter/in:  
Frau Dimmelmeier

Abgabetermin: *spätestens 4.11.2014*

<b>Bewertung</b>	Note	Notenstufe in Worten	Punkte		Punkte
schriftliche Arbeit				x 3	
Abschlusspräsentation				x 1	
Summe:					
Gesamtleistung nach § 61 (7) GSO = Summe : 2 (gerundet)					

---

Datum und Unterschrift der Kursleiterin bzw. des Kursleiters

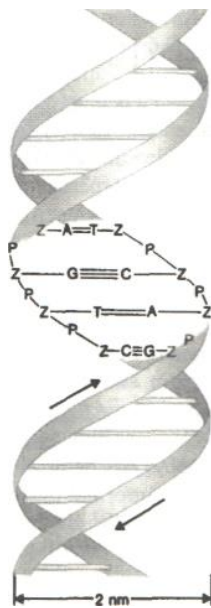
## Gliederung

<b>Inhaltsverzeichnis</b> .....	
<b>1. Einleitung</b> .....	1
<b>2. Identifizierung eines Täterprofils mittels PCR und des genetischen Fingerabdrucks</b> .....	3
2.1 PCR – Polymerase Chain Reaction.....	3
2.1.1 Materialprobenaufbereitung.....	3
2.1.2 Geschichte der PCR.....	4
2.1.3 Taq-Polymerase des <i>Thermus Aquaticus</i> .....	5
2.1.4 Verwendungszweck der PCR.....	6
2.1.5 Durchführung der PCR.....	7
2.2 Der genetische Fingerabdruck.....	8
2.2.1 Methoden zur Erfassung des genetischen Fingerabdrucks.....	8
2.2.2 Prinzip und Material der Gelelektrophorese.....	10
2.3 Identifikation eines Täterprofils in der Kriminalistik.....	12
2.3.1 Die erste Überführung durch den genetischen Fingerabdruck.....	12
2.3.2 Der Fall Christina Nytsch.....	12
2.4 Sensitivität und rechtliche Grundlagen.....	13
<b>3. Literaturverzeichnis</b> .....	14
3.1 Buchquellen.....	14
3.2 Internetquellen.....	14
<b>4. Selbstständigkeitserklärung</b> .....	16

## 1. Einleitung:

Am 10. September 1984 entdeckte Alec Jeffreys einen Identifikationsnachweis, welcher den individuellen genetischen Fingerabdruck darstellt. Dieser Nachweis visualisiert die Summe der sich von anderen Individuen unterscheidenden DNA-Abschnitte, deshalb kann man ein Individuum vom anderen unterscheiden. Kein genetischer Fingerabdruck gleicht dem anderen, daher ist dieses Verfahren ein beliebtes Identifikationsmittel in der Kriminalistik. Aber warum kann man einen Menschen mittels des genetischen Fingerabdrucks überhaupt identifizieren? Jede Zelle des Menschen enthält DNA, sie besteht aus Einzelteilen, den Chromosomen. Der Mensch besitzt 46 Chromosomen, die sich in 44 Autosomen (Körperchromosomen) und 2 Gonosomen (Geschlechtschromosomen) unterteilen lassen. Mit Hilfe der Gonosomen lässt sich die DNA einer weiblichen Person von der einer männlichen Person unterscheiden. Die Gonosomen einer Frau setzen sich aus zwei X-Chromosomen zusammen, während die eines Mannes sowohl aus einem X- als auch aus einem Y-Chromosom bestehen. Seit 1953 weiß man, dass die DNA „strickleiterförmig“ aufgebaut ist. Watson und Crick fanden heraus, dass die DNA aus zwei komplementären Strängen besteht, die aus Zucker- und Phosphatmolekülen aufgebaut sind. An den Zuckermolekülen bindet an jedem Strang jeweils eine Base. Diese Basen binden nach folgendem Muster: Guanin bindet mit drei Wasserstoffbrücken an Cytosin, während Thymin mit nur zwei Wasserstoffbrücken an Adenin bindet. So entsteht die typische Strickleiterform, der Doppelstrang.

Abbildung 1: Struktur der DNA<sup>1</sup>



Die Abfolge der Basenpaare ergibt den genetischen Code. Das menschliche Genom besteht aus etwa 3,3 Milliarden Bausteinen.<sup>2</sup> Es gibt sowohl kodierende, als auch nicht kodierende Bereiche. Nur die kodierenden Bereiche der DNA sind Träger der Erbinformation. Sie kodieren mit Hilfe der Proteinbiosynthese die DNA in Proteine. Proteine sind lebenswichtige Eiweiße, die für die Entwicklung und Funktion des Körpers verantwortlich sind. Diese kodierenden Bereiche nennt man Exons; sie machen nur etwa zwei bis drei Prozent des gesamten Genoms aus. Die Exons sind für den Phänotyp eines Menschen verantwortlich, also für das

<sup>1</sup> Linder/Bayrhuber, S.333

<sup>2</sup> vgl. Die Novellierung der forensischen DNA-Analyse S. Hasselbach S. 11

Erscheinungsbild, wie zum Beispiel Krankheiten, Funktionen und Ausprägungen des Körpers.<sup>3</sup> Der Rest der DNA besteht aus Introns, das sind nicht kodierende Bereiche. Die vollständige Funktion der Introns wird noch erforscht. Man geht davon aus, dass diese als eine Art „Pufferzone“ dienen, um Mutationen zu verhindern. Durch „Intronsplicing“ kann man aber auch die Variabilität erhöhen. Dabei werden die Introns herausgeschnitten und somit entstehen neue Variationen in den kodierenden Proteinen. Die Introns sind zwischen den Exons angelegt. Man kann Menschen nur durch genetische Unterschiede über den genetischen Fingerabdruck unterscheiden, deshalb nutzt diese Technik die Information, die die Introns enthalten, denn diese werden über Generationen weitergegeben und führen deshalb zur Individualität des einzelnen Menschen. Es ist bekannt, dass es in der DNA stark konservierte Bereiche und wenig stark konservierte Bereiche gibt. Die stark konservierten Bereiche entsprechen eher der Urform der Zelle. Hier sind elementare Informationen über den Grundbauplan von Zellen, wie zum Beispiel der Zellkern oder die Zellmembran gespeichert, während dagegen die wenig stark konservierten Bereiche mehr Variabilität zulassen und deshalb zur Identifikation hilfreich sind. Der genetische Fingerabdruck an sich erfasst aber das gesamte Genom des Menschen. Durch diese Merkmale in der DNA kann man eine Person von der anderen unterscheiden beziehungsweise identifizieren. Die Methode der PCR und ausgewählte Verfahren zum Nachweis des genetischen Fingerabdrucks werden im Folgenden aufgeführt und näher erläutert.

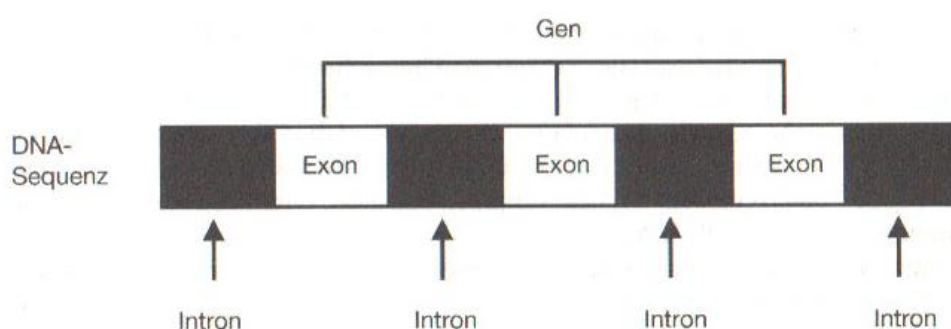


Abbildung 2: Die kodierenden DNA-Bereiche eines Gens (Exons) befinden sich zwischen nicht kodierenden DNA-Bereichen (Introns)<sup>4</sup>

<sup>3</sup> Genetischer Fingerabdruck und genetisches Phantombild Dr. C. West S. 28

<sup>4</sup> Genetischer Fingerabdruck und genetisches Phantombild Dr. C. West S. 29

## **2. Identifizierung eines Täterprofils mittels PCR und des genetischen Fingerabdrucks**

### **2.1 PCR-Polymerase Chain Reaction**

#### **2.1.1 Materialprobenaufbereitung**

Zur Darstellung des genetischen Fingerabdrucks muss man zunächst die DNA einer Probe isolieren. Man kann theoretisch jede beliebige Probe des Menschen nutzen, die einen Zellkern zur Extraktion der DNA enthält. Somit kann man zum Beispiel Blut, Sperma, Haare, Knochen, Zähne, Haut oder Speichel untersuchen. Dabei ist Blut das am häufigsten untersuchte Material, weil es sehr oft an Tatorten sichergestellt werden kann. Zur Analyse reicht aber auch schon ein kontaminierter Gegenstand, wie beispielsweise ein Zigarettenstummel, eine angefeuchtete Briefmarke oder kontaminierte Waffen. Das macht dieses Verfahren äußerst interessant für die Erstellung eines Täterprofils. Bei der Isolierung der DNA muss man Folgendes beachten: Man benötigt mindestens 50 Picogramm der DNA, um einen genetischen Fingerabdruck erstellen zu können. Um die PCR durchführen zu können, muss man intakte Doppelstränge zur Verfügung haben. Hat man DNA Material, das zu viele Lücken aufweist, kann man diese nicht mehr vervielfältigen und damit ist das Material unbrauchbar für die späteren Schritte. Zuletzt muss man beachten, dass das Material gereinigt ist. Ist es zu stark mit „Inhibitoren“<sup>5</sup> vermischt, kann man das Material nicht nutzen, es muss also aufbereitet und gereinigt werden. Inhibitoren sind Stoffe, die die DNA verunreinigen, das können zum Beispiel Chemikalien oder Materialien sein, auf denen das biologische Material sichergestellt wurde. Auch wenn die DNA mit anderer DNA beschmutzt ist, wie zum Beispiel mit Fleischresten im Mund beziehungsweise im Speichel, ist die Probe nicht mehr verwendbar.

Es gibt mehrere Methoden, um DNA zu isolieren. Die drei Bekanntesten sind die Kochlyse, die organische Methode und die Silica-Membran Methode.

Die erste und zweite Methode ist weniger gut geeignet für die Aufbereitung von Spurenmaterial, da sie die oben genannten Voraussetzungen nicht oder nur schlecht erfüllen. Die dritte Methode hingegen ist dafür sehr gut geeignet. Bei der Isolierung mit Hilfe der organischen Methode, wird durch Zentrifugation eine Phasentrennung der organischen von der wässrigen Phase erreicht. Das für die PCR unnötige Material der Zelle, wie Proteine oder Lipide wird von der DNA getrennt. Der Nachteil dieser Methode ist aber, dass sie sehr zeitaufwändig und kontaminationsanfällig ist, da man die Probe

---

<sup>5</sup> <http://scienceblogs.de/bloodnacid/2011/03/29/forensische-genetik-dnaextraktion/>

mehrmals umfüllen muss. Ein weiterer Nachteil sind die giftigen Chemikalien, wie Phenol und Chloroform, die dafür benötigt werden.

Bei der Kochlyse wird das Spurenmaterial gekocht, um die Zellmembranen und Organellmembranen mit Hilfe der Lyse aufzulösen. Dadurch gewinnt man die DNA. Der Nachteil dieses Verfahrens ist die schlecht gereinigte und stark beanspruchte DNA. Hat man nur sehr wenig Spurenmaterial, läuft man Gefahr dieses unbrauchbar zu machen. Diese Methode eignet sich deshalb besser für Vaterschaftstests, bei denen man eine beliebige Menge der DNA aus der Mundschleimhaut isolieren kann.

Die Silica-Membran Methode wird häufig für die Isolierung der DNA aus Spurenmaterial genutzt. Der Vorteil dieser Methode ist die Reinheit der DNA, die geringe Kontaminationsanfälligkeit und die Möglichkeit, dieses Verfahren automatisiert, also maschinell ablaufen zu lassen. Dabei wird die DNA mit Hilfe von chaotropen Salzen an Siliziumdioxid, auch Silica genannt, reversibel, das bedeutet wieder lösbar, gebunden. Zunächst werden die Zellen des Spurenmaterials durch das Enzym Proteinase K aufgebrochen. Danach wird das entstandene Gemisch mit den chaotropen Salzen versetzt und auf eine Silica-Membran aufgetragen. Daran binden nun die DNA-Moleküle. Die restlichen Zellbestandteile werden aus der Silica-Membran ausgewaschen, somit erhält man als Produkt reine DNA. Als letzten Schritt trennt man die DNA von der Silica-Membran, indem man mit einer Lösung ohne chaotropen Salze spült. Nun kann die gereinigt DNA analysiert werden.

### **2.1.2 Geschichte der PCR**

Einer Anekdote zufolge soll der nach eigenen Angaben von LSD beeinflusste Forscher Kary Mullis eines Abends, als er vom Surfen am Strand zurück in sein Ferienhaus fuhr, einen Einfall gehabt haben, der die Forschung in der Biochemie revolutionieren sollte. Er entwickelt eine bessere, innovativere Form der PCR. Seither wird das Verfahren in vielen Bereichen genutzt. Vor Mullis fand die PCR aber auch schon gelegentliche Anwendung.

Die Polymerase Chain Reaction (PCR) oder Polymerase-Kettenreaktion wird seit 1971 angewandt. Mit ihr lassen sich winzige Mengen DNA sehr schnell in vitro vervielfältigen. Ziel der PCR ist es, das genetische Material so oft zu vervielfältigen, dass man es gut visualisieren und auswerten kann. Theoretisch kann man die PCR schon anwenden, wenn man nur ein einziges Molekül der DNA zu Verfügung hat. Durch dieses Verfahren kann man genügend DNA produzieren, um zum Beispiel den genetischen Fingerabdruck zu

erstellen. Kjell Kleppe arbeitete zu dieser Zeit mit dem Enzym Klenow-Polymerase, um DNA zu synthetisieren. Diese Polymerase war aber nicht hitzestabil und konnte der Denaturierung, die bei der PCR angewandt wird, nicht standhalten. Weil das Verfahren der PCR immer wieder wiederholt wird, musste man die Polymerase nach jeder Denaturierung neu hinzugeben. Erst im Jahr 1980 gelang Kary Mullis der Durchbruch in diesem Verfahren. Er nutzte die isolierte DNA-Polymerase eines thermophilen Bakteriums, um die Denaturierungsphase unbeschadet zu überstehen. Die PCR konnte so viel schneller ablaufen und revolutionierte dadurch die Molekularbiologie. Obwohl er zunächst auf Missachtung stieß und namhafte Fachzeitschriften, wie „Nature“ oder „Science“ seine Entdeckung nicht veröffentlichen wollten, weil sie die Bedeutung der PCR in der Biologie nicht erkannten, erhielt er später, im Jahr 1993 zusammen mit Michael Smith den Nobelpreis in Chemie. Gesponsert von der Firma Cetus Pharmaceuticals wurde das Verfahren bekannt und schließlich wurde es 1987 patentiert und anschließend verkauft. Seither wird die PCR in vielen verschiedenen Bereichen genutzt.<sup>6</sup> Sie findet sowohl in der Medizin, der Biologie und der Kriminalistik Anwendung. Der Mutationsnachweis im Genom von Patienten mit Sichelzellenanämie war die erste Anwendung der PCR.<sup>7</sup> Heute nutzt man die PCR sehr vielfältig. Zum einen ist sie fester Bestandteil der Klonierung oder zum Nachweis von Viren, zum anderen wird sie auch beim genetischen Fingerabdruck angewandt.

### **2.1.3 Taq-Polymerase des *Thermus Aquaticus***

Wie oben schon erwähnt, benötigt man für die PCR möglichst hitzestabile DNA-Polymerasen. Deshalb nutzt man die aus dem *Thermus Aquaticus* isolierte Taq-Polymerase. Der *Thermus Aquaticus* ist ein Bakterium, das an sehr heißen Orten, wie Geysiren oder heißen Quellen lebt. Ursprünglich entdeckte man den *Thermus Aquaticus* im Yellowstone National Park in den USA. Auf die dortigen Lebensbedingungen angepasst, erreicht das Enzym des *Thermus Aquaticus* sein Reaktionsoptimum ab ca. 70° Celsius. Bei diesen Temperaturen kommt es bei vielen anderen Enzymen, zum Beispiel auch beim Menschen zu einer Denaturierung, hier reicht schon eine Temperatur ab 40°Celsius aus, um die Enzyme zu denaturieren, das heißt, dass das Enzym seine Tertiärstruktur verändert und dadurch zerstört wird. Das ist bei der Taq-Polymerase nicht der Fall, denn das Enzym besitzt ein mutiertes Kälteschockprotein und ist dadurch stabiler. Das ermöglicht dem *Thermus Aquaticus* in den heißen Quellen zu existieren. Diese

---

<sup>6</sup> Vgl. [http://www.biospektrum.de/blatt/d\\_bs\\_pdf&\\_id=934558](http://www.biospektrum.de/blatt/d_bs_pdf&_id=934558)

<sup>7</sup> Vgl. [http://www.biospektrum.de/blatt/d\\_bs\\_pdf&\\_id=934558](http://www.biospektrum.de/blatt/d_bs_pdf&_id=934558)

Eigenschaft ist die optimale Voraussetzung für die Anwendung in der PCR, denn bei ihr ist eine Temperatur von 95° Celsius nötig, um die DNA Stränge voneinander zu trennen. Inzwischen kann man diese Enzyme aber nicht nur aus dem *Thermus Aquaticus* gewinnen, sondern auch aus dem Bakterium *Escherichia Coli*. Darin wird die Gensequenz der Taq-Polymerase eingefügt und somit lässt sich die Polymerase mit Hilfe des *E. Coli* klonieren.

### **2.1.4 Verwendungszweck der PCR**

Die PCR findet in vielen Bereichen Anwendung, einige werden hier vorgestellt. In der Infektionsdiagnostik ist sie heute fester Bestandteil. Ein großer Vorteil gegenüber anderen Verfahren ist, dass man rasch eine Diagnose stellen kann und dem betroffenen Patienten dadurch schneller helfen kann. Des Weiteren ist das PCR-Verfahren sehr spezifisch, deshalb kann man den Krankheitserreger sehr genau identifizieren. Das „Therapiemonitoring“<sup>8</sup> kann mit der PCR die Anzahl des Erbguts eines Erregers bestimmen. Diese Kenntnis hat Auswirkungen auf den Therapieerfolg.

Ebenso wird die PCR in der Pränataldiagnostik verwendet. Mit ihrer Hilfe können in einem Fetus Anomalien der Chromosomenzahl ermittelt werden. So kann man ein Kind schon im Mutterleib auf Trisomie 21 oder Trisomie 18 testen. Auch Infektionen des Fetus können durch die PCR untersucht werden. Dazu nimmt man wenige Zellen aus dem Fruchtwasser und analysiert sie.

Seit einiger Zeit nutzt man die PCR aber auch für die Paläontologie. Man kann damit Verwandtschaftsverhältnisse zwischen bereits ausgestorbenen und noch existierenden Arten aufzeigen. Durch schlechte Lagerbedingungen von ausgestorbenen Tieren, wie zum Beispiel Mammuts in Eis oder in Bernstein konservierte Insekten haben diese oft kein intaktes Erbgut mehr. Durch die PCR kann man die DNA-Fragmente wieder vervollständigen und danach analysieren.

In der Kriminalistik ist die PCR nicht mehr wegzudenken. Da man an Tatorten oft nur sehr wenig Spurenmaterial des Täters zur Verfügung hat, muss man die PCR anwenden, um genug DNA des Täters zu gewinnen, um diesen später durch den genetischen Fingerabdruck identifizieren zu können.

---

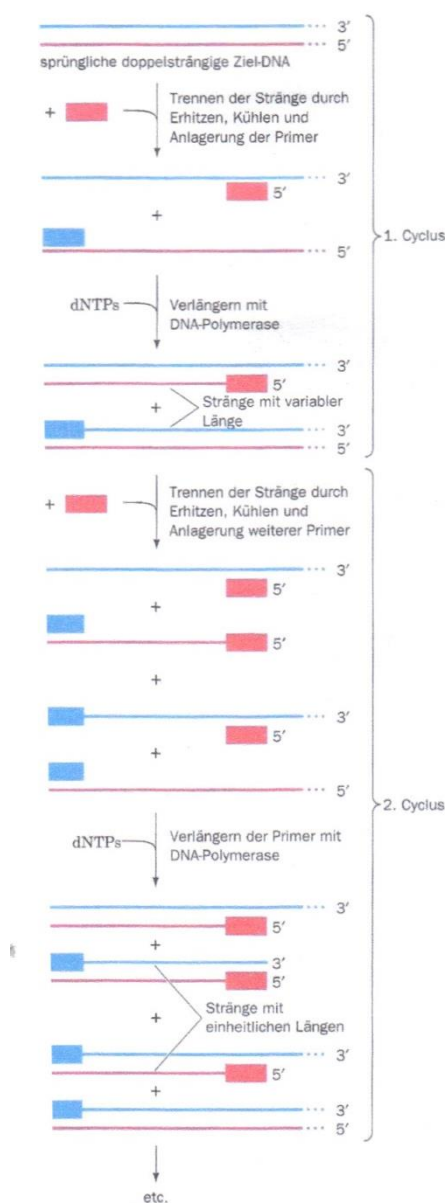
<sup>8</sup> <http://www.labor-leipzig.de/PCR-Polymerasekette.398.0.html>



## 2.1.5 Durchführung der PCR

Die PCR ist, wie oben schon erwähnt, eine Methode zur DNA-Amplifikation. Sie ist zyklisch, das bedeutet, sie besteht aus drei Schritten, die mehrmals wiederholt werden. Mit jedem Durchgang des Zyklus verdoppelt sich die Menge der zu amplifizierenden DNA-Helix. Es ist also ein exponentielles Wachstum. Nach beispielsweise 20 Zyklen ergibt sich eine Molekülanzahl von  $2^{20}=1048576$ . Diese Molekülanzahl multipliziert man wiederum mit 2, da die DNA aus zwei Strängen besteht. Es ergibt sich nach 20 Zyklen also eine

Abbildung 3: Die Polymerasekettenreaktion<sup>9</sup>



Molekülanzahl von 2097152. Schritt eins der PCR ist die Denaturierung der DNA. Man erhitzt die DNA auf ca. 90° Celsius, dabei lösen sich die Wasserstoffbrückenbindungen, die die komplementären Stränge an den Basen verbinden. Somit erhält man zwei Einzelstränge. Folge der Denaturierung sind veränderte physikalische Eigenschaften. Der zweite Schritt ist das Annealing. Dabei wird die Temperatur auf ca. 50° Celsius abgekühlt. Die genaue Annealing-Temperatur ist abhängig von der Primerlänge, der Salzkonzentration und der Basenzusammensetzung<sup>10</sup>. Dadurch können die in der Lösung befindlichen Primer an die Einzelstränge, die als Matrizen fungieren, ansetzen. Der Primer dient als Startpunkt für die DNA-Polymerase. Diese repliziert den DNA-Strang im Schritt drei. Diesen Schritt nennt man Extension. Er läuft bei einer Temperatur von ca. 70° Celsius ab. Hier wird die schon erläuterte Taq-Polymerase aktiv. Vom Primer aus synthetisiert die Taq-Polymerase den komplementären DNA-Strang. Als Bausteine für die Synthese der Taq-Polymerase werden Desoxynukleosidtriphosphate genutzt. Es gibt zwei verschiedene Primer. Der forward-Primer setzt am (+) - Strang an. Dieser wird von 5` zu 3` synthetisiert. Der

<sup>9</sup> Vgl. Lehrbuch der Biochemie S. 60

<sup>10</sup> vgl. Intensivkurs Biochemie S. 254

reserve-Primer setzt am (-) -Strang an, der von 3` zu 5` synthetisiert.<sup>11</sup> Nach diesem Schritt beginnt der Zyklus von neuem. Aus den zuvor synthetisierten Doppelsträngen entstehen vier neue Doppelstränge. Das entstandene Produkt weist zwischen 80 und 500 Basenpaare auf. Die PCR findet in einem Thermocycler statt. Dieser kann die Temperatur, die bei den jeweiligen Schritten benötigt wird sehr spezifisch anpassen.

## **2.2 Der genetische Fingerabdruck**

### **2.2.1 Methoden zur Erfassung des genetischen Fingerabdrucks**

Mit dem genetischen Fingerabdruck kann man alle Menschen voneinander unterscheiden. Eine Ausnahme bilden dabei jedoch eineiige Zwillinge. Sie besitzen dieselbe DNA. Die Unterscheidung ist einerseits möglich, weil man eine Art Strichcode der DNA erstellen kann. Dieser Code besteht aus DNA Fragmenten, die sich in ihrer Länge unterscheiden. Jeder Mensch hat einen anderen Code, so wie jeder Mensch auch einen anderen Fingerabdruck hat. Deshalb nennt man dieses Verfahren genetischer Fingerabdruck. Man kann dadurch auch die Verwandtschaftsverhältnisse klären, denn je mehr Striche des genetischen Fingerabdrucks zweier Menschen übereinstimmen, desto näher sind sie miteinander verwandt. Deshalb wird dieses Verfahren auch für Vaterschaftstests angewandt.<sup>12</sup> Eine andere Methode ist die Sequenzierung, bei der die genaue Basenabfolge analysiert wird. Der Nachteil daran ist, dass diese Methode sehr kostenaufwändig ist und daher nicht für Standardmethoden, sondern nur für die Forschung genutzt wird.

Es gibt eine Vielzahl an Methoden die genutzt werden, um Unterschiede der DNA im genetischen Fingerabdruck nachzuweisen. Einige werden im Folgenden erklärt.

Zum einen nutzt man die tandem repeats beziehungsweise die short tandem repeats (STR), auch Mikrosatelliten genannt. Das sind Bereiche im Genom, die sich in der Anzahl ihrer Wiederholungen unterscheiden. Sie kommen auf allen Chromosomen in jeder Zelle vor und können zwischen zwei und sieben Basenpaare aufweisen.<sup>13</sup> Die Wiederholungen sind von Mensch zu Mensch unterschiedlich, deshalb kann man die STRs als Identifikationsnachweis nutzen. Die vorher mit Hilfe von fluoreszierenden Primern durch PCR amplifizierten STR-Bereiche enthalten weniger als 500 Basenpaare, deshalb können Unterschiede in den STRs schnell gefunden werden.<sup>14</sup> Da diese Bereiche relativ klein sind,

---

<sup>11</sup> Vgl. Intensivkurs Biochemie S. 254

<sup>12</sup> vgl. <http://www.planet->

wissen.de/politik\_geschichte/verbrechen/kriminalistik/genetischer\_fingerabdruck.jsp

<sup>13</sup> Genetischer Fingerabdruck und genetisches Phantombild Dr. C. West S. 35

<sup>14</sup> Vgl. Lehrbuch der Biochemie S. 73

kann man sie sofort mit der Gelelektrophorese darstellen und mit Fluoreszenz nachweisen. STR-Stellen, die für die Forensik genutzt werden, haben zwischen 7 und 30 verschiedene Allele. Wendet man diesen Test zur Identifikation an, ist es sehr unwahrscheinlich, dass man eine falsche Person überführt. Hat man zum Beispiel ein Allelpaar, von dem ein Allel von der Mutter und eines vom Vater stammt, an einer Stelle mit einer Häufigkeit von 10 Prozent in der Bevölkerung und ein weiteres an anderer Stelle mit der Häufigkeit von 5 Prozent, dann liegt die Wahrscheinlichkeit, dass sich zwei Menschen an dieser Stelle gleichen bei 1 zu 200. Man vergleicht aber nicht nur zwei Stellen, sondern viel mehr. Deshalb ergibt sich eine sehr geringe Wahrscheinlichkeit, dass sich zwei Menschen in denselben Abschnitten gleichen.<sup>15</sup>

Eine weitere Methode den genetischen Fingerabdruck des Menschen darstellen zu können ist der Restriktionslängenpolymorphismus, kurz RFLP. Das Genom zweier Menschen unterscheidet sich nicht nur in den STRs, sondern auch in den Schnittstellen für die Restriktionsendonucleasen. Der Bereich, der dargestellt werden soll, wird zunächst mittels PCR amplifiziert und danach mit Hilfe von Endonucleasen in mehrere Millionen Teile zerschnitten. Die Enzyme funktionieren dabei wie Scheren, die die DNA spalten können. Man erhält somit unterschiedlich lange DNA Stränge, die dann elektrophoretisch aufgetrennt und mittels der entstandenen Banden unterschieden werden. Bei zwei identischen Genomen sind die Längen gleich, d.h. der Test gilt als positiv.

Man kann aber auch Unterschiede in der Basensequenz als Merkmal für Bindungsstabilität und Thermolabilität nutzen, um ein Elektrophoresebild zu erstellen. In der DNA bindet Guanin mit drei Wasserstoffbrückenbindungen an Cytosin, während Thymin mit nur zwei Wasserstoffbrückenbindungen an Adenin bindet. Je mehr Guanin/Cytosin Bindungen in der DNA vorkommen, desto stabiler ist sie, weil mehr Energie benötigt wird, um sie aufzutrennen. Hat man eine Elektrophorese mit Temperaturgradient, so spaltet sich die DNA mit mehreren Thymin/Adenin Bindungen schneller, da sie mit ihren zwei Wasserstoffbrückenbindungen weniger stabil ist. Diese kleineren Einzelstränge wandern dann schneller durch das Agarosegel. Vergleicht man das Elektrophoresebild vom mutmaßlichen Täter mit dem Bild des Spurenmaterials und stellt fest, dass beide dasselbe Muster aufweisen, so ist es sehr wahrscheinlich, dass der Täter die Tat begangen hat. Rechtlich ist dieser Test noch kein eindeutiger Beweis, da die Tests auch fehlerhaft sein können.

---

<sup>15</sup> Vgl. Lehrbuch der Biochemie S. 73

## 2.2.2 Prinzip und Material der Gelelektrophorese

Nachdem man zum Beispiel die RFLP-Methode angewandt hat, kann man mit Hilfe der Gelelektrophorese die DNA-Sequenzen der Länge nach sortieren. Das findet in einem elektrischen Feld statt. Dabei wird die natürliche negative Ladung, die die DNA im basischen Milieu hat, ausgenutzt. Ist dieser Schritt erfolgt, werden die DNA Stücke häufig mit Hilfe der Southern-Blot-Methode auf eine Folie übertragen und fixiert. Beim Southern-Blotting wird die DNA, die sich im Agarosegel befindet denaturiert, danach legt man eine Folie aus Nitrocellulose über das Gel. Mit Hilfe eines elektrischen Stroms tritt die DNA aus dem Gel auf die Folie. Danach gibt man eine Flüssigkeit mit radioaktiv markierten DNA-Sonden hinzu. Die Sonde hybridisiert mit den DNA-Fragmenten und wird anschließend sichtbar gemacht.<sup>16</sup> Man kann das Ergebnis aber auch mit UV-Licht direkt vom Gel ablesen.

Die DNA besteht aus Zuckermolekülen, Phosphaten und Basen. Um verstehen zu können, wie die Gelelektrophorese abläuft muss man die Ladung der DNA betrachten. DNA kann sowohl protoniert, als auch deprotoniert vorliegen. Wenn die DNA protoniert ist, ist sie neutral geladen, während sie in deprotonierter Form eine negative Ladung hat. Die OH<sup>-</sup> Konzentration ist also höher als die H<sup>+</sup> Konzentration. Eine positive Ladung hat die DNA niemals.

Für die Gelelektrophorese trägt man die DNA-Fragmente im basischen Milieu bei einem pH-Wert von 8, auf ein Agarosegel auf und erzeugt ein elektrisches Feld. Weil man die DNA-Fragmente an der negativ geladenen Kathode ansetzt, wandern sie durch das Gel in Richtung der positiv geladenen Anode, da sich negative Ladungen abstoßen und positive Ladungen anziehen.

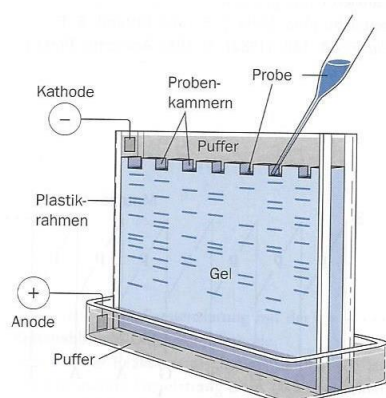


Abbildung 4: Gelelektrophoreseapparatur: Die Proben werden in Taschen im Gel aufgetragen und wandern von der Kathode zu Anode<sup>17</sup>

Um sicher zu stellen, dass der pH-Wert während des Prozesses basisch bleibt, muss man das Agarosegel mit Elektrophoresepuffern „puffern“. Diese Puffer sorgen dafür, dass das basische Milieu

<sup>16</sup> Vgl. Intensivkurs Biochemie S. 255

<sup>17</sup> Vgl. Lehrbuch der Biochemie S. 59

erhalten bleibt, denn sie lassen sich von anderen Einflüssen nicht verfälschen. Aufgrund der unterschiedlichen Größe der DNA-Fragmente wandern diese nicht gleich schnell, da das ungeladene Agarosegel, in dem sich Hohlräume befinden und es deshalb wie ein Netz wirkt, die großen Teile ausbremst. Je kleiner die Teilchen sind, desto schneller wandern sie durch das Gel. So entsteht ein Muster, das für jeden Menschen individuell ist. Damit man diese Muster auswerten kann, muss man neben der zu identifizierenden Probe so genannte Marker mitlaufen lassen. Diese Marker werden am Rand des Agarosegels aufgetragen und helfen bei der Auswertung, weil sie aus einer Mischung von DNA-Fragmenten bestehen, deren Größe bereits bekannt ist. Heute gibt es viele, bereits fertiggestellte Markersets auf dem Markt, die man kommerziell erwerben kann. Um diese Bandenmuster sichtbar zu machen, fügt man fluoreszierende Stoffe zum Agarosegel hinzu, damit kann man die DNA-Fragmente mit Hilfe von UV-Licht sehen. Unter Fluoreszenz versteht man die kurzzeitige Emission also Aussendung von Licht, die entsteht, wenn ein Elektron angeregt also auf ein höheres Energieniveau gesetzt wird und kurz danach wieder in den Grundzustand zurückkehrt, weil der vorherige Zustand sehr instabil ist. Während das Elektron wieder in den Grundzustand wandert, gibt es ein Photon ab, das man sehen kann. Fluoreszenz funktioniert aber nur, wenn man den fluoreszierenden Stoff mit UV-Licht

bestrahlt.

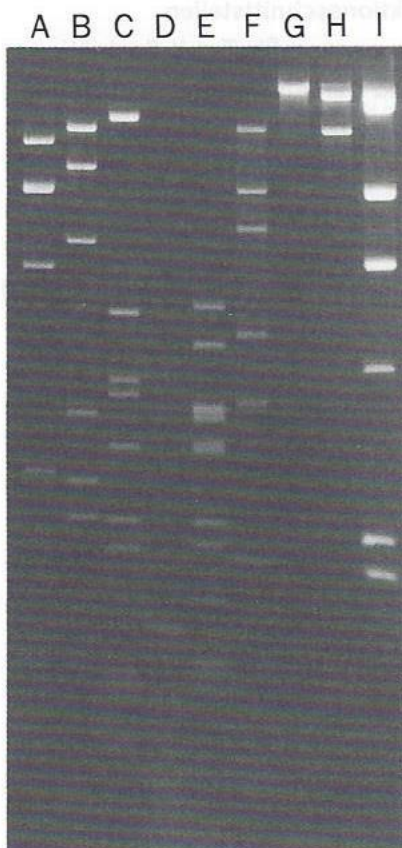


Abbildung 5: Elektrophoretogramm: Die Banden wurden mit Hilfe von Fluoreszenz sichtbar gemacht.<sup>18</sup>

<sup>18</sup> Vgl. Lehrbuch der Biochemie S. 60

## **2.3 Identifikation eines Täterprofils in der Kriminalistik**

### **2.3.1 Die erste Überführung durch den genetischen Fingerabdruck**

Das im Jahr 1985 entdeckte Verfahren zur Darstellung des genetischen Fingerabdrucks fand schon zwei Jahre nach seiner Entdeckung Anwendung in der Kriminalistik. Er trug dazu bei einen rätselhaften Mord aufzuklären. 1983 und 1986 wurden in der Grafschaft Leicestershire zwei Mädchen ermordet.<sup>19</sup> Für einen der beiden Morde wurde ein Täter überführt, der zweite Mord blieb ungeklärt. Weil die herkömmlichen Mittel der Polizei zu keinem Ergebnis führen, bittet die Polizei den Biochemiker Alec Jeffreys um Hilfe. Der von ihm entdeckte genetische Fingerabdruck soll den Fall der ermordeten Mädchen aufdecken. An beiden Opfern konnten Spermaspuren sichergestellt werden, mit denen Jeffreys den genetischen Fingerabdruck erstellte. Das Ergebnis lenkte die Ermittlungen in die richtigen Bahnen. Jeffreys stellte mit der Methode fest, dass beide Mädchen von ein und demselben Täter ermordet wurden. Der mutmaßliche Täter jedoch war es nicht. Durch ein „Massenscreening“<sup>20</sup> konnte 1987 der wahre Täter ermittelt werden. „Von diesem Fall an breitete sich die DNA-Analyse innerhalb von eineinhalb Jahren über alle großen Länder der Welt aus. Wie ein Lauffeuer“, so Alec Jeffreys.<sup>21</sup>

### **2.3.2 Der Fall Christina Nytsch**

Im Jahr 1998 wurde der genetische Fingerabdruck auch in Deutschland sehr bekannt. Der größte Gentest Deutschlands trug dazu bei, den Mörder der elfjährigen Christina Nytsch zu identifizieren. 18.000 Männer gaben eine Speichelprobe ab, darunter auch der Mörder. Die DNA-Analyse deckte sogar einen weiteren Mord auf, den der Täter zuvor begangen hatte. Männer im Alter zwischen 18 und 30 Jahre, die in der Nähe des Opfers wohnten, wurden zur Speichelabgabe aufgefordert. Der dadurch entstandene Druck, der auf dem Täter lastete, bewegte ihn ebenfalls zur Abgabe einer Speichelprobe. Dadurch konnte er gefasst und zu lebenslanger Haft verurteilt werden.

---

<sup>19</sup> Vgl. <http://www1.wdr.de/themen/archiv/stichtag/stichtag7050.html>

<sup>20</sup> <http://www1.wdr.de/themen/archiv/stichtag/stichtag7050.html>

<sup>21</sup> <http://www1.wdr.de/themen/archiv/stichtag/stichtag7050.html>

## **2.4. Sensitivität und rechtliche Grundlagen**

Abschließend lässt sich über die Sensitivität der rechtlich zugelassenen Methoden zur Identitätsfeststellung Folgendes sagen: Obwohl die Sensitivität zur Identifikation mittels des genetischen Fingerabdrucks sehr hoch ist, können dennoch gravierende Fehler auftreten. Fehlerquellen können zum Beispiel menschliches Handeln oder Fehler im Labor sein. Durch Verunreinigung des Spurenmaterials oder Verwechslung der Proben ist nicht ausgeschlossen, dass man eine unschuldige Person als Täter identifiziert. Um solche Irrtümer weitgehend auszuräumen ist man dazu übergegangen Doppelanalysen desselben Materials zu erstellen. Rechtlich gesehen ist die Tatsache, dass man einen Unschuldigen in Verdacht bringt wesentlich problematischer, als einen tatsächlichen Täter als unschuldig zu erklären. Die Wahrscheinlichkeit, dass man durch einen falsch interpretierten genetischen Fingerabdruck eine Übereinstimmung mit einem genetischen Fingerabdruck einer anderen Person hat, ist äußerst gering. Denkbar ist aber eine Positionierung genetischen Materials an Tatorten von Personen, die an der Tat unbeteiligt sind. Als Täter ist es ein leichtes, ein Haar von einer anderen Person am Tatort zu platzieren, um von sich selbst abzulenken. Dann mag zwar die Identitätsfeststellung mit Hilfe verschiedener DNA-Analysen stimmen, der Beschuldigte ist aber trotzdem nicht der Täter. Die Fehlerrate bei der Täteridentifizierung zwischen 1998 und 2002 lag bei 0,4 bis 0,7 Prozent<sup>22</sup>.

Seit 1997 gibt es in Deutschland eine rechtliche Regelung, die die DNA-Analysen betrifft. Der § 81e StPO erlaubt DNA-Analysen „[...]zur Feststellung der Abstammung oder der Tatsache, ob aufgefundenes Spurenmaterial von dem Beschuldigten oder dem Verletzten stammt [...]“<sup>23</sup> Seit 1998 existiert die DNA-Typisierungs-Datenbank des Bundeskriminalamts, darin sind die genetischen Fingerabdrücke derjenigen gespeichert, die bereits schwerwiegende Straftaten, wie zum Beispiel Mord, Totschlag oder Vergewaltigung begangen haben. Bereits 20 Länder in Europa haben eine nationale DNA-Datenbank, in der Straftäter gespeichert sind. 2007 umfasste die DNA-Datenbank 648644 Datensätze, wobei jeden Monat knapp 9000 neue Datensätze erfasst werden.<sup>24</sup>

<sup>22</sup> [http://www.krimlex.de/artikel.php?BUCHSTABE=&KL\\_ID=230](http://www.krimlex.de/artikel.php?BUCHSTABE=&KL_ID=230)

<sup>23</sup> §81e StPO [Molekulargenetische Untersuchung]

<sup>24</sup> [http://www.krimlex.de/artikel.php?BUCHSTABE=&KL\\_ID=230](http://www.krimlex.de/artikel.php?BUCHSTABE=&KL_ID=230)

### **3.Literaturverzeichnis:**

#### **3.1 Buchquellen:**

Voet Donald, Voet Judith, Pratt Charlotte, Lehrbuch der Biochemie, Wiley-VCH Verlag, zweite Auflage

Dettmer U., Folkerts M., Kächler E., Sönnichsen A., Intensivkurs Biochemie, Elsevier Verlag,

Hasselbach Sabrina, Die Novellierung der forensischen DNA-Analyse – Das Strafrecht vor neuen Herausforderungen, Logos Verlag,

West Christian, Genetischer Fingerabdruck und genetisches Phantombild – Eine verfassungsrechtliche Analyse, Boorberg Verlag, erste Auflage

#### **3.2 Internetquellen:**

Wilhelm , Jochen: PCR Die biochemische Kopiermaschine,  
URL:[http://www.biospektrum.de/blatt/d\\_bs\\_pdf&\\_id=934558](http://www.biospektrum.de/blatt/d_bs_pdf&_id=934558) (20.9.2014)

Cornelius, Courts: Forensische Genetik – DNA-Extraktion  
URL:<http://scienceblogs.de/bloodnacid/2011/03/29/forensische-genetik-dnaextraktion/>  
(19.10.14)

Hentschel, Georg: Genetischer Fingerabdruck,  
URL:[http://www.planet-wissen.de/politik\\_geschichte/verbrechen/kriminalistik/genetischer\\_fingerabdruck.jsp](http://www.planet-wissen.de/politik_geschichte/verbrechen/kriminalistik/genetischer_fingerabdruck.jsp)  
(17.9.2014)

Roche, PCR: Eine ausgezeichnete Methode  
URL:[http://www.roche.com/pcr\\_d.pdf](http://www.roche.com/pcr_d.pdf) (10.9.2014)

Labor Leipzig, Die Polymerasekettenreaktion (PCR) in der Infektionsdiagnostik  
URL:<http://www.labor-leipzig.de/PCR-Polymerasekette.398.0.html> (20.10.2014)

WDR, Blut, Spucke und Sperma  
URL:<http://www1.wdr.de/themen/archiv/stichtag/stichtag7050.html> (24.10.2014)  
n-tv, Speichelprobe 3889 führt zum Mörder  
URL:<http://www.n-tv.de/politik/Speichelprobe-3889-fuehrt-zum-Moerder-article144267.html> (29.10.2014)

Chemgapedia, Pränataldiagnostik  
URL:[http://www.chemgapedia.de/vsengine/vlu/vsc/de/ch/16/biochem/pcr/pcr\\_anwendung/anwendung.vlu/Page/vsc/de/ch/16/biochem/pcr/pcr\\_anwendung/geschlecht2.vscml.html](http://www.chemgapedia.de/vsengine/vlu/vsc/de/ch/16/biochem/pcr/pcr_anwendung/anwendung.vlu/Page/vsc/de/ch/16/biochem/pcr/pcr_anwendung/geschlecht2.vscml.html)  
(17.10.2014)

Chemgapedia, PCR-Diagnostik in der Paläontologie  
URL:[http://www.chemgapedia.de/vsengine/vlu/vsc/de/ch/16/biochem/pcr/pcr\\_anwendung/](http://www.chemgapedia.de/vsengine/vlu/vsc/de/ch/16/biochem/pcr/pcr_anwendung/)



anwendung.vlu/Page/vsc/de/ch/16/biochem/pcr/pcr\_anwendung/palaeont\_anwendung.vsc  
ml.html (17.10.2014)

Chemie-online, Elektrophorese von DNA

URL: <http://www.chemie-online.net/biochemie/desoxyribonukleinsaure-dna.php#elektrophorese> (01.11.2014)

Milosavljevic Dejan, Wolfgang Hübl, Elektrophorese – Eine Einführung

URL: [http://www.med4you.at/laborbefunde/techniken/elektrophorese/lbef\\_elektrophorese.htm#Die%20Tr%C3%A4ger-Elektrophorese](http://www.med4you.at/laborbefunde/techniken/elektrophorese/lbef_elektrophorese.htm#Die%20Tr%C3%A4ger-Elektrophorese) (02.11.2014)

Bröckel, Johann, Fluoreszenz

URL: <http://daten.didaktikchemie.uni-bayreuth.de/umat/fluoreszenz/fluoreszenz.htm#1>  
(02.11. 2014)

Video zu Intronsplicing

URL: <http://www.sumanasinc.com/webcontent/animations/content/mRNAsplicing.html>  
(02.11.2014)

Rand S., Schürenkamp M., Hohoff C., Brinkmann B., The GEDNAP blind trial concept part II.

Trends and developments

URL: [http://www.krimlex.de/artikel.php?BUCHSTABE=&KL\\_ID=230](http://www.krimlex.de/artikel.php?BUCHSTABE=&KL_ID=230) (02.11.2014)

KrimLEX, Genetischer Fingerabdruck

URL: [http://www.krimlex.de/artikel.php?BUCHSTABE=&KL\\_ID=230](http://www.krimlex.de/artikel.php?BUCHSTABE=&KL_ID=230) (02.11.2014)

#### **4. Selbstständigkeitserklärung**

Ich erkläre hiermit, dass ich die Seminararbeit ohne fremde Hilfe angefertigt und nur die im Literaturverzeichnis angeführten Quellen und Hilfsmittel benutzt habe.

\_\_\_\_\_, den \_\_\_\_\_  
Ort Datum

\_\_\_\_\_  
Unterschrift des Verfassers