



Schweizerische
Gesellschaft
für Rechtsmedizin
SGRM

Société Suisse
de Médecine Légale
SSML

Società Svizzera
di Medicina Legale
SSML

Richtlinien zur internen Qualitätssicherung bei Spurenuntersuchungen mittels DNA-Untersuchungstechniken

1. Geltungsbereich

Die forensische Spurenuntersuchung mittels molekularbiologischen Verfahren ist in der Bundesgesetzgebung [1] - [5] geregelt. Diese Richtlinie ist eine Ergänzung zu den gesetzlichen Vorgaben.

2. Grundsätze

Die Untersuchung von biologischem Spurenmaterial dient der Identifizierung des Spurengewäbers und der Spurenart.

Auftraggeber sind Justiz- und Polizeibehörden. Bei Privataufträgen muss Klarheit über die Identität des Auftraggebers bestehen und die Persönlichkeitsrechte der Beteiligten müssen gewahrt werden.

Eine Person mit Fachtitel bzw. die für die Berichterstattung verantwortlichen Mitarbeitenden müssen in der Lage sein, vor Gericht die Ergebnisse der Untersuchungen und die Schlussfolgerungen zu erläutern.

Das Labor betreibt interne Qualitätskontrollen und nimmt mindestens viermal jährlich an externen Ringversuchen, die den Bereich der forensisch-genetischen Spurenuntersuchungen abdecken, erfolgreich teil. Alle vier Ringversuche müssen die Standard DNA-Loci der DNA-Datenbank umfassen. Die zusätzlichen akkreditierten DNA-Loci müssen mindestens einmal pro Jahr Bestandteil eines Ringversuches sein. Die Ringversuche müssen die Interpretation der Resultate inkl. biostatistischer Evaluation beinhalten.

3. Laborprozesse

Es sind geeignete Vorkehrungen zu treffen, um das Beweismaterial (inkl. DNA) bei der Verarbeitung und Lagerung vor unnötigem Materialverlust und Kontamination sowie Zerstörung zu schützen.

Das Labor muss vorbeugende Massnahmen treffen, um das Auftreten von Kontaminationen möglichst zu verhindern. Entsprechende Vorkehrungen sind im Leitfaden für die Begutachtung von Prüflaboratorien in der Forensischen Genetik [6] geregelt.

Um Kontaminationen zu erkennen, sind folgende Massnahmen notwendig:

- Reagenzien-Negativkontrollen sind bei jeder Extraktions- und Amplifikations-Serie mitzuführen.
- Die DNA-Profile des Laborpersonals sind bekannt und im Staff-Index der DNA-Datenbank gespeichert.
- Gegebenenfalls sind Arbeitsbereiche durch Probennahmen (Monitoring der Umgebungs-DNA) zu kontrollieren.

- Ist in der Negativkontrolle ein interpretierbares DNA-Profil vorhanden, sind geeignete Massnahmen zu treffen (z.B. Abgleich des Profils mit den Profilen der Mitarbeitenden oder von vorhergehend oder gleichzeitig analysierten Spuren), um der Kontamination auf den Grund zu gehen.

Referenzproben müssen in zwei voneinander unabhängigen Ansätzen untersucht werden.

Quantität und Qualität der extrahierten DNA können mittels geeigneter Methoden überprüft werden.

Um bei schwierigen Spuren (z.B. wenig oder degradierte DNA) ein aussagekräftiges DNA-Profil zu erhalten, müssen gezielt verschiedene Methoden eingesetzt werden. Dazu muss das Labor über ein möglichst breites Methodenspektrum (z.B. unterschiedliche Kits mit verschiedenen Primern) verfügen.

Bei Verdacht oder Hinweis auf spermienhaltige Mischspuren wird empfohlen, die mutmasslich spermatogenen von den nicht spermatogenen Anteilen zu trennen und beide Fraktionen der DNA-Untersuchung zuzuführen.

Für die DNA-Analyse humaner DNA sind folgende Voraussetzungen zu erfüllen:

- Es sind ausschliesslich publizierte und validierte DNA-Marker zu verwenden.
- Die Nomenklatur ist entsprechend den Empfehlungen der International Society for Forensic Genetics (ISFG) [7], [8], [9] und [10] vorzunehmen.
- Die Parameter und die eingesetzten Kontrollen für Amplifikation, Elektrophorese und Detektion der PCR-Produkte sind zu dokumentieren.
- Es muss eine strikte räumliche Trennung zwischen DNA-Extraktion, PCR-Ansatz und Weiterverarbeitung der amplifizierten DNA bestehen.
- Spuren und Proben von Vergleichspersonen müssen räumlich getrennt voneinander aufbewahrt und extrahiert werden.
- Eine Human-DNA-Kontrolle mit bekanntem DNA-Profil und eine Amplifikations-Negativkontrolle sind bei jedem PCR-Ansatz mitzuführen.
- Alleleleitern, die das Allelspektrum abdecken sowie ein Längenstandard sind bei der elektrophoretischen Auftrennung mitzuführen und zusammen mit der Positivkontrolle auf Vollständigkeit und Korrektheit zu überprüfen.

4. Beurteilung und biostatistische Evaluation der Ergebnisse

Ergebnisse einer Untersuchung sowie das Gutachten sollten durch eine zweite qualifizierte Person überprüft werden.

Für die biostatistische Berechnung sollten entsprechend den Empfehlungen der ISFG [11] und [12] wissenschaftlich anerkannte und publizierte Methoden und geeignete validierte Software verwendet werden.

Wenn Artefakte wie Drop-ins oder Drop-outs für die Evaluation der Resultate berücksichtigt werden, sollte dies auf wissenschaftlich anerkannten und publizierten Methoden und validierter Software basieren.

Entsprechend der ISFG-Empfehlungen [11] sowie der Empfehlungen des European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI) [13] muss die Likelihood Ratio (LR) für die Berechnung des Beweiswertes verwendet werden.

Für die Berechnung des LR müssen entsprechend den Fallumständen mindestens zwei alternative, sich gegenseitig ausschliessende Hypothesen definiert und im Bericht aufgeführt werden. In der Regel sind dies die Hypothese der Anklage: z.B.: Die nachgewiesene DNA-Spur stammt von XY und die Hypothese der Verteidigung: z.B.: Die nachgewiesene DNA-Spur stammt von einer unbekanntem, mit XY nicht verwandten Person.

Bemerkung: Die Hypothesen beziehen sich im Allgemeinen auf die Frage, von welcher Person die analysierte DNA stammt (sog. 'sub-source' Hypothesen [14]), und ergeben daher keinen Aufschluss zu Fragestellungen des Auftretens der Spur (hierzu sind Hypothesen betreffend Aktivitäten notwendig). Wenn sich Hypothesen – auf Wunsch des Auftraggebers – auf Aktivitäten beziehen, muss die Bewertung der DNA-Ergebnisse das aktuelle Wissen zu diesem Thema berücksichtigen.

Die für die Berechnung des LR verwendeten Populationsdaten müssen publiziert (z.B. strider.online) und im Bericht referenziert werden. Bestehen keine ausreichenden Informationen bezüglich der biogeographischen Herkunft der Spurenverursacher in der Gegenhypothese müssen schweizerische oder europäische Populationsdaten verwendet werden.

Relative Allelfrequenzen werden aus Proben der relevanten Population ermittelt. Die Datensätze müssen mit geeigneten statistischen Methoden evaluiert werden. Es müssen Minimalfrequenzen definiert werden, die im Verhältnis zur Grösse der Referenzpopulation stehen. Dazu können verschiedene Methoden verwendet werden.

Basierend auf den Publikationen von Foreman und Evett (2001) [15] sowie Hopwood et al. (2012) [16] kann für die Angabe von LR-Werten ein Schwellenwert von z.B. einer Milliarde verwendet werden. Dies gilt unter der Annahme, dass zwischen der unbekanntem Person in der Gegenhypothese und der beschuldigten Person keine Verwandtschaft besteht. In Fällen, in denen der Schwellenwert von einer Milliarde nicht erreicht wird, ist der tatsächlich errechnete Zahlenwert anzugeben.

Stammt der Beschuldigte aus derjenigen Population, die auf Grund der Gegenhypothese für die Berechnung ausgewählt wurde, kann ein Korrektur-Faktor θ (Theta) in die Berechnung miteinbezogen werden. Dieser Wert trägt der Tatsache Rechnung, dass auch nicht näher miteinander verwandte Personen genetische Charakteristiken teilen, wenn sie aus der gleichen Subpopulation stammen. Für θ soll ein der Referenzpopulation entsprechender Wert eingesetzt werden, welcher jedoch mindestens 0.01 betragen soll. Stammt der Beschuldigte nicht aus der unter der Gegenhypothese verwendeten Referenzpopulation, fällt der Korrektur-Faktor weg.

Besteht eine Verwandtschaft zwischen der beschuldigten Person und der/den in der Gegenhypothese Hy definierten Person/en, muss diese bei der Berechnung berücksichtigt werden (siehe z.B. Aitken und Taroni (2004) [17] oder Buckleton et al (2016) [18]).

Die Interpretation der Ergebnisse muss begründet werden.

5. Dokumentation und Mitteilung der Ergebnisse

Der gesamte Untersuchungsgang und die Ergebnisse müssen so dokumentiert werden, dass es einer Fachperson möglich ist, den Ablauf der Untersuchung nachzuvollziehen und die Daten zu interpretieren.

Die Ergebnisse werden dem Auftraggeber in der Regel über das vom EJPD zur Verfügung gestellte Informationssystem mitgeteilt.

Resultate, deren Abhandlung ausserhalb des Informationssystems erfolgt, werden dem Auftraggeber mittels eines Prüfberichts mitgeteilt. Der Prüfbericht enthält die im Leitfaden für die Begutachtung von Prüflaboratorien in der Forensischen Genetik [6] aufgelisteten Punkte. Eine alternative Prüfberichterstattung ist möglich, falls dies mit dem Auftraggeber vereinbart wurde.

Ein Bericht mit Beweiswertberechnung beinhaltet zusätzlich folgende Informationen:

- Die präzise Formulierung der aufgrund vorliegender Fallinformationen für die Berechnung verwendeten Hypothesen
- Referenz der für die Berechnung verwendeten Populationsdaten.
- Falls erforderlich, den Wert für den Korrekturfaktor θ sowie die verwendeten Formeln oder eine Referenz dazu.
- Wert des berechneten Likelihood Ratios.
- Bei der Berechnung von Mischspuren und bei der Berücksichtigung von Drop-ins und Drop-outs ist das zugrundeliegende Berechnungsmodell oder die verwendete Software anzugeben.
- Den Verweis auf die Notwendigkeit einer erneuten Berechnung bei Änderung der dafür relevanten Fallinformationen. Ein entsprechender Hinweis könnte z.B. lauten: Die Evaluation der Ergebnisse sowie die Beweiswertberechnung basieren auf den uns bekannten und oben genannten Umständen. Wenn diese Annahmen falsch sind oder sich die Gegebenheiten in der Zwischenzeit geändert haben, muss eine neue Evaluation sowie Beweiswertberechnung durchgeführt werden.

6. Archivierung

Die Fallakten und Ergebnisse sind an einem sicheren Ort vor unberechtigtem Zugriff geschützt zu lagern. Die Aufbewahrungsfrist und die Mindestdauer der Probenlagerung richten sich nach den gesetzlichen Vorgaben.

7. Mitgeltende Unterlagen

- [1] Bundesgesetz über die Verwendung von DNA-Profilen im Strafverfahren und zur Identifizierung von unbekanntem oder vermissten Personen (SR 363)
- [2] Verordnung über die Verwendung von DNA-Profilen im Strafverfahren und zur Identifizierung von unbekanntem oder vermissten Personen (SR 363.1)
- [3] Verordnung des EJPD über die Leistungs- und Qualitätsanforderungen für die forensischen DNA-Analyselabors (SR 363.11)
- [4] Bundesgesetz über genetische Untersuchungen beim Menschen (GUMG, SR 810.12)
- [5] Verordnung über die Erstellung von DNA-Profilen im Zivil- und im Verwaltungsbereich (VDZV, SR 810.122.2)
- [6] Leitfaden für die Begutachtung von Prüflaboratorien in der Forensischen Genetik (313.d)
- [7] Bär et al. 1994. DNA recommendations – 1994 report concerning further recommendations of the DNA Commission of the ISFH regarding PCR-based polymorphisms in STR (short tandem repeats) systems. International Journal of Legal Medicine 107: 159-160

- [8] Bär et al. 1997. DNA recommendations – Further report of the DNA Commission of the ISFH regarding the use of short tandem repeat systems. *International Journal of Legal Medicine* 110: 175-176
- [9] Parson et al. 2014. DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: Revised and extended guidelines for mitochondrial DNA typing. *Forensic Science International: Genetics* 13: 134-142
- [10] Parson et al. 2016. Massively parallel sequencing of forensic STRs: Considerations of the DNA commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG) on minimal nomenclature requirements. *Forensic Science International: Genetics* 22: 54-63
- [11] Gill et al. 2006. DNA commission of the International Society of Forensic Genetics: Recommendations on the interpretation of mixtures. *Forensic Science International* 160: 90-101
- [12] Coble et al. 2016. DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: Recommendations on the validation of software programs performing biostatistical calculations for forensic genetics applications. *Forensic Science International: Genetics* 25, 191-197
- [13] ENFSI guidelines for evaluative reporting in forensic science: Strengthening the Evaluation of Forensic Results across Europe (STEOFRAE), Version 3.0 (2015)
- [14] Gill et al. 2018. DNA commission of the International society for forensic genetics: Assessing the value of forensic biological evidence - Guidelines highlighting the importance of propositions; Part I: evaluation of DNA profiling comparisons given (sub-) source propositions, *Forensic Science International: Genetics* 36, 189-202
- [15] Foreman and Evett. 2001. Statistical analyses to support forensic interpretation for a new 10-locus STR profiling system. *International Journal of Legal Medicine* 114: 147-155
- [16] Hopwood et al. 2012. Consideration of the probative value of single donor 15-plex STR profiles in UK populations and its presentation in UK courts. *Science and Justice* 52: 185-190
- [17] Aitken and Taroni. 2004. *Statistics and the evaluation of evidence for forensic scientists*. 2nd Edition, John Wiley & Sons, Chichester (U.K.)
- [18] Buckleton, Bright and Taylor. 2016. *Forensic DNA Evidence Interpretation*, 2nd Edition. CRC Press

Genehmigt an der Sitzung der Sektion Forensische Genetik der SGRM vom 07.06.2019.

Datum des Inkrafttretens: 23.11.2019.