

sensfremd sei, hat das LG sich auf keine weiteren, von dem Ergebnis des DNA-Gutachtens unabhängigen Indizien für die Täterschaft des Angekl. gestützt. Es ist auch aus dem Urte. nicht ersichtlich, inwieweit das äußere Erscheinungsbild des Angekl. den von der Zeugin genannten – freilich ohnehin überaus allg. – Merkmalen der Täter (sächsischer Dialekt; nach Statur und Stimme jüngere Männer) entspricht. Der Senat weist ferner darauf hin, dass die Erwägungen zu einer zwingenden Mischspur bei Berührung des Messergriffs durch eine andere Person nicht im Einklang mit Erfahrungen des Senats bei der Beurteilung vergleichbarer Spurenlagen durch Sachverständige und Tatgerichte stehen.

[7] Angesichts dieser Darstellungsmängel können die Feststellungen des LG zur Täterschaft des Angekl. und mithin der Schuldspruch keinen Bestand haben. (...).

## Beweiswert eines DNA-Gutachtens

StPO § 261

### Zum Beweiswert eines DNA-Gutachtens.

BGH, Beschl. v. 06.03.2012 – 3 StR 41/12 (LG Hannover)

Abgedruckt in StV 2012, 520.

**Anmerkung: I.** Die DNA-Analyse ist eine leistungsfähige Technologie und als Beweismittel mit unbestritten hohem Identifizierungsgrad aus der forensischen Praxis nicht mehr wegzudenken. Die Liste der Fälle, die durch ihren Einsatz gelöst oder doch einer Aufklärung näher gebracht wurden, ist unüberschaubar lang und hat bei vielen Juristen, zumal Strafrechtlern, zu einem beinahe mystischen und durch nichts zu erschütternden Vertrauen in die DNA-Analytik geführt.

So hatte der 1. Strafsenat in seiner Entscheidung vom 21.01.2009 ausgeführt, dass das Ergebnis der DNA-Analyse jedenfalls bei einem Seltenheitswert im Millionenbereich wegen der inzwischen erreichten Standardisierung der molekulargenetischen Untersuchung für die Überzeugungsbildung des Tatrichters ausreicht, die gesicherte Tatortspur rühre vom Angeklagten her, sofern die Berechnungsgrundlage den von der Rechtsprechung des BGH aufgestellten Anforderungen entspricht.<sup>1</sup> Es ist müßig, darüber zu diskutieren, was der Senat genau mit »Untersuchung« meinte; nur den technischen Teil des Verfahrens oder auch die statistische Bewertung. Nicht wenige Tatgerichte jedenfalls verstanden die Entscheidung des Senats dahin, dass eine Umkehrung im Regel-Ausnahme-Verhältnis bei den Darlegungspflichten im tatrichterlichen Urteil erfolgt sei. Denn ausgehend zwar von dem Gedanken, dass schuldig sprechende Urteile die Legitimation der durch sie angeordneten Freiheitsentziehung aufzeigen müssen, also welche rationalen Erwägungen sie rechtfertigen und die Unschuldsvermutung widerlegen, fordert die st. Rspr. bei Sachverständigen-gutachten seit jeher neben den erforderlichen tatsächlichen Feststellungen zu den Grundlagen dieses Gutachtens,<sup>2</sup> eine eigene Stellungnahme des Gerichts zu den Fachfragen, um klarzumachen, dass es gem. dem verfassungsrechtlichen Gebot aus Art. 92 GG die relevante Frage mit Hilfe des Sachverständigen selbst entschieden<sup>3</sup> (und wirklich verstanden)<sup>4</sup> hat; und das gilt nicht nur bei einfachen Fallgestaltungen,

sondern auch und gerade in schwierigen Fällen.<sup>5</sup> Denn nur so ist die Verstehbarkeit des Gutachtens, die Beurteilung seiner Schlüssigkeit und sonstigen Fehlerfreiheit gewährleistet.<sup>6</sup> Deshalb genügt es nicht, wenn das Tatgericht auf die »feste Überzeugung« des Sachverständigen abstellt.<sup>7</sup> Doch billigt die höchstrichterliche Rechtsprechung den Tatgerichten ausnahmsweise dann Entlastung zu, wenn es um bewährte und allg. anerkannte, mithin standardisierte Verfahren geht, namentlich bei der Ermittlung der BAK<sup>8</sup>, des Wirkstoffgehaltes von Beräubungsmitteln<sup>9</sup> oder der Auswertung von Fingerabdrücken<sup>10</sup>. Die Entscheidung des 1. Strafsenats nahmen, wie erwähnt, einige Tatgerichte zum Anlass, nun auch bei der DNA-Analyse nur noch deren Ergebnis mitzuteilen. In einem Urteil des LG Hagen hieß es beispielsweise:

»...kommt biostatistisch unter mehr als 10 Milliarden nicht blutsverwandter Personen nicht ein zweites Mal vor«<sup>11</sup>;

wohlgemerkt: die Anknüpfungstatsachen, auf denen diese statistische Berechnung beruhte, wurden im Urteil nicht mitgeteilt. Auch das LG Hannover hatte als Vorinstanz zu der hier besprochenen Entscheidung lediglich ausgeführt:

»...der Angekl. mit einer statistischen Wahrscheinlichkeit von 1:8, 6 Billionen Männern der Verursacher der DNA-Spur auf dem Zigarettenrest war. Die Wahrscheinlichkeit sei mittels eines Computerprogramms berechnet worden, dass die statistische Häufigkeit der einzelnen Merkmale in den untersuchten acht Merkmalsystemen berücksichtige. Die Merkmalskombination des Angekl. kommt demnach statistisch ca. bei einem von 8,6 Billionen Männern vor«<sup>12</sup>.

Aus tatrichterlicher Perspektive war die Ausnahme zur Regel geworden. Die neue Entscheidung des 3. Strafsenats rückt

- 1 BGH StV 2010, 175 m. Anm. Baur/Fimmers/Schneider sowie Neuhaus StraFo 2010, 344.
- 2 BGHSt 45, 164 (182) = StV 1999, 473; BGH StraFo 2003, 56 = StV 2003, 61.
- 3 Vgl. nur BGHSt 7, 238; 8, 113 (118); 12, 311 (314); 34, 29 (31) = StV 1986, 247; BGH StV 1982, 210; StV 1987, 528; NSz-RR 2004, 8 = StV 2004, 266; KK/Schoreit, StPO, 6. Aufl. 2008, § 261 Rn. 31 m.w.N.; Krause, Die Revision im Strafverfahren, 5. Aufl. 2001, S. 47; unter rechtstatsächlichen Aspekten krit. Keller GA 1999, 255.
- 4 BGHSt 12, 18 (20); StV 1988, 52.
- 5 BGHSt 8, 113 (118); KK/Schoreit (Fn. 3), § 261 Rn. 31 m.w.N.; Detter, Revision in Strafsachen, 2001, S. 53.
- 6 SK-StPO/Velten, 4. Aufl. 2012, § 261 Rn. 18.
- 7 BGH NSz-RR 2009, 140; ähnlich schon BGH NSz 1998, 470: der Sachverständige habe »persönlich nicht den geringsten Zweifel«.
- 8 BGHSt 12, 311 (314); OLG Düsseldorf VRS 64, 208; OLG Frankfurt StV 1994, 9.
- 9 Die kriminaltechnischen Grundlagen erläutert RübSamen NSz 1991, 310.
- 10 BGH NSz 1993, 95; Detter (Fn. 5), S. 53.
- 11 LG Hagen, Urte. v. 23.09.201, 31 Ks – 400 Js 28/10 – 2/10; auch LG Hagen, Urte. v. 20.10.2010, 41 Kls – 100 Js 319/09 – 10/10 teilt die Berechnungsgrundlagen nicht mit.
- 12 LG Hannover, Urte. v. 21.10.2011, 30 Kls – 3/11. Man muss kein Naturwissenschaftler sein, um von dieser Zahl überrascht zu sein und Zweifel zu spüren: Zurzeit leben auf der Erde ca. 7 Milliarden Menschen. Legt man den Beginn des Mensch-Seins auf ca. 200.000 Jahre v. Chr. fest (sog. Hominidation; erste bewusst modulierte Laute, die man als Ur-Sprache verstehen könnte [vorher war eine »Sprache« aus biologischen Gründen nicht möglich, weil der Gaumen-, Zungen- und Kehlkopf-Apparat einschließlich der Stimmbänder noch nicht geeignet waren; ausf. etwa Enard et al. NATURE 418 [2002], S. 869 ff.]), dann lebten bislang keine 50 Milliarden Menschen auf der Erde, die Hälfte davon Männer, also 25 Milliarden Individuen. Legt man einmal diese Zahl von 25 Milliarden Männern zugrunde und zugleich, dass vier Generationen in jedem Jahrhundert entstehen, bedeutet dies bei der tatrichterlich festgestellten Merkmalskombination von 1 : 8.600 Milliarden: Es gab nicht nur noch nie ein männliches Individuum auf unserem Planeten, das in den untersuchten nur 8 Systemen gleich war, es wird auch in den nächsten ca. 570 Jahrhunderten niemanden geben! Und dies, obgleich es Tausende von Systemen gibt, aber – wie gesagt – nur 8 untersucht wurden. Kurzum: Die festgestellte Zahl muss vernünftige Zweifel wecken.

die Verhältnisse wieder in gebotener Weise zurecht und präzisiert die Anforderungen, die an die Darlegung des DNA-Analyse-Verfahrens im Urteil zu stellen sind.

**II. 1.** Als körperlicher Gegenstand ist die DNA-Spur, wie alle kriminaltechnischen Spuren zunächst einmal stumm. Die in ihr enthaltene Information muss erst noch freigesetzt werden. Dazu bedarf es mehrerer Schritte, und man sollte sich dabei darüber im Klaren sein, dass dieser »Sachbeweis«, der nach tradiertem und verbreiteter Ansicht stets objektiv ist, nicht wertet, nicht lügt, nicht im Erinnerungsvermögen nachlässt und sich nicht widerspricht,<sup>13</sup> strafprozessual kein selbstständiges Beweismittel darstellt, sondern nicht mehr als die Kombination der klassischen Beweismittel (Zeuge, Augenschein und Sachverständiger). Es lohnt daher, sich in Erinnerung zu rufen, dass all die Erkenntnisse der Kriminaltechnik trotz des Einsatzes leistungsfähiger Computer, sich ständig verbessernder technischer Apparaturen und verfeinernder Methoden vom Menschen abhängig bleiben. Er ist es, der Spuren sucht, sichert und wertet.<sup>14</sup> Es gibt also keinen »Sachbeweis«, der nicht von einem Zeugen oder einem Sachverständigen abhängt. Kriminaltechnische Beweisführung bleibt auch weiterhin Handarbeit und Geistesleistung.<sup>15</sup> Das ist allzu Wenigen bewusst, auch solchen an buchstäblich entscheidender Stelle. Folglich sind bei diesem »Sachbeweis« nicht nur naturwissenschaftlich-technische Fehlerquellen im Auge zu behalten; zu bedenken ist vielmehr, dass zusätzlich die gleichen Fehlerquellen<sup>16</sup> eröffnet sind, wie beim viel gerügten Zeugen- und Sachverständigenbeweis, vor allem Irrtum, Nachlässigkeit,<sup>17</sup> Eitelkeit, die ungebrochene Kraft des Vorurteils und gelegentlich die Lüge.<sup>18</sup> DNA-Analysen sind gegen all diese Fehler nicht immun.

**2. a)** Die Kontrolle eines DNA-Gutachtens ist also ein vielschichtiger Vorgang. Er hat zu beginnen mit der akribischen Analyse der als fehleranfällig<sup>19</sup> bekannten Tatortarbeit (Spurensuche und Spurensicherung), denn die Qualität der Tatortarbeit ist Grundvoraussetzung einer erfolgreichen Arbeit aller Kriminaltechniker und -biologen.<sup>20</sup> Das leuchtet ein: Wenn der Input nicht stimmt, kann der Output von vornherein nicht richtig sein. Zu dieser ersten Stufe des »Beweismittels« DNA-Analyse bringt die Entscheidung nichts Neues. Ob das Tatgericht insoweit Feststellungen trifft, ist nicht nur abhängig vom Einzelfall, sondern hat in der Regel auch nichts mit den eingangs dargestellten Darlegungspflichten beim Sachverständigenbeweis zu tun. Denn die Tatortaufnahme wird praktisch nur sehr selten vom Sachverständigen begleitet. In der absoluten Mehrheit der Fälle liegt die Spurensicherung in den alleinigen Händen der Polizei. Es geht also um Zeugenbeweis, etwa: Wo wurde wie gesucht? Wo wurde was gefunden? Gleiches gilt für das Labor selbst, d.h. seine personelle wie technische Ausstattung.

**b)** Um Fragen, für deren Beantwortung es eines Sachverständigen bedarf, handelt es sich jedoch dann, wenn es um die Einschätzung der Zuverlässigkeit der Analyseverfahren geht. Solche gibt es zwei: das aufwändige RFLP-<sup>21</sup> und das gebräuchliche PCR-Verfahren. Der Entscheidung liegt das Ergebnis einer DNA-Analyse zugrunde, die mit der sog. PCR-Methode gewonnen wurde; PCR steht für Polymerase Chain Reaction, also »Polymerase Kettenreaktion«. Diese Methode hat den Vorteil, dass sie weitaus weniger Spurenmateriale benötigt als die klassische RFLP-Methode. Bei der PCR-Methode wird der natürliche, bei der Zellteilung stattfindende DNA-Vermehrungsprozess gezielt nachgeahmt. Man spricht von Amplifizierung der DNA.<sup>22</sup> Entscheidende Bedeutung kommt bei dem labortechnischen Verfahren – ebenso wie in der Natur – dem Stoff »Polymerase« zu.

Das ist ein Enzym, welches die Neubildung von DNA-Strängen durchführt. Unter besonderen, hier nicht näher interessierenden technischen Voraussetzungen, wird diese Kettenreaktion im Labor nachgestellt. Aus einem winzigen »Mutter«-DNA-Bruchstück wird so zunächst ein doppelt so langer DNA-Strang wie ursprünglich

vorhanden. Dieser wird dann wiederum verdoppelt und so fort. Nimmt man also an, die Länge des als Grundlage der Kopien dienenden »Mutter«-DNA-Bruchstücks wiese die Länge 1 auf, würde sich der DNA-Strang nach und nach durch jeweilige Verdoppelung wie folgt verlängern: 2, 4, 8, 16, 32, 64, 128, 256, 512, 1024, 2048, 4096, 8192, 16384, 32768 usw. Insgesamt finden innerhalb weniger Stunden ca. 30 Zyklen statt, so dass schließlich genügend Material zur Verfügung steht, um es zu untersuchen. Dabei ist aber eines von vornherein zu bedenken: Die Vervielfältigung kann niemals aussagekräftiger sein als das Original, mag der Strang auch mehrere Milliarden Einheiten lang sein. Die in ihm schlummernde molekularbiologische Information beträgt nur 1. Es leuchtet ein, dass eine solche Informationsbasis von vornherein schmaler und unzuverlässiger sein muss, als wenn ein originäres DNA-Stück mit entsprechender Länge untersucht worden wäre (wie bei der RFLP-Methode). Doch damit nicht genug: Bei der Amplifizierung des »Mutter«-DNA-Bruchstücks, also der mehrfachen Verdoppelung, geschieht es immer wieder, dass nicht »sauber kopiert« wird. Man kann das durchaus mit dem allg. bekannten Phänomen vergleichen, wenn man von einem Original-Schriftstück eine Kopie anfertigt, von dieser Kopie dann eine weitere Kopie, von dieser zweiten eine dritte, von der dritten eine vierte

13 Herold, in: BKA (Hrsg.), Sachbeweis im Strafverfahren, BKA-Vortragsreihe Bd. 24; 1979, S. 75 (77); vgl. auch: Ziegenaus, in: BKA (Hrsg.), Aktuelle Methoden der Kriminaltechnik und Kriminalistik, BKA-Forschungsreihe Bd. 32; 1994, S. 15 (15 f.); ähnlich: Zirk/Vordermaier, Kriminaltechnik und Spurenkunde, 1998, S. 13. Euphorisch ist gelegentlich vom »Zeitalter des objektiven Sachbeweises« die Rede (Soiné KR 1998, 247 [249]).

14 Ackermann/Koristka/Leonhardt/Nisse/Wirth KR 2000, 731 (735 f.); Barton StV 1988, 124 (126); vgl. auch Peters, Fehlerquellen im Strafprozess, Bd. II, 1972, S. 162 ff.; Geerds ArchKrim 1983 (Bd. 172), S. 129 (134).

15 Schon der sprachliche Ursprung des Begriffes »Technik« zeigt das: »Technik« leitet sich ab vom griechischen Wort »techné« und bedeutet gleichermaßen »Kunst« wie »Handwerk«.

16 Zutr. etwa Eisenberg, BewR, 8. Aufl. 2011, Rn. 1895; Prüfer StV 1993, 602 (604).

17 Thielmann StraFo 2004, 5 (6) mit haarsträubenden Beispielen.

18 Erschütternd der Fall, von dem Katinka Schröder (WDR) berichtet. Danach gibt es offenbar Versuche zielgerichteter Einflussnahme seitens der Ermittler. In dem von der Autorin berichteten Fall, befand sich ein Vermerk bei der Akte. Sein erstaunlicher Inhalt: »Bei Probe 57 müssen wir die Täterschaft ausschließen.« Probe 57 enthielt die DNA-Spur eines von der Verteidigung präsentierten alternativen Tatverdächtigen!

19 Das Haupt-, aber keineswegs einzige Problem bei der Tatortaufnahme liegt darin, dass es sich um Mikrosuren handelt, die schon allein aufgrund ihrer physischen »Leichtigkeit« schnell verfrachtet werden können. Deshalb sind auch die Ermittler nicht davor gefeit, die verdächtige DNA selbst mit zum Tatort zu bringen, etwa dann, wenn sie vorher Kontakt zu einem Zeugen hatten und dabei die Möglichkeit der Kontamination bestand. Beredt ist der peinliche Fall, der im Frühjahr 2009 Furore machte und unter dem Namen »Phantom von Heilbronn« bekannt wurde: Die Beamten brachten die DNA selber mit zum Tatort, und zwar im sog. Abstrichbesteck; Einzelpreis 15 Cent. Die Wattestäbchen waren nicht sachgerecht produziert worden. So kam es, dass drei Sonderkommissionen aus Baden-Württemberg, dem Saarland und aus Rheinland-Pfalz über mehr als zwei Jahre nach einer unbekanntenen Frau suchten, die Täterin ganz verschiedener Delikte gewesen sein sollte, darunter der Mord an einer Polizistin in Heilbronn. Das Phantom war Verpackerin in der kleinen bayerischen Firma, die diese Bestecke für die Polizei produzierte; vgl. Soldt Frankfurter Allgemeine Sonntagszeitung v. 29.03.2009, 12. Die Kontamination von Wattestielupfern ist übrigens kein Einzelfall, wie es von Seiten der Ermittler nach dem »Phantom von Heilbronn« gerne verbreitet wurde. Der Kriminalbiologe M. Benecke aus Köln berichtet ebenfalls von kontaminierten Abstrichbestecken. Seine Forderung: Weil man nie sicher sein könne, bedürfe es einer Rückbesinnung auf das, was naturwissenschaftliche Kriminalisten denken: niemandem trauen und alles prüfen; Lausitzer Rundschau vom 28./29.03.2009. Beispiele unzureichender TO-Arbeit in Bezug auf die spätere DNA-Analyse bei Verhoff/Heidorn Der Krim 2006, 120 (122).

20 Ackermann KR 2005, 323 (327); Graff KR 2002, 379 (381); Decke KR 2000, 467 (467). Auch die Deutsche Gesellschaft für Kriminalistik hob auf ihrer Jahrestagung 2005 die richtungweisende Bedeutung der Tatortarbeit hervor (KR 2005, 639).

21 RFLP steht für Restriktions-Fragment-Längen-Polymorphismus; Jargon: Riffip-Verfahren.

22 Vgl. nur Kimmich/Spyra/Steinke NStZ 1990, 318 (321).

usw. Irgendwann wird das Blatt fast weiß sein. Auf dem Weg zum »weißen Blatt« wird sich etwa eine auf dem Original-Schriftstück zu lesende Ziffer 8 irgendwann nur noch als eine Ziffer 3 lesen lassen, eine Ziffer 4 auf dem Original als eine 7 oder 1 usw. Umgekehrt wird vielleicht aus einer Ziffer 0 im Laufe der wiederholten Kopiervorgänge ein Gebilde, das wie eine 8 erscheint oder ähnlich.

Bei der Vervielfältigung im Rahmen der PCR-Methode ist es nicht anders. Es entstehen sog. Artefakte, also »Künstlichkeiten«, die dem ursprünglichen »Mutter«-DNA-Bruchstück nicht entsprechen. Beim Kopieren können daher Allelausprägungen entstehen, die nicht identisch sind mit dem auf dem »Mutter«-DNA-Bruchstück.<sup>23</sup> Manchmal werden Basenpaare zusätzlich eingeschoben, manchmal fallen welche heraus. Dazu ein Beispiel:

Beim System FIBRA ist es z.B. so, dass nie weniger als 16 und nie mehr als 30 Wiederholungen auftreten (jedenfalls, soweit man das heute weiß). Da jeder Mensch maximal zwei Längenvarianten aufweisen kann, nämlich eines vom Vater und eines von der Mutter, könnte also die Längenvariante im System FIBRA etwa 18/24 betragen (nicht möglich wäre nach der oben genannten Variationsbreite z.B. die Kombination FIBRA 14/21 oder 18/33). Wieso also das aus der Tatortspur stammende System FIBRA die Allelkombination 18/24 auf, so müsste es in den Kopien, die aus dem winzigen Bruchstück erst einen langen, untersuchungsfähigen Strang gemacht haben, ebenfalls im System FIBRA die Längenvarianten 18/24 aufweisen. Das ist aber nicht so. Bei der Amplifizierung kann z.B. die Allelausprägung FIBRA 17/24 oder FIBRA 18/23 entstehen. Man spricht vom sog. allelic drop out. Beim Kopieren kann aber aus FIBRA 18/24 auch etwa FIBRA 19/24 oder 18/25 werden, ein sog. allelic drop in. Dabei sind sowohl das drop-out wie auch das drop-in nicht auf ein Basenpaar beschränkt. Bei der RFLP-Methode kann so etwas nicht passieren. Deshalb müssen bei der PCR-Methode deutlich mehr Systeme untersucht werden als bei der RFLP-Methode. Dennoch sieht der *Senat* das PCR-Verfahren in seinen Abläufen inzwischen als so weit standardisiert, dass es dazu keiner Darlegungen im tatrichterlichen Urteil (mehr) bedarf.<sup>24</sup> In Zukunft ist daher die Verteidigung, freilich nicht nur sie allein, aufgerufen, den Sachverständigen zu den Problemen der Artefakt-Bildung zu befragen. Das kann dazu führen, dass von den ursprünglich untersuchten Systemen letztlich nur noch die in die Befundbewertung einfließen, von denen man mit Sicherheit sagen kann, dass sie von der Artefaktbildung bei der Amplifizierung nicht betroffen waren.<sup>25</sup>

c) Ziel des gesamten ermittlungsbzw. biotechnischen Aufwandes ist eine Aussage darüber, in welchem Grade das DNA-Gutachten die Richtigkeit des Anklagevorwurfs in Bezug auf die Täterschaft wahrscheinlich macht.

aa) Ausgangspunkt der Überlegungen zur Merkmalswahrscheinlichkeit ist eine auf Stichproben basierende statistische Berechnung, mittels derer die Allelfrequenz ermittelt wird. Zu diesem Zweck werden in der Bundesrepublik auf dem untersuchten DNA-Strang diverse Systeme untersucht. Welche Systeme das im jeweiligen Einzelfall aber sind, ist wichtig zu wissen, denn nicht nur die Aussagekraft eines jeden Systems ist unterschiedlich, sondern auch der Verbreitungsgrad einzelner Allel-Erscheinungsformen innerhalb desselben Systems. Wenn also nicht einmal die Systeme mitgeteilt werden, hat man von vornherein keine Chance, die Aussagekraft (Verbreitungshäufigkeit) einer Erscheinungsform des Allels in diesem System auch nur eigeninitiativ zu hinterfragen: Merkmalshäufigkeit z.B. 28 % (also eher häufig) oder 1,5 % (also eher selten)? Die Entscheidung bringt hier Klarheit: In den Urteilsgründen sind die untersuchten Systeme mitzuteilen.

bb) Selbst das aber genügt nach zutreffender Ansicht des *Senats* nicht. Es bedarf auch der Mitteilung der konkreten Erscheinungsform des Allels; also, um ein Beispiel zu nennen, etwa TH01 (4/14).<sup>26</sup> Denn nur wenn man auch die konkrete Erscheinungsform des Allels kennt, kann man prüfen, ob die im Urteil mitgeteilte Merkmalswahrscheinlichkeit zutreffen kann. Dazu muss man Folgendes wissen:

Der Berechnung der Allelfrequenzen liegt ein Modell der Populationsgenetik zugrunde, das sog. *Hardy-Weinberg-Gleichgewicht*. Es unterstellt eine Idealpopulation.

Diese ist an fünf Bedingungen geknüpft, nämlich an die hinreichende Größe der Population,<sup>27</sup> an die Panmixie,<sup>28</sup> an den sich nicht ändernden Selektionsdruck und das Ausbleiben sowohl von Mutation und Gennmigration.<sup>29</sup> Real bestehende Populationen zeigen aber, dass mindestens eine der fünf Bedingungen nicht erfüllt ist, nicht selten keine einzige. Die dem *Hardy-Weinberg-Gleichgewicht* zugrunde gelegte Population ist also lediglich ein theoretisches Konstrukt<sup>30</sup> und war – 1908 entwickelt – auch für ganz anderes gedacht als die statistische Berechnung der damals noch längst nicht bekannten DNA-Analyse. Die Folge sind den Beschuldigten beträchtlich belastende Wahrscheinlichkeiten. Die auf Grundlage des *Hardy-Weinberg-Gleichgewichts* errechneten Allelfrequenzen sind »grundsätzlich viel zu klein«.<sup>31</sup> Im angelsächsischen Bereich ist man daher seit Jahren bemüht, realistischere Größenordnungen durch Berücksichtigung eines Korrekturfaktors zu gewinnen. In Australien z.B. wird für die Allgemeinbevölkerung ein Sicherheitszuschlag von 3 % je Allel gemacht.<sup>32</sup> Das »Comm-

23 Das ist insbesondere, aber eben nicht nur dann, der Fall, wenn sich das DNA-Material in einem so schlechten Zustand befindet, dass keine intakte Vorlage des zu amplifizierenden Abschnitts vorhanden ist; vgl. etwa *Verhoff/Heidorn* Der Krim 2006, 120 (121).

24 So auch der 2. *Senat* in BGH NStZ 2012, 403 (404).

25 Wie etwa in der Sache des *LG Arnberg*, Urt. v. 22.06.2010, II-2 Kls 12/09 (382 Js 144/09).

26 Die Bandbreite der Wiederholungen im System TH01 liegt zwischen mindestens 3 und höchstens 14. Da ein Chromosom vom Vater, eines von der Mutter stammt, kann die Anzahl der Wiederholungen in diesem – nicht lebenswichtigen – Bereich der DNA auf dem Vater-Chromosom zwischen 3 und 14 Wiederholungen beinhalten; gleiches auf dem Mutter-Chromosom. Es gibt also im System TH01 insgesamt 144 verschiedene Erscheinungsformen: Eine Zahl zwischen 3 und 14 vor dem Querstrich und eine Zahl zwischen 3 und 14 hinter dem Querstrich, demnach 12 x 12 Varianten. Jede ist statistisch unterschiedlich häufig. Man möchte wenigstens wissen, welches Allel denn nun vorliegt, und man braucht diese Information auch, um die tatrichterlichen Feststellungen nachvollziehen zu können.

27 Für das Modell der Idealpopulation muss die Population »sehr groß« sein; vgl. *Berns*, Statistische Probleme der forensischen DNA-Analyse, 2006, S. 38. Es leuchtet ein, dass die Aussagekraft der Berechnung zunächst von der Größe der Stichprobe abhängt, und daher bei 5.000.000 untersuchten Menschen eine sicherere Aussage getroffen werden kann als nach der Untersuchung von nur 500 Personen. Es dürfte unter Juristen wenig bekannt sein, was z.B. die Sachverständige Dr. *Schmidt* vom Institut für Rechtsmedizin der LMU München bei ihrer Vernehmung vor der *Schwurgerichtskammer* des *LG Augsburg* am 24.07.2012 aussagte, dass nämlich die Stichprobengröße für ein Allel zwischen 500 und 1000 Personen liege, bei manchen Allelen bis zu 2000 (8 Ks 401 Js 129138/11). Das ist wenig, und so erinnert jede Hochrechnung an einen möglicherweise ungedeckten Wechsel.

28 Unter Panmixie versteht man die zufällige Paarung zweier verschieden geschlechtlicher Individuen innerhalb einer Population. Dabei haben zwei beliebige Individuen die gleiche Paarungswahrscheinlichkeit. So sind alle Paarungen gleich wahrscheinlich und zudem gleich erfolgreich; vgl. *Berns* (Fn. 27), S. 38.

29 Ausführlich dazu *Berns* (Fn. 27), S. 38 f.

30 *Berns* (Fn. 27), S. 39, *Roberts*, in: *Freckelton/Selby*, Expert Evidence, 4th Edition, 2009, Chapter 80 A, Statistical evaluation of forensic DNA-typing, S. 77; *Snell*, Estimating the Population Frequency of a DNA Pattern, [www.dartmouth.edu/~chance/teaching\\_aids/books\\_articles/DNAtyping/node1.html](http://www.dartmouth.edu/~chance/teaching_aids/books_articles/DNAtyping/node1.html) (zuletzt aufgerufen am 07.08.2012).

31 So ausdrücklich *Berns* (Fn. 27), S. 131.

32 Australian Public Defenders Office: DNA for Defence Lawyers, [www.lawlink.nsw.gov.au/lawlink/pdo/ll\\_pdo.nsf/pages/PDO\\_dnadefencelawyers](http://www.lawlink.nsw.gov.au/lawlink/pdo/ll_pdo.nsf/pages/PDO_dnadefencelawyers) (zuletzt aufgerufen am 07.08.2012).

tee on DNA Forensic Science« der US-amerikanischen National Academy of Science wies bereits 1996 darauf hin, dass hinsichtlich der im forensischen Alltag angenommenen Merkmalswahrscheinlichkeiten Korrekturen vorzunehmen seien, d.h. Zuschläge. *J. Laurie Snell* von der Universität Dartmouth/New Hampshire schlägt insoweit einen Sicherheitszuschlag von 5 % je Allel vor.<sup>33</sup>

Bislang wurden diese Überlegungen zur Einführung eines Korrektur-Faktors – soweit ersichtlich – von deutschen Gerichten (und Sachverständigen) schlechterdings nicht zur Kenntnis genommen. Es ist zu bedauern, dass der *Senat* versäumt hat, zu diesem wichtigen Aspekt Stellung zu nehmen.

cc) Geradezu revolutionär erscheint mit Blick auf die bisherige Praxis, dass der *Senat* für die Zukunft die »hinreichend deutliche Umschreibung der Vergleichspopulation« verlangt. Damit hat es folgende Bewandnis: Bei der Ermittlung der Merkmalswahrscheinlichkeit geht es um die Häufigkeit der durch das Analyseverfahren festgestellten Zustandsform der DNA in einer Population. Doch kann die Merkmalshäufigkeit, wie sie aufgrund von Erhebungen ermittelt zu sein scheint, immer nur die der untersuchten Stichprobe sein. Es führt demnach kein Weg an der Erkenntnis vorbei, dass die Allelfrequenzen letztlich »geschätzt« sind.<sup>34</sup> Bedeutsamer ist jedoch Folgendes: Die Berechnung der Merkmalshäufigkeit erfolgt – wie dargelegt – aufgrund von Daten, die für die Allgemeinbevölkerung gelten (mögen). Sie berücksichtigen jedoch nicht, ob der Tatverdächtige einer mehr oder minder ethnisch isolierten Bevölkerungsgruppe angehört.<sup>35</sup> Da aber verschiedene Populationen häufig<sup>36</sup> unterschiedliche Merkmalsverteilungen aufweisen, dürfen als Bewertungsgrundlage nur die Häufigkeiten aus der spezifischen Bevölkerung verwendet werden, für deren Angehörige die Wahrscheinlichkeit ermittelt werden soll.<sup>37</sup> Geschieht dies nicht, ergeben sich den Tatverdächtigen (weitere) beträchtlich benachteiligende Wahrscheinlichkeitsaussagen zur Häufigkeit seines DNA-Profiles. Dazu ein Beispiel:

*David Hicks* musste sich vor einem texanischen Gericht wegen Vergewaltigung und Mord an seiner Großmutter verantworten und wurde zum Tode verurteilt. Als einziges Beweismittel diente ein DNA-Gutachten, das sogar auf der prinzipiell deutlich aussagekräftigeren RFPL-Basis fußte, und welches zu dem Ergebnis kam, es spreche eine Wahrscheinlichkeit von 1 : 96 Mio. für den Angeklagten als Spurenleger. Diese Wahrscheinlichkeitsaussage war aus biostatistischen Daten hochgerechnet worden, die auf Auswertungen in einer New Yorker Blutbank basierten. So war unbeachtet geblieben, dass *Hicks* aus einem kleinen, von wenigen Familien gegründeten und seither weitgehend isolierten Dorf stammte. Die DNA-Sequenzen der dortigen Bevölkerung hatten sich so sehr angeglichen, dass die angenommene Wahrscheinlichkeit viel zu hoch lag. Schon die Untersuchung von nur sieben weiteren männlichen Dorfbewohnern ergab, dass mehr als die Hälfte der Banden identisch war. Die astronomisch anmutende Wahrscheinlichkeitsquote erwies sich als haltlos.<sup>38</sup>

Es kommt folglich nicht auf die Population als solche an, sondern auf die konkrete Subpopulation. Man darf deshalb nicht bei der Frage stehen bleiben, wie die Bevölkerungsdurchmischung idealerweise sein sollte. Um eine möglichst sichere statistische Aussage treffen zu können, muss man sich vielmehr die Frage vorlegen, wie die genetische Durchmischung denn nun wirklich aussieht.

Das Problem besteht nun darin, dass die Datenbanken in der Bundesrepublik unter dem Geburtsfehler leiden, von Anfang an alle Gutachtenergebnisse in einen Topf geworfen zu haben, wodurch

reale Unterschiede »eingeebnet« wurden (und werden). Genetiker und Statistiker sprechen hinsichtlich solcher Verzerrungen vom sog. *Wahlund*-Effekt.<sup>39</sup> Einen Ausweg aus diesem Dilemma bieten (auch hier) Untersuchungen im Ausland. Sie haben gezeigt, dass bei Subpopulationen nach oben Abweichungen bis absolut 6 % vorliegen können,<sup>40</sup> in Einzelfällen hat die ausländische Rechtsprechung sogar Zuschläge von 13 % verlangt.<sup>41</sup>

3. Um also Benachteiligungen auszuschließen, die durch das Fehlen einer Idealbevölkerung, die aber Grundlage der statistischen Berechnungen ist, entstehen, sollten bei »Jedermann« von vornherein Zuschläge in Höhe von mindestens 3 % je Allel (wenn nicht 5 %) vorgenommen werden. Gehört der Tatverdächtige einer genetisch eher isolierten Bevölkerungsgruppe an, weil er etwa aus Ostanatolien oder dem Kosovo stammt, einer Bevölkerungsgruppe in Nordafrika oder einer libanesischen Großfamilie angehört, erscheint ein Zuschlag von weiteren 6 % angemessen. Der Weg dorthin scheint vorgezeichnet, nachdem der *BGH* nun zutreffend klargestellt hat, dass in den Urteilsgründen die Vergleichspopulation hinreichend deutlich zu beschreiben sei. Es wird in Zukunft kaum mehr möglich sein, jedenfalls bei einem Tatverdächtigen aus einer Subpopulation die zurzeit offenbar angewendeten statistischen Tabellen vorbehaltlos anzuwenden. Denn das Verlangen des *Senats* nach hinreichend deutlicher Umschreibung der Vergleichspopulation heißt, die Bedeutsamkeit der Zugehörigkeit von Subpopulationen zu bejahen.

4. Die Entscheidung des *BGH* ist trotz der beschriebenen »Lücken« uneingeschränkt zu begrüßen, zumal die Mitteilung der Grundlagen des Gutachtens i.d.R. zu einer höheren Akzeptanz des tatrichterlichen Urteils führen, und viel eher Frieden stiftende Wirkung entfalten wird.<sup>42</sup> Die drohende

33 *Snell* (Fn. 30): Auf den ersten Blick bezieht sich diese Zahl auf Subpopulationen. *Snell* weist aber zugleich darauf hin, dass es die Idealbevölkerung, die den Berechnungen zugrunde liegt, so nicht gibt (s.o.), und die Allgemeinbevölkerung im Grunde aus ca. 15 bis 20 Subpopulationen besteht. Er schlägt für jede dieser Subpopulationen einen Sicherheitszuschlag je Allel in Höhe von 5 % vor. Im Aufsatz des australischen Public Defenders Office (Fn. 32) ist davon die Rede, dass einige US-Labors Sicherheitszuschläge von 10 % vorschlagen.

34 *Baur/Fimmers/Schneider* StV 2010, 175 (175); Public Defenders Office (Fn. 32): »it is essentially a guesstimate«.

35 Zur Relevanz *Brunner NATIONAL GEOGRAPHIC* 5/2004, S. 26 ff.; vgl. auch *Wirth/Strauch*, Rechtsmedizin, 2000, S. 325 f.; *Eisenberg* (Fn. 16), Rn. 1908.

36 *Berns* (Fn. 27), S. 50 unter Hinweis auf *Brinkmann*, Grundlagen der DNA-Analytik, S. 7.

37 *Wirth/Strauch* (Fn. 35), S. 325 f.; *Eisenberg* (Fn. 16), Rn. 1908; *Ritter*, Genomanalyse und Strafverfahren, 1997, S. 31; *Neufeld/Coleman SPEKTRUM DER WISSENSCHAFT* 7/1990, S. 106 (112); *Verhoff/Heidorn* Der Krim 2006, 120 (121); *Snell* (Fn. 30).

38 Fallschilderung nach *Ford/Thompson THE SCIENCES* 1990, 37 (42).

39 So benannt nach dem schwedischen Humangenetiker und Statistiker *Sten Gösta William Wahlund*. Ausführlich zum *Wahlund*-Effekt *Berns* (Fn. 27), S. 60 ff.

40 *Roberts* (Fn. 30), S. 621. In Anbetracht z.B. des Falles *Hicks* scheint ein Zuschlag von nur 6 % bei besonders kleinen Subpopulationen, wie etwa auch bei libanesischen Großfamilien, in denen i.d.R. nur untereinander geheiratet wird, noch als zu gering.

41 So im Fall eines Aboriginal, R. vs. *Bropho* (2004) WADC 182, zitiert bei Public Defenders Office (Fn. 32).

42 Es gibt eine Vielzahl von alltäglichen Situationen, bei denen sich niemand allein mit der Mitteilung eines Ergebnisses zufrieden gibt, sondern selbstverständlich auch die »Entscheidungsgrundlagen« im weiteren Sinne wissen will; und das vollkommen zu Recht. So würde niemand akzeptieren, wenn im Einkommenssteuerbescheid der zu erstattende bzw. nachzuentrichtende Betrag stünde, es aber an jeder Darlegung des Rechenwerkes fehlte; obgleich es sich bei der Berechnung der Steuer um ein »standardisiertes« Verfahren handelt! Um wie viel zwingender ist dann die Darlegung der Grundlage eines den Betroffenen schwer belastenden Gutachtens?

Reduktion der Kontrollmöglichkeiten tatrichterlicher Überzeugungsbildung, wie sie durch die Entscheidung des 1. Strafsenates (ob beabsichtigt oder nicht) einzutreten drohte, ist abgewehrt. Es ist berechtigt, dass die erste wegweisende Entscheidung des BGH zur DNA-Analyse<sup>43</sup> einen Fehler betraf, der mit den Mitteln des Revisionsrechts nicht hätte aufgeklärt werden können, wenn man »jedenfalls bei einem Seltenheitswert im Millionenbereich«<sup>44</sup> nur noch das Ergebnis der DNA-Analyse hätte mitteilen müssen. Die an der Entscheidung Beteiligten sind nicht (mehr) gänzlich auf »Glauben« zurückgeworfen. Die Entscheidung hat das Risiko kognitiver Täuschungen beträchtlich reduziert, wenn auch noch nicht gebannt.

Rechtsanwalt Prof. Dr. Ralf Neuhaus, Dortmund.

### Strafklageverbrauch bei Betäubungsmittelhandel und Trunkenheitsfahrt

BtMG § 30a Abs. 2 Nr. 2; StGB § 316; StPO §§ 264, 206a Abs. 1

**Die Verurteilung durch Strafbefehl wegen einer Trunkenheitsfahrt verbraucht die Strafklage wegen bewaffneten Betäubungsmittelhandels, wenn die Betäubungsmittel während der Trunkenheitsfahrt transportiert wurden.**

BGH, Beschl. v. 03.05.2012 – 3 StR 109/12 (LG Düsseldorf)

**Aus den Gründen:** [1] Das LG hat den Angekl. am 20.12.2011 wegen bewaffneten Handeltreibens mit Btm in nicht geringer Menge (§ 30a Abs. 2 Nr. 2 BtMG) zu einer Freiheitsstrafe von 2 J. und 6 M. verurteilt. Auf die zulässige Revision des Angekl. stellt der Senat das Verfahren nach § 206a Abs. 1 StPO ein, denn zwischenzeitlich ist das endgültige Verfahrenshindernis des Strafklageverbrauchs eingetreten.

[2] 1. Gegenstand des vorliegenden Verfahrens ist der Vorwurf, der Angekl. habe Mitte Juni 2011 ca. 317 g Marihuana, Wirkstoffgehalt 10,4 % THC, erworben, das er jedenfalls hälftig zur gewinnbringenden Weiterveräußerung bestimmt habe. Er habe das Marihuana zunächst in einem Wald versteckt und es dann in der Nacht v. 01. auf den 02.07.2011 unter Benutzung seines Pkw von dort abgeholt. Dabei habe er in der Ablage der Fahrertür ein beidseitig geschliffenes Messer, Klingenzlänge 12 cm, griffbereit mit sich geführt. Nach der Abholung sei der Angekl., der sich in Begleitung eines Abnehmers befunden habe, mit dem Pkw in eine Polizeikontrolle geraten und festgenommen worden; das transportierte Marihuana sei sichergestellt worden.

[3] Eine dem Angekl. nach der Festnahme entnommene Blutprobe ergab eine BAK von 1,43 ‰ sowie Hinweise auf Cannabiskonsum. Insoweit leiteten die Strafverfolgungsbehörden ein gesonderetes Verfahren wegen des Vorwurfs der Trunkenheit im Verkehr (§ 316 StGB) ein, in dem der Angekl. durch Strafbefehl des AG Neuss v. 27.12.2011, rechtskräftig seit 19.01.2012, zu einer Geldstrafe von 40 TS verurteilt wurde.

[4] 2. Der GBA hat hierzu in seiner Antragschrift ausgeführt:

»Dem weiteren Verfahren steht ein dauerndes Verfahrenshindernis entgegen, weil durch den Strafbefehl des AG Neuss, der in seinen Wirkungen einem rechtskräftigen Urteil gleichsteht (§ 410 Abs. 3 StPO), Strafklageverbrauch eingetreten ist.

Der Strafbefehl betrifft dieselbe Tat wie das vorliegende Verfahren. Der Begriff der Tat i.S.d. Art. 103 Abs. 3 GG,

§ 264 Abs. 1 StPO bezeichnet dabei den geschichtlichen und dadurch zeitlich wie sachverhaltlich begrenzten Vorgang, auf den Anklage und Eröffnungsbeschluss hinweisen und innerhalb dessen der Angekl. als Täter oder Teilnehmer einen Straftatbestand verwirklicht haben soll (vgl. BGH, Beschl. v. 05.03.2009 – 3 StR 566/08, BGHR StPO § 264 Abs. 1 Tatidentität 47 [= StV 2010, 119]). Danach stehen die vom Angekl. begangene Trunkenheitsfahrt (§ 316 Abs. 1, Abs. 2 StGB) und der von ihm gleichzeitig verwirklichte Besitz von Btm in nicht geringer Menge im Verhältnis der prozessualen Tatidentität. Denn die Fahrt diene ... gerade dem Transport der Btm, so dass das Mitführen der Btm nicht nur in einem engen zeitlichen und örtlichen Zusammenhang, sondern – darüber hinaus – in einem inneren Beziehungs- oder Bedingungs-zusammenhang mit dem Fahrvorgang stand (vgl. dazu BGH a.a.O.; Beschl. v. 27.04.2004 – 1 StR 466/03, BGHR StPO § 264 Abs. 1 Tatidentität 41 [= StV 2005, 256]).

Da der Besitz der für den Weiterverkauf bestimmten hälftigen Menge der Btm in nicht geringer Menge wiederum einen unselbständigen Teilakt des beabsichtigten Handeltreibens mit dieser hälftigen Menge darstellt (vgl. BGH, Beschl. v. 09.11.2011 [richtigerweise 2010] – 4 StR 521/10, NStZ-RR 2011, 90), kann der Angekl. wegen ... bewaffneten Handeltreibens mit Btm in nicht geringer Menge (§ 30a Abs. 2 Nr. 2 BtMG) insgesamt nicht bestraft werden. Dies gilt mit Blick auf den hierzu in Tateinheit stehenden Besitz der zum Eigenverbrauch bestimmten hälftigen Menge der Btm in nicht geringer Menge (§ 29a Abs. 1 Nr. 2 BtMG) und den hiervon als subsidiär verdrängten Erwerb dieser Menge (§ 29 Abs. 1 S. 1 Nr. 1 Alt. 9 BtMG) in entsprechender Weise.

Da das Verfahrenshindernis erst nach Erlass des angefochtenen Urteils eingetreten ist, ist das Verfahren gem. § 206a Abs. 1 StPO einzustellen, ohne dass es einer Aufhebung des Urteils bedarf. Denn in diesem Fall handelt es sich nicht um eine Nachprüfung des Urteils, sondern lediglich um die Berücksichtigung eines nach dessen Erlass eingetretenen Ereignisses, das eine neue Verfahrenslage geschaffen hat (vgl. BGH, Beschl. v. 17. Juni [Juli] 1968 – 3 StR 117/68, BGHSt 22, 213, 217; Paeffgen, in: SK-StPO, 4. Aufl., § 206a Rn. 8; Schneider, in: KK-StPO, 6. Aufl., § 206a Rn. 4; Stuckenberg, in: LR-StPO, 26. Aufl., § 206a Rn. 15, 17; ferner: Meyer-Goßner, StPO, 54. Aufl., § 206a Rn. 6).«

[5] Dem schließt sich der Senat an. Der Vorgang belegt erneut, dass die oft geübte Praxis, Verkehrsdelikte auch dann gesonderter Bearbeitung zuzuführen, wenn sie im Zusammenhang mit Delikten der allg. Kriminalität begangen wurden, nicht unproblematisch ist (...)

43 BGHSt 38, 320 m. Anm. Keller JZ 1993, 103; Lübrs MDR 1992, 929; v. Hippel JR 1993, 124, Vogt StV 1993, 175 und Herzog StV 1993, 343. Die Entscheidung ist ein eindrucksvoller Beleg für die empirisch gesicherte Tatsache, dass falsche Sachverständigengutachten einen der Hauptgründe für Justizirrtümer darstellen; vgl. etwa Geipel, Handbuch der Beweiswürdigung, 2008, § 34 Abs. 1.

44 BGH StV 2010, 175 m. Anm. Baur/Fimmers/Schneider sowie Neuhaus StraFo 2010, 344.