



W. Ulbrich<sup>1</sup> · K. Anslinger<sup>2</sup> · G. Bäßler<sup>3</sup> · M. Eckert<sup>4</sup> · R. Fimmers<sup>5</sup> · C. Hohoff<sup>6</sup> ·  
M. Kraft<sup>7</sup> · C. Leuker<sup>8</sup> · G. Molsberger<sup>8</sup> · U. Pich<sup>9</sup> · S. Razbin<sup>10</sup> · H. Schneider<sup>11</sup> ·  
M. Templin<sup>12</sup> · A. Wächter<sup>9</sup> · V. Weirich<sup>1</sup> · H. Zierdt<sup>13</sup> · P. M. Schneider<sup>14</sup>

<sup>1</sup> Landeskriminalamt Mecklenburg-Vorpommern, Ramepe, Deutschland

<sup>2</sup> Institut für Rechtsmedizin, Ludwigs-Maximilians-Universität, München, Deutschland

<sup>3</sup> Landeskriminalamt Baden-Württemberg, Stuttgart, Deutschland

<sup>4</sup> Bundeskriminalamt, Wiesbaden, Deutschland

<sup>5</sup> Institut für Medizinische Biometrie, Informatik und Epidemiologie, Bonn, Deutschland

<sup>6</sup> Institut für Forensische Genetik, Münster, Deutschland

<sup>7</sup> Landeskriminalamt Berlin, Berlin, Deutschland

<sup>8</sup> Landeskriminalamt Nordrhein-Westfalen, Düsseldorf, Deutschland

<sup>9</sup> Landeskriminalamt Sachsen-Anhalt, Magdeburg, Deutschland

<sup>10</sup> Landeskriminalamt Bremen, Bremen, Deutschland

<sup>11</sup> Landeskriminalamt Hessen, Wiesbaden, Deutschland

<sup>12</sup> Landeskriminalamt Niedersachsen, Hannover, Deutschland

<sup>13</sup> Landeskriminalamt Hamburg, Hamburg, Deutschland

<sup>14</sup> Institut für Rechtsmedizin, Universitätsklinikum, Köln, Deutschland

# Gemeinsame Empfehlungen der Projektgruppe „Biostatistische DNA-Berechnungen“ und der Spurenkommission zur biostatistischen Bewertung von DNA-analytischen Befunden

## Inhaltsverzeichnis

- 1 Einleitung
- 2 Einordnung von Spuren und Berechnungsansatz
  - 2.1 Prüfkriterien
  - 2.2 Berechnungsansätze
  - 2.3 Grenzfälle

W. Ulbrich, M. Eckert, M. Kraft, C. Leuker, U. Pich, S. Razbin, M. Templin, A. Wächter, V. Weirich, H. Zierdt: Bund-Länder-Projektgruppe „Biostatistische DNA-Berechnungen“ der Kommission Kriminalwissenschaft und -technik/Erkennungsdienst (KKWT/ED)

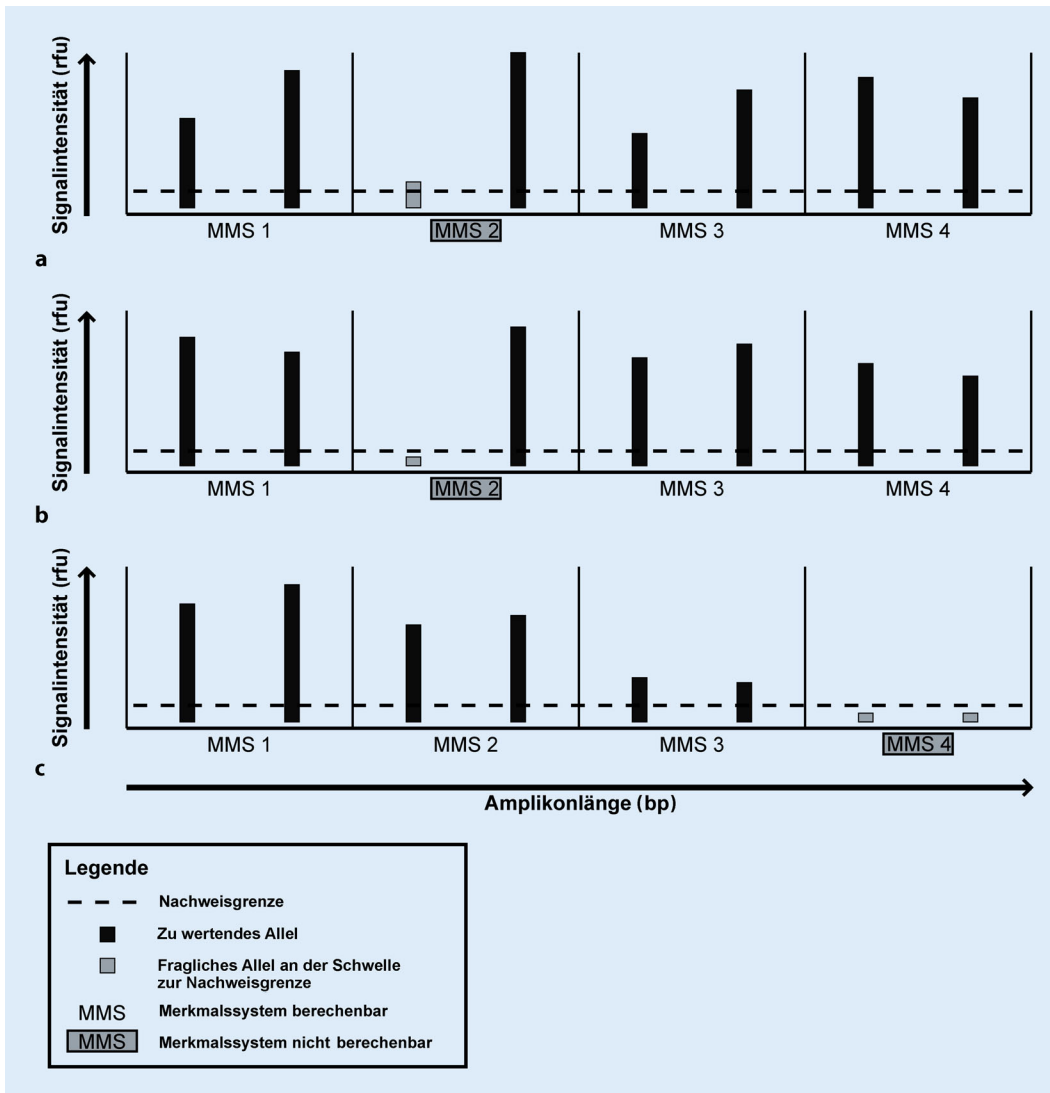
K. Anslinger, G. Bäßler, M. Eckert, R. Fimmers, C. Hohoff, G. Molsberger, H. Schneider, P.M. Schneider: Gemeinsame Spurenkommission der rechtsmedizinischen und kriminaltechnischen Institute

- 3 Verbalisierung biostatistischer Berechnungen
  - 3.1 „Likelihood ratio“
  - 3.2 Einschlusschance, „random man not excluded“
  - 3.3 Häufigkeit der Merkmalskombination
- 4 Konventionen
  - 4.1 Referenzpopulation
  - 4.2 Berechnung seltener Allele
  - 4.3 Schwellenwert zur statistisch begründbaren Zuordnung von Spuren
- 5 Weitere Aspekte
  - 5.1 Datenbankgröße
  - 5.2 Software
- 6 Literatur

## 1 Einleitung

Die forensische DNA-Analyse hat sich als Untersuchungsverfahren bei Strafprozessen etabliert. Sie bietet den Ermittlungs- und Justizbehörden die Möglichkeit eines durch eine biostatistische Berechnung bewertbaren Sachbeweises. Daher kommt den Ergebnissen der forensischen DNA-Analyse im Strafverfahren eine bedeutende Rolle bei der richterlichen Entscheidungsfindung zu.

In den letzten Jahren hat sich der Trend verstärkt, dass die Justizbehörden entsprechende biostatistische Berechnungen und zugehörige Erläuterungen einfordern. Abhängig vom Berechnungsansatz und den verwendeten Allelfrequenzen bzw. Populationsdaten können biostatistische Berechnungen trotz glei-



**Abb. 1** ▲ Imbalancen bei Minimal Spuren. Die Abbildung zeigt 3 Beispiele für kritische Ergebnisse bei einer Einzelspur. Stellvertretend für das jeweilige Gesamtprofil werden 4 Merkmalsysteme (MMS) schematisch dargestellt. Allele werden als Balken (*dunkelgrau*) mit ihren Signalintensitäten abgebildet. **a** Imbalance im MMS 2. Der Nachweis des 1. Allels (*hellgrau*) an der Schwelle zur Nachweisgrenze lässt mehrere Interpretationsmöglichkeiten zu. Ein zu schwach amplifiziertes heterozygoten Allel, ein bei der Analyse generiertes Artefakt (Drop-in-Ereignis) oder eine schwache Beimengung eines weiteren Spurenlegers sind denkbar. Die ausgeprägte Imbalance im MMS 2 führt zum Ausschluss dieses MMS von der Berechnung. **b** Extreme Imbalance im MMS 2. Der Nachweis des einzelnen Allels im MMS (*dunkelgrau*) lässt 2 Interpretationsmöglichkeiten zu. Ein homozygoten Allel mit einer geringeren als der zu erwartenden Signalintensität oder ein Drop-out kommen in Betracht. Die Imbalance im MMS 2 führt zum Ausschluss dieses MMS von der Berechnung. **c** Imbalance zwischen mehreren Merkmalsystemen bis hin zum Drop-out-Ereignis. Mit zunehmender Ampliconlänge sinkt die Signalintensität. In MMS 4 liegen die 2 nachgewiesenen Allele (*hellgrau*) unterhalb der Nachweisgrenze. Entsprechend ist das MMS 4 von einer Berechnung auszuschließen

cher Befunde durchaus zu unterschiedlichen Werten führen.

In diesem Zusammenhang ist die Heterogenität in der Bearbeitung biostatistischer Fragestellungen im Rahmen von DNA-Gutachten und bei deren Vertretung vor Gericht als kritisch anzusehen. Dies kann den hohen Stellenwert forensischer DNA-Untersuchungen im Rahmen von Strafprozessen beeinträchtigen.

Die nachfolgenden Empfehlungen sollen die Sachverständigen bei der Prüfung einer Spur hinsichtlich der Möglichkeit einer biostatistischen Bewertung und der Wahl eines geeigneten Berechnungsansatzes unterstützen. Sie bauen auf den bisherigen Empfehlungen der Spurenkommission aus dem Jahr 2006 [12, 13] auf und bilden bei entsprechender Berücksichtigung die Basis

für eine Harmonisierung der Verfahrensweisen. Somit sorgen sie generell für eine bessere Vergleichbarkeit der DNA-Untersuchungsergebnisse im Strafverfahren.

## 2 Einordnung von Spuren und Berechnungsansatz

Grundlage für biostatistische Bewertungen bilden die in den Untersuchungsstellen generierten molekulargenetischen Befunde. Die zu Erhebung und Darstellung dieser Befunde erforderlichen Regelungen obliegen den jeweiligen Untersuchungsstellen und sind kein Bestandteil der nachfolgenden Empfehlungen.

Eine biostatistische Bewertung empfiehlt sich lediglich bei Vorhandensein von Vergleichsmustern und bezieht sich nur auf Merkmalssysteme, in denen sowohl für die Spur als auch für das Vergleichsmuster Ergebnisse vorliegen.

### 2.1 Prüfkriterien

Unter Einbeziehung der folgenden Kriterien erfolgt die Prüfung, ob eine Spur für eine biostatistische Berechnung geeignet ist.

#### Spurenqualität

Es ist zunächst zu prüfen, ob in allen Merkmalssystemen belastbare und sich nicht widersprechende Analyseergebnisse vorliegen. In die Belastbarkeit eines Befundes fließen der Grad der Reproduzierbarkeit der erhobenen Merkmale und deren gemessene Signalintensitäten ein. Auch DNA-Konzentrationsmessungen können zusätzliche Informationen liefern. Grundsätzlich sollte vor der Berechnung einer Spur geprüft werden, ob eine weitere Untersuchung des DNA-Extraktes zur Verbesserung der Befundlage beitragen kann.

Bei Minimalspuren oder bei degradiertem Spurenmaterial sind Vor- und Nachpeaks sowie „Drop-in“-Ereignisse häufig nur schwer von echten Allelen zu unterscheiden. Zudem kann es zu Imbalancen bis hin zu „Drop-out“-Ereignissen kommen (▣ Abb. 1). Solche qualitätsmindernden Effekte erschweren eine vergleichende Bewertung und können ggf. eine sinnvolle biostatistische Berechnung verhindern.

Ist in einzelnen Systemen die Belastbarkeit eines Befundes nicht gegeben, können diese Systeme entsprechend gekennzeichnet und von einer biostatisti-

Rechtsmedizin DOI 10.1007/s00194-016-0098-x  
© Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2016

W. Ulbrich · K. Anslinger · G. Bäßler · M. Eckert · R. Fimmers · C. Hohoff · M. Kraft · C. Leuker · G. Molsberger · U. Pich · S. Razbin · H. Schneider · M. Templin · A. Wächter · V. Weirich · H. Zierdt · P. M. Schneider

## Gemeinsame Empfehlungen der Projektgruppe „Biostatistische DNA-Berechnungen“ und der Spurenkommission zur biostatistischen Bewertung von DNA-analytischen Befunden

### Zusammenfassung

Die forensische DNA-Analyse liefert den Ermittlungs- und Justizbehörden in vielen Fällen einen biostatistisch bewerteten Sachbeweis. Diese Bewertung resultiert aus der Anwendung von statistischen Modellen und Berechnungsansätzen. Bisher unterscheiden sich z. T. die in Deutschland verwendeten Berechnungsansätze, sodass eine generelle Vergleichbarkeit des Beweiswertes erschwert wird. Diese Heterogenität soll durch eine einheitliche Vorgehensweise im Rahmen der Erstellung von DNA-Gutachten und deren Vertretung vor Gericht vermieden werden. In enger Abstimmung zwischen

einer Projektgruppe der kriminaltechnischen Institute und der Spurenkommission wurden die nachfolgenden nationalen Empfehlungen erarbeitet, welche die Sachverständigen bei der Prüfung von DNA-Spuren hinsichtlich der Möglichkeit einer biostatistischen Bewertung, der Wahl des geeigneten Berechnungsansatzes und der Verbalisierung des Berechnungsergebnisses unterstützen sollen.

### Schlüsselwörter

DNA · „Short tandem repeats“ · Biostatistische Analyse · „Likelihood ratio“ · Sachbeweis

## Joint recommendations of the project group “biostatistical DNA calculations” and the Stain Commission on the biostatistical assessment of DNA analytical results

### Abstract

Forensic DNA typing often provides law enforcement agencies with statistically evaluated evidence. In the course of assigning such values statistical models come into use and calculations are conducted. Currently, these approaches partly differ among German DNA typing laboratories so that comparability of the weight of evidence is hampered. This heterogeneity should be avoided by harmonizing the general procedure of evaluating and reporting DNA typing results. In close coordination between

a working group of forensic science institutes (police) and the German Stain Commission a set of national recommendations is presented to support DNA experts in terms of the evaluation process, the choice of the calculation approach and the verbal expression of statistical outcomes.

### Keywords

DNA · Short tandem repeats · Biostatistical analysis · Likelihood ratio · Evidence

schen Berechnung ausgenommen werden (s. Abschn. „Grenzfälle“). Die Kenntnis eines Vergleichsmusters darf keinen Einfluss auf diese Entscheidung haben.

#### Spurenlegeranzahl

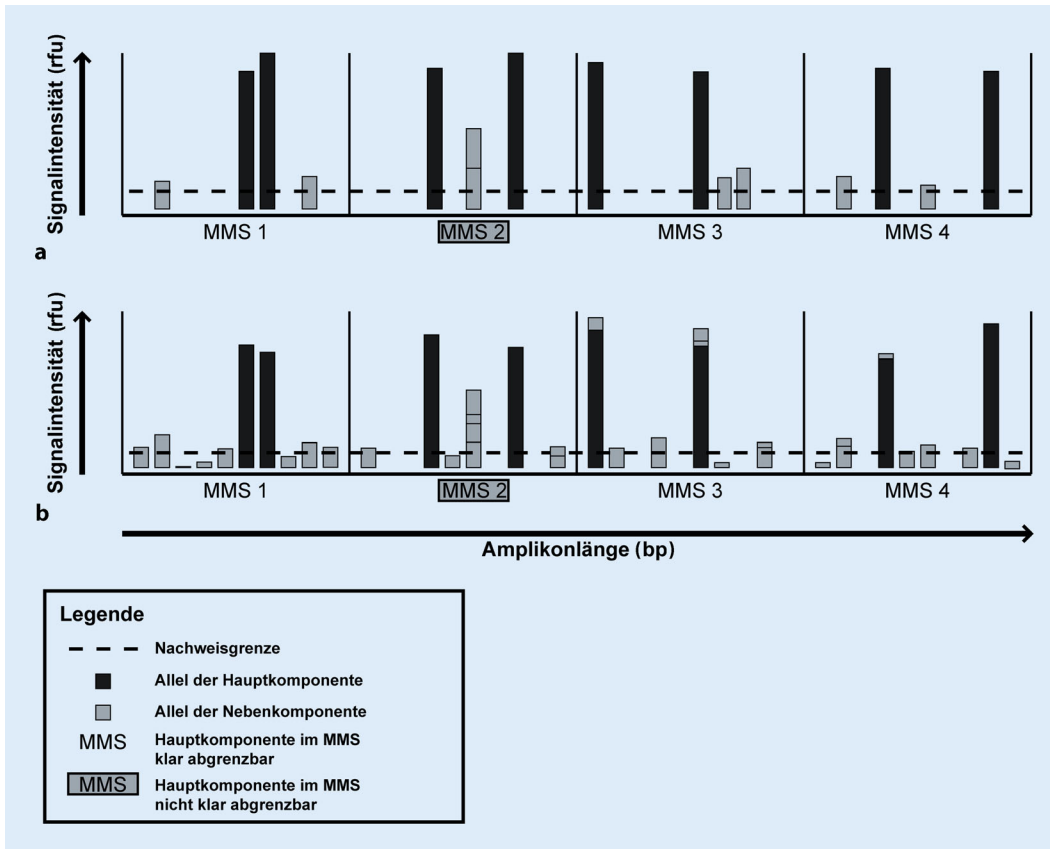
Sofern möglich, sollte die Mindestanzahl der zur Spur beitragenden Spurenverursacher angegeben werden. Dabei ist von einer Mischspur auszugehen, wenn in mindestens 2 Merkmalssystemen mehr als 2 Allele nachgewiesen wurden.

Mit steigender Anzahl an Spurenverursachern sinkt in der Regel die Spurenqualität. Sofern unter diesen Voraus-

setzungen in einer Spur oder in der abgrenzbaren Hauptkomponente mehr als 3 Personen zu postulieren sind, sollte von einer biostatistischen Berechnung abgesehen werden.

#### Abgrenzbare Hauptkomponente

Handelt es sich um eine Mischspur, so ist zu klären, ob eine abgrenzbare Hauptkomponente vorliegt. Diese kann aus den Merkmalen einer oder mehrerer Personen bestehen. Die Hauptkomponente einer Spur kann auch dann Gegenstand einer Berechnung sein, wenn zugleich eine nur unvollständig bewertbare Ne-



**Abb. 2** ▲ Summationseffekte bei Mischspuren. Die Abbildung zeigt 2 Beispiele für Summationseffekte bei Mischspuren. Stellvertretend für das jeweilige Gesamtprofil werden 4 Merkmalsysteme (MMS) schematisch dargestellt. *Dunkelgrau* Balken repräsentieren die Allele der Haupt- und *hellgrau* Balken die Allele der Nebenkompente mit ihren Signalintensitäten. **a** Summationseffekt bei einer von 2 Personen verursachten Mischspur. Im MMS 2 addieren sich 2 Allele der Nebenkompente (*hellgrau*) zu einem Signal, das eine mit den Allelen der Hauptkomponente vergleichbare Signalintensität aufweist. Eine klare Abgrenzung der Hauptkomponente ist nicht mehr möglich. Entsprechend ist das MMS 2 von einer Berechnung der Hauptkomponente auszuschließen. **b** Summationseffekte bei einer von mehreren Personen verursachten komplexen Mischspur. Im MMS 2 addieren sich 4 Allele der Nebenkompente (*hellgrau*) zu einem Signal, das eine mit den Allelen der Hauptkomponente vergleichbare Signalintensität aufweist. Eine klare Abgrenzung der Hauptkomponente ist nicht mehr möglich. Entsprechend ist das MMS 2 von einer Berechnung der Hauptkomponente auszuschließen

benkomponente im stochastischen Bereich vorhanden ist.

Die gesteigerte Sensitivität der Analysemethoden führt in der Praxis vermehrt zu komplexen Spurenbildern. Um dieser Entwicklung gerecht zu werden, wird die bisherige Empfehlung, nach der die Hauptkomponente einer Mischspur des „Typs B“ ein „durchgängiges Mindest-Verhältnis der Peakhöhen von ca. 4:1 (Haupt- zu Nebenkompente) für alle heterozygoten Systeme“ aufweisen sollte, präzisiert [12, 13].

Es ist angemessen, in einer Spur von einer abgrenzbaren Hauptkomponente zu sprechen, wenn die Gesamtschau aller Elektropherogramme dies zulässt, obgleich einzelne Merkmalsysteme bei isolierter Betrachtung die Anforderung

4:1 nicht erfüllen. Eine solche Hauptkomponente kann durchaus für eine biostatistische Berechnung geeignet sein.

Imbalancen und Summationen (Abb. 2) mehrerer Signale können dazu führen, dass in einzelnen Merkmalsystemen eine Hauptkomponente nicht mehr klar abgegrenzt werden kann. Solche Merkmalsysteme können, wenn die Gesamtschau aller Elektropherogramme dies zulässt, entsprechend gekennzeichnet und von einer biostatistischen Berechnung ausgenommen werden (s. Abschn. „Grenzfälle“).

## 2.2 Berechnungsansätze

Eignet sich eine Spur nach Prüfung der im Abschn. „Prüfkriterien“ ange-

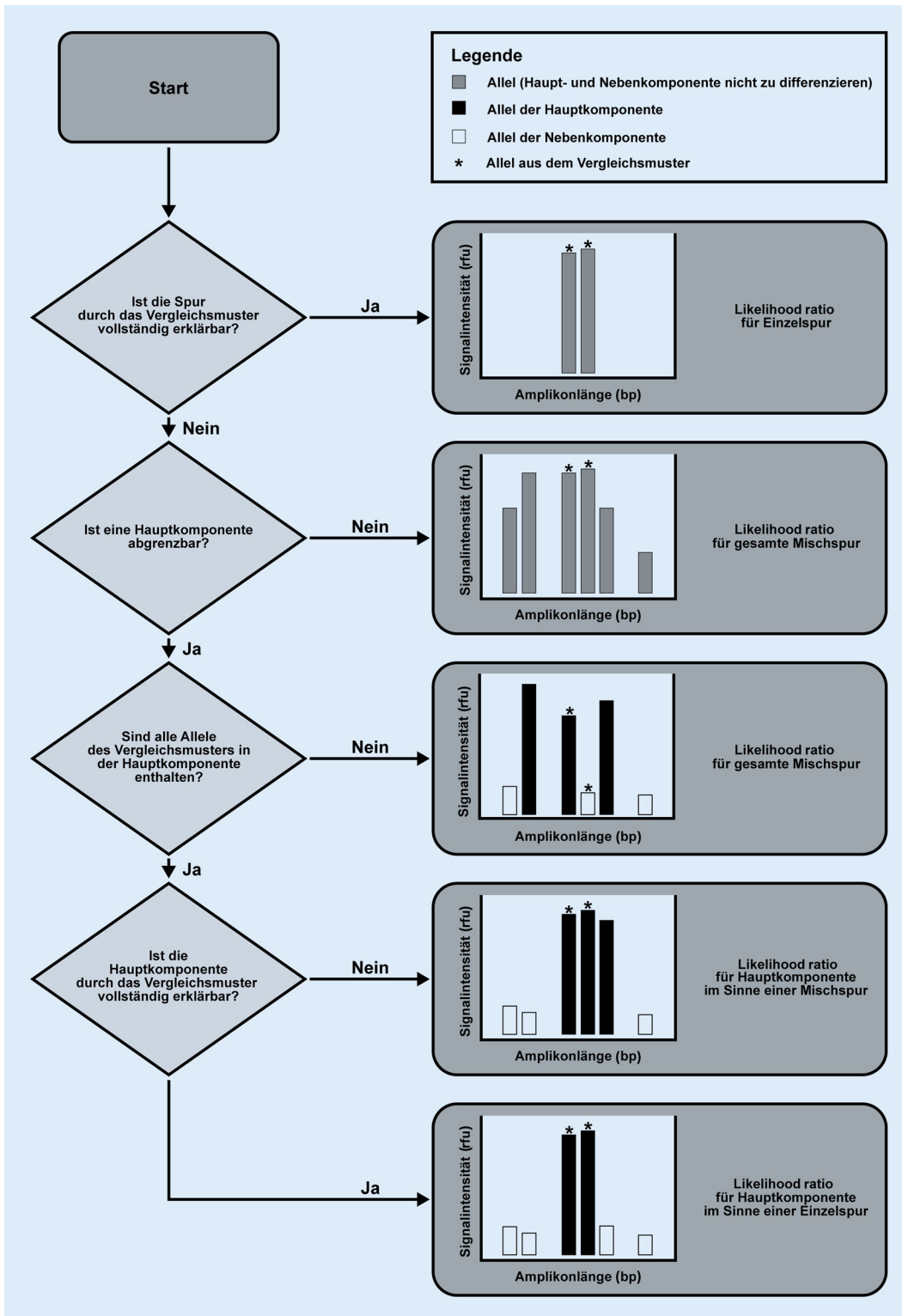
fürten Kriterien zur biostatistischen Berechnung, erfolgt der Abgleich mit vorliegenden Vergleichsmustern.

Sofern die Allele eines Vergleichsmusters vollständig in der Spur enthalten sind, empfiehlt sich die Wahl des Berechnungsansatzes nach Abb. 3.

Sind bei eingeschränkter Spurenqualität nicht sämtliche Allele eines gegebenen Vergleichsmusters nachweisbar, ist zu prüfen, ob ein Grenzfall vorliegt (s. Abschn. „Grenzfälle“).

Sind Allele des Vergleichsmusters bei guter Spurenqualität und vergleichbaren Analysebedingungen reproduzierbar nicht enthalten, liegt ein Ausschluss vor.

Entsprechend den Empfehlungen des European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI, [2]) und der Inter-



**Abb. 3** ◀ „Likelihood ratio“ als Berechnungsansatz (Alternativen s. Abschn. „Berechnungsansätze“). Unter Berücksichtigung des Vergleichsmusters und der jeweiligen Fragestellung wird bestimmt, ob die Hauptkomponente oder die gesamte Spur Gegenstand der Berechnung ist

national Society for Forensic Genetics (ISFG, [6]) sollten die Berechnungen vorzugsweise in Form einer „likelihood ratio“ (LR) vorgenommen werden. Dies gilt, sofern eine Festlegung eindeutiger und sinnvoller Hypothesen möglich ist.

Für die Formulierung der jeweiligen Hypothesen sollte jeweils die kleinste Anzahl möglicher Spurenleger angenommen werden, die notwendig ist, um die DNA-Merkmale der Spur unter der jeweiligen Hypothese zu erklären [5]. Da-

bei muss die Anzahl der Spurenleger bei den gegenübergestellten Hypothesen nicht zwangsläufig übereinstimmen.

Im Gegensatz zu anderen Berechnungsansätzen erlaubt es die Berechnung einer LR, den Beweiswert des DNA-Be-

### Infobox 1 Formulierungsvorschlag: Vorbemerkungen.

Grundlage der Berechnungen sind die im Rahmen einer ENFSI-Studie festgestellten Häufigkeiten der nachgewiesenen Allele in der europäischen Bevölkerung [4]. Die Ergebnisse der biostatistischen Berechnungen basieren – sofern nicht anders ausgewiesen – auf der Annahme, dass zwischen den betrachteten Personen keine verwandtschaftlichen Beziehungen bestehen. Zur Berechnung wurde die Software XYZ verwendet.

fundes in Bezug zu konkreten Personen zu setzen. Dabei werden z. B. die individuellen Vergleichsmuster sowohl eines Tatverdächtigen als auch eines Geschädigten als mögliche Spurenbeteiligte in die Berechnungen einbezogen. Die Berechnung der LR ermöglicht darüber hinaus, Wahrscheinlichkeitsverhältnisse für alternative Erklärungsszenarien aufzustellen (z. B. wenn zwischen den postulierten Spurenbeteiligten verwandtschaftliche Beziehungen zu berücksichtigen sind).

Im Sinne der Harmonisierung wird auch bei Einzelspuren oder abgrenzbaren Hauptkomponenten einzelner Personen die Berechnung einer LR empfohlen, obgleich alternativ bei diesen Spuren gleichberechtigt die Häufigkeit der Merkmalskombination angegeben werden kann.

Für Mischspuren, bei denen keine eindeutige und sinnvolle Hypothesenbildung möglich ist, kann die Einschlusschance („random man not excluded“, RMNE) berechnet werden. Dies ist z. B. der Fall, wenn die Spur eine angemessene Abschätzung der Anzahl beteiligter Spurenverursacher nicht zulässt.

### 2.3 Grenzfälle

Die höhere Sensitivität der heutigen Analyse-Kits und -Geräte hat zu der paradoxen Situation geführt, dass trotz verbesserter Befundsituation zunehmend unvollständig bewertbare Spuren auftreten. Einige dieser gemäß den bisherigen Empfehlungen der Spurenkommission als „Typ C“ klassifizierten Spuren weisen jedoch aufgrund der gestiegenen Anzahl untersuchter Merkmalsysteme

### Infobox 2 Formulierungsvorschlag: Einzelspuren.

Die in der Spur und für Person X nachgewiesenen DNA-Merkmale stimmen in den vergleichbaren Merkmalsystemen überein. Die festgestellte Übereinstimmung wird unter Gegenüberstellung folgender Hypothesen biostatistisch bewertet:  
*Hypothese A:* Die DNA-Merkmale stammen von Person X.  
*Hypothese B:* Die DNA-Merkmale stammen von einer anderen Person, die nicht mit Person X verwandt ist.  
Die in der Spur nachgewiesenen Merkmale sind bei Zutreffen der Hypothese A ...-mal wahrscheinlicher zu beobachten als bei Zutreffen von Hypothese B.<sup>1</sup>

me genügend Informationen für eine biostatistische Bewertung auf.

Für diese Grenzfälle wurde die nachfolgende Empfehlung formuliert, die den Umgang mit derartigen Spuren in der Praxis berücksichtigt.

Sind Spuren aufgrund negativ wirkender Effekte in einigen Merkmalsystemen vermutlich nur unvollständig darstellbar (z. B. fehlende längere Amplikons, vereinzelte stochastische Effekte, geringe Signalintensitäten), kann im Einzelfall dennoch eine Berechnung erfolgen. Gleiches gilt für Spuren, bei denen durch Summationseffekte der Beimengungen die Hauptkomponente nicht in jedem Merkmalsystem eindeutig zu erkennen ist. Die Entscheidung hierüber hat der Sachverständige in der Gesamtschau aller Elektropherogramme zu treffen. Es ist zu prüfen, ob die fraglichen Merkmalsysteme nicht zu einem Ausschluss

<sup>1</sup> Sofern der Schwellenwert von 30 Mrd. (s. Abschn. „Schwellenwert zur statistisch begründbaren Zuordnung von Spuren“) überschritten wird, kann eine Befundinterpretation im Sinne von „Aus gutachterlicher Sicht besteht somit kein begründeter Zweifel, dass die Merkmale der Spur von Person X (ggf. und ...) stammen.“ folgen.

Bei deutlich niedrigeren LR-Werten ist das verbale Prädikat abzuschwächen. Die detaillierte Abstufung von Wahrscheinlichkeitsverhältnissen und deren verbale Bewertung sind derzeit Gegenstand einer wissenschaftlichen Diskussion [2]. Zu diesem Zeitpunkt kann daher keine detaillierte Bewertungsskala zur Befundinterpretation von LR-Werten vorgelegt werden.

der Vergleichsperson führen würden oder grundlegende Annahmen zur Spur bzw. Spurenkomponente (z. B. Anzahl der Spurenleger) infrage stellen.

Es wird daher empfohlen, bei der Berechnung solcher Spuren die betroffenen Merkmalsysteme nicht zu berücksichtigen und gemäß **Abb. 3** zu verfahren. Die Entscheidung, ein Merkmalsystem nicht in die Berechnung einzubeziehen, muss unabhängig vom Vergleichsmuster einer fraglich spurenteiligen Person erfolgen. Die Anzahl nicht berücksichtigter Merkmalsysteme ist auf ein Minimum zu begrenzen. Die Vorgehensweise ist im Gutachten unter Auflistung der betroffenen Merkmalsysteme darzustellen.

Das Ausklammern einzelner Merkmalsysteme unter den vorab genannten Voraussetzungen wird bis zur Verfügbarkeit wissenschaftlich akzeptierter, praktikabler und somit konsensfähiger Ansätze als hinnehmbar erachtet. Diese Empfehlung gilt ausdrücklich nicht für Spuren mit wenig belastbaren Analyseergebnissen. In diesen Fällen wird lediglich eine verbale Interpretation ohne biostatistische Berechnungen empfohlen.

Gegenwärtig werden in der forensisch-genetischen Forschung verschiedene alternative Berechnungsansätze zur Berücksichtigung von Drop-in- und Drop-out-Ereignissen diskutiert; bisher wurde hier noch kein Konsens erzielt [1, 7–9]. Sollten zukünftig belastbare, valide Berechnungsmodelle verfügbar sein, müssen die vorliegenden Empfehlungen aktualisiert werden.

### 3 Verbalisierung biostatistischer Berechnungen

Sofern eine biostatistische Bewertung Teil der gutachterlichen Äußerung ist, sollten Angaben zu folgenden Punkten gemacht werden:

- verwendete Allelfrequenzen (s. Abschn. „Referenzpopulation“),
- verwendete Rechenmethode,
- verwendete Software,
- Besonderheiten bei der Betrachtung blutsverwandter Personen.

Ein entsprechender Formulierungsvorschlag findet sich in **Infobox 1**.

### Infobox 3 Formulierungsvorschlag: Mischspuren (hier beispielhaft Zwei-Personen-Mischspur).

Die in der Spur nachgewiesenen Merkmale lassen sich durch Person X und eine weitere Person vollständig erklären. Die festgestellte Übereinstimmung wird unter Gegenüberstellung folgender Hypothesen biostatistisch bewertet:  
*Hypothese A:* Die DNA-Merkmale stammen von Person X und einer weiteren Person, die nicht mit Person X verwandt ist.  
*Hypothese B:* Die DNA-Merkmale stammen von 2 anderen unverwandten Personen, die nicht mit Person X verwandt sind.  
Die in der Spur nachgewiesenen Merkmale sind bei Zutreffen der Hypothese A ...-mal wahrscheinlicher zu beobachten als bei Zutreffen von Hypothese B.<sup>1</sup>

## 3.1 Likelihood ratio

Zur Darstellung der Ergebnisse von Berechnungen auf Grundlage der LR wird folgendes Prozedere empfohlen:

1. Darstellung des Befundes; im Bedarfsfall Bewertung der Spurenqualität,
2. Mitteilung der entsprechenden Übereinstimmung von Merkmalen des Vergleichsmusters mit dem Spurenbefund,
3. Benennung der zugrunde gelegten, sinnvollen und sich gegenseitig ausschließenden Hypothesen; ggf. Verweis auf die Möglichkeit der Betrachtung weiterer Hypothesen,
4. Mitteilung der errechneten LR,
5. Befundinterpretation.

Entsprechende Formulierungsvorschläge finden sich in den [Infoboxen 2](#) und [3](#).

## 3.2 Einschlusschance, „random man not excluded“

Zur Darstellung der Ergebnisse von Berechnungen auf Grundlage von RMNE wird folgendes Prozedere empfohlen:

1. Darstellung des Befundes; im Bedarfsfall Bewertung der Spurenqualität,
2. Mitteilung der entsprechenden Übereinstimmung von Merkmalen des Vergleichsmusters mit dem Spurenbefund,

### Infobox 4 Formulierungsvorschlag: Berechnungen auf RMNE-Grundlage.

Es wurden DNA-Merkmale in Form einer Mischspur festgestellt, die durch mindestens 2 Personen verursacht wurde. In der Mischspur wurden sämtliche DNA-Merkmale nachgewiesen, wie sie auch Person X aufweist. Daher ist Person X als Mitverursacher der Spur nicht auszuschließen. In einer Gruppe von ... zufällig ausgewählten Personen ist eine Person zu erwarten, die als Mitverursacher der Mischspur in Betracht kommt.

3. Mitteilung des errechneten RMNE-Wertes.

Ein entsprechender Formulierungsvorschlag findet sich in [Infobox 4](#).

## 3.3 Häufigkeit der Merkmalskombination

Zur Darstellung der Ergebnisse von Berechnungen auf Grundlage der Häufigkeit einer Merkmalskombination wird folgendes Prozedere empfohlen:

1. Darstellung des Befundes; im Bedarfsfall Bewertung der Spurenqualität,
2. Mitteilung der entsprechenden Übereinstimmung von Merkmalen des Vergleichsmusters mit dem Spurenbefund,
3. Mitteilung des Wertes der Häufigkeit der Merkmalskombination,
4. Befundinterpretation.

Ein entsprechender Formulierungsvorschlag findet sich in [Infobox 5](#).

## 4 Konventionen

### 4.1 Referenzpopulation

Eine wesentliche Voraussetzung für vergleichbare Ergebnisse biostatistischer Berechnungen ist die gemeinsame Nutzung einer geeigneten Populationsstudie. Diese Studie hat den entsprechenden wissenschaftlichen Kriterien bezüglich Auswahl der Population, Stichprobengröße und Qualität der erhobenen Daten zu

### Infobox 5 Formulierungsvorschlag: Berechnungen auf Grundlage der Häufigkeit einer Merkmalskombination.

Die in der Spur und für Person X festgestellten DNA-Merkmale stimmen in den vergleichbaren Merkmalsystemen überein. Biostatistisch beträgt die Häufigkeit der übereinstimmenden Merkmalskombination weniger als 1 zu ...  
In einer Gruppe von mindestens ... zufällig ausgewählten Personen ist eine Person zu erwarten, die als Verursacher der Spur in Betracht kommt (siehe Fußnote 1).

genügen und sollte frei zugänglich publiziert sein.

Im Rahmen einer ENFSI-Populationsstudie unter Einbeziehung Deutschlands wurden umfangreiche Daten erhoben. Es wird ausdrücklich der einheitliche Gebrauch dieser europäischen Allelfrequenzen unter Angabe der verwendeten Version empfohlen [4].

Der Gebrauch einer anderen Vergleichspopulation wäre lediglich gerechtfertigt, wenn als Spurenverursacher ausschließlich Angehörige einer bestimmten ethnischen Herkunft in Betracht kommen [11].

### 4.2 Berechnung seltener Allele

Bei Vorliegen seltener Allele wird empfohlen, eine minimale Allelfrequenz in der Rechnung zu berücksichtigen, die Bezug auf die Größe der verwendeten Populationsstudie nehmen sollte. Entsprechend lässt sich die Minimalfrequenz nach [10] ermitteln:

$$f_{\min} = \frac{5}{2 \cdot \text{Anzahl der untersuchten Personen}}$$

Unterschreitet  $f_{\min}$  den Wert von 0,001, sollte als Minimalfrequenz jedoch 0,001 verwendet werden.

### 4.3 Schwellenwert zur statistisch begründbaren Zuordnung von Spuren

Mit der routinemäßigen Untersuchung von 16 Merkmalsystemen werden

bei biostatistischen Berechnungen von Standardkonstellationen<sup>2</sup> enorme Zahlenwerte erreicht. Bereits bei einer Untersuchung von 12 Merkmalsystemen (European Standard Set, [3]) werden bei Einzelspuren in jedem Fall Zahlenwerte erreicht, die 30 Mrd. übersteigen.

Ergebnisse im Milliardenbereich bieten bereits ein derartiges Maß an Sicherheit bei der Zuordnung von Spuren, dass höhere Zahlenwerte die Aussage qualitativ nur noch unwesentlich verändern.

Für biostatistische Berechnungen bei Einzelspuren wird daher die Einführung eines einheitlichen Schwellenwertes von 30 Mrd. empfohlen; hier kann auf die Berechnung und Angabe des tatsächlichen Zahlenwertes verzichtet werden.

## 5 Weitere Aspekte

### 5.1 Datenbankgröße

Die Frage nach der Häufigkeit bzw. Wahrscheinlichkeit eines beobachteten DNA-Merkmalprofils ist eine andere als die Frage nach der Wahrscheinlichkeit, mit welcher dieses DNA-Merkmalprofil zu einem Treffer in einer konkreten Datenbank führen würde. Die erste Frage stellt den Informationsgehalt einer Spur in den Vordergrund, die zweite Frage zielt auf die Größe und Zusammensetzung der konkreten Datenbank ab. Erst die Frage nach der Zufälligkeit eines Datenbanktreffers begründet die Berücksichtigung der Datenbankgröße [14, 15].

Insbesondere bei Datenbanktreffern, die nur auf Übereinstimmungen in wenigen Systemen beruhen, muss auf die Möglichkeit eines zufälligen Treffers hingewiesen werden.

### 5.2 Software

Die Berechnung komplexer biostatistischer Fragestellungen erfordert den Einsatz von geeigneter Software. Es ist sicherzustellen, dass die eingesetzte Software eine ausreichend dokumentierte Berechnung nach den oben angegebenen Ver-

fahren erlaubt. Die von der Software verwendeten Algorithmen sollen nachvollziehbar ausgewiesen und die eingesetzte Software für die jeweilige Anwendung ausreichend validiert sein.

## Korrespondenzadresse

### Dr. med. V. Weirich

Landeskriminalamt Mecklenburg-Vorpommern  
Retgendorfer Str. 9, 19067 Rampe, Deutschland  
volker.weirich@lka-mv.de

## Einhaltung ethischer Richtlinien

**Interessenkonflikt.** W. Ulbrich, K. Anslinger, G. Bäßler, M. Eckert, R. Fimmers, C. Hohoff, M. Kraft, C. Leuker, G. Molsberger, U. Pich, S. Razbin, H. Schneider, M. Templin, A. Wächter, V. Weirich, H. Zierdt und P.M. Schneider geben an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Dieser Beitrag beinhaltet keine von den Autoren durchgeführten Studien an Menschen oder Tieren.

## Literaturverzeichnis

1. Butler JM (2014) Advanced topics in forensic DNA typing: interpretation. Academic Press, Oxford
2. ENFSI Guideline for Evaluative reporting in forensic science. <http://www.enfsi.eu/news/enfsi-guideline-evaluative-reporting-forensic-science>. Zugegriffen: 22. Feb. 2016
3. EU-Ratsbeschluss Nr. 15870/09 (2009) Entschlie-ßung des Rates über den Austausch von DNS-Analyseergebnissen. 2009/C 296/01
4. European Network of Forensic Science Institutes DNA Working Group (2015) ENFSI DNA WG STR Population Database v2. <http://www.strbase.org>. Zugegriffen: 22. Feb. 2016
5. Evett IA, Pope S (2014) Is it to the advantage of a defendant to infer a greater number of contributors to a questioned sample than is necessary to explain the observed DNA Profile. *Sci Justice* 54:373–374
6. Gill P, Brenner CH, Buckleton JS, Carracedo A, Krawczak M, Mayr WR, Morling N, Prinz M, Schneider PM, Weir BS (2006) DNA commission of the International Society of Forensic Genetics: Recommendations on the interpretation of mixtures. *Forensic Sci Int* 160:90–101
7. Gill P, Gusmão L, Haned H, Mayr WR, Morling N, Parson W, Prieto L, Prinz M, Schneider H, Schneider PM, Weir BS (2012) DNA commission of the International Society of Forensic Genetics: Recommendations on the evaluation of STR typing results that may include drop-out and/or drop-in using probabilistic methods. *Forensic Sci Int Genet* 6:679–688
8. Gill P, Haned H, Bleka O, Hansson O, Dørum G, Egeland T (2015) Genotyping and Interpretation of STR-DNA: Low-template, Mixtures and Database Matches – twenty years of research and development. *Forensic Sci Int Genet* 18:100–117
9. Kelly H, Bright JA, Buckleton JS, Curran JM (2014) A comparison of statistical models for the analysis of complex forensic DNA profiles. *Sci Justice* 54:66–70
10. National Research Council (1996) The evaluation of forensic DNA evidence. National Academy Press, Washington
11. Schneider PM, Anslinger K, Eckert M, Fimmers R, Schneider H (2013) Erläuterungen zu den wissenschaftlichen Grundlagen biostatistischer Wahrscheinlichkeitsberechnungen im Rahmen von DNA-Spurengutachten. *Neue Strafr Z* 33:693–697
12. Schneider PM, Fimmers R, Keil W, Molsberger G, Patzelt D, Pflug W, Rothämel T, Schmitter H, Schneider H, Brinkmann B (2006) Allgemeine Empfehlungen der Spurenkommission zur Bewertung von DNA-Mischspuren. *Rechtsmedizin* 16:401–404
13. Schneider PM, Fimmers R, Schneider HR, Brinkmann B (2007) Allgemeine Empfehlungen der Spurenkommission zur statistischen Bewertung von DNA-Mischspuren. *Neue Strafr Z* 8:447–450
14. Schneider PM, Schneider H, Fimmers R, Brinkmann B (2010) Allgemeine Empfehlungen der Spurenkommission zur statistischen Bewertung von DNA-Datenbank-Treffern. *Neue Strafr Z* 8:433–436
15. Schneider PM, Schneider H, Fimmers R, Keil W, Molsberger G, Pflug W, Rothämel T, Eckert M, Pfeiffer H, Brinkmann B (2010) Allgemeine Empfehlungen der Spurenkommission zur statistischen Bewertung von DNA-Datenbank-Treffern. *Rechtsmedizin* 20:111–115

<sup>2</sup> Berechnung der LR einer Einzelspur mit einer Vergleichsperson gegen eine unverwandte Person bzw. Berechnung der Häufigkeit einer Einzelspur.