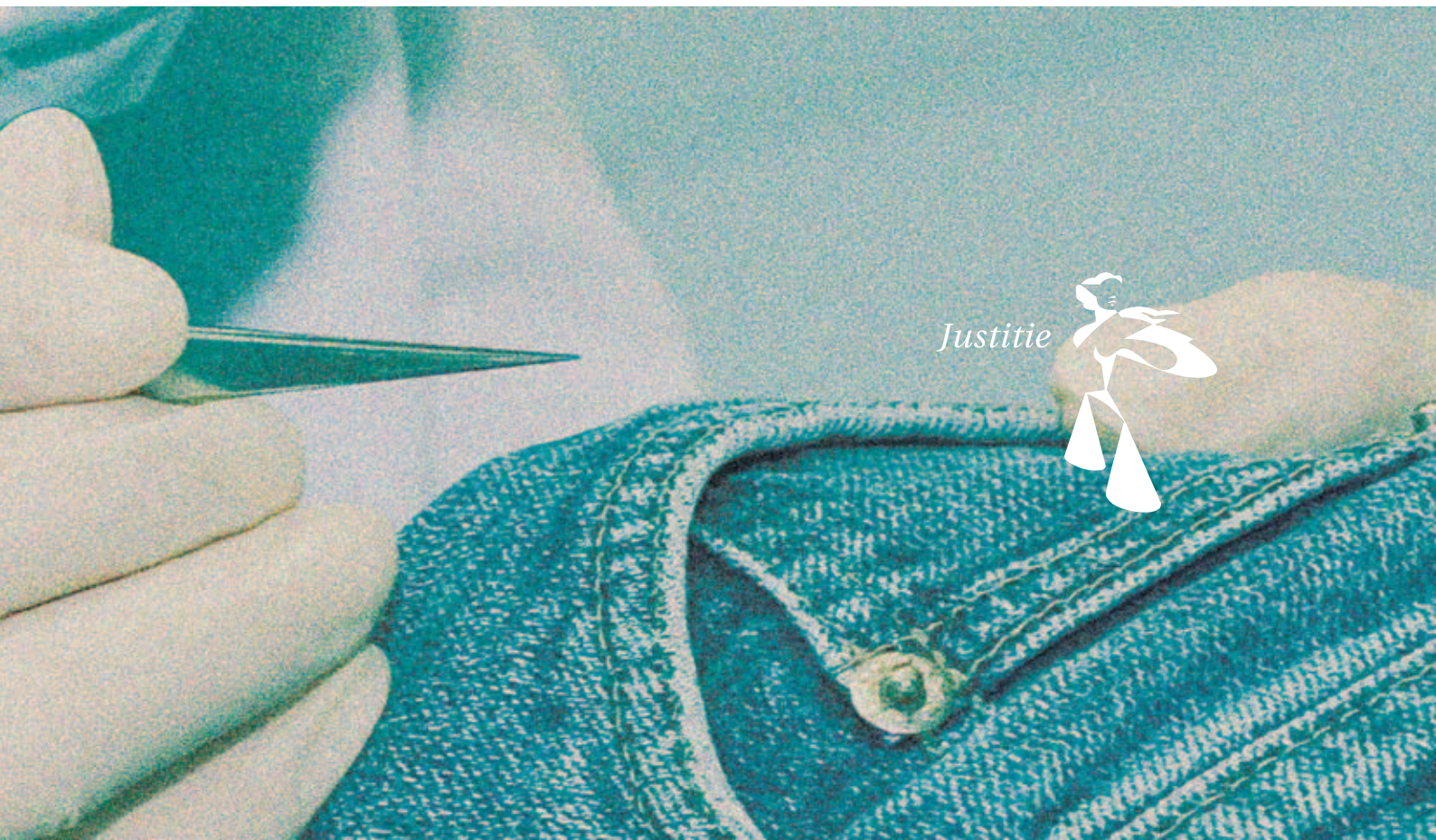


NEDERLANDS FORENSISCH INSTITUUT

De Essenties van forensisch DNA-onderzoek

7 Interpretatie van DNA-bewijs II
onvolledige DNA-profielen
en DNA-mengprofielen



© 2007 Nederlands Forensisch Instituut

Alle rechten voorbehouden. Niets uit deze uitgave mag worden verveelvoudigd, opgeslagen in een geautomatiseerd gegevensbestand, of openbaar gemaakt, in enige vorm of op enige wijze, hetzij elektronisch, mechanisch, door fotokopieën, opnamen, of enige andere manier, zonder voorafgaande schriftelijke toestemming van het Nederlands Forensisch Instituut.

Voor meer informatie

Nederlands Forensisch Instituut (NFI)

Bezoekadres

Laan van Ypenburg 6
2497 GB Den Haag
Telefoon (070) 888 66 66
Fax (070) 888 65 55

Frontdesk

Telefoon (070) 888 68 88

Postadres

Postbus 24044
2490 AA Den Haag

Emailadres

EssentiesDNA@nfi.minjus.nl

Inhoudsopgave

Onvolledige DNA-profielen 4

Formuleren van de conclusie bij onvolledige DNA-profielen 6

DNA-mengprofielen 7

De zeven stappen voor het interpreteren van DNA-mengprofielen 7

Verschillende situaties 10

(I) DNA-mengprofiel van twee personen 10

A-1 Te herleiden: één (cel)donor is bekend 10

DNA-onderzoek van spermasporen (kader) 11

A-2 Te herleiden: een DNA-hoofdprofiel en een DNA-nevenprofiel 13

B Niet te herleiden: geen enkelvoudig DNA-profiel af te leiden 14

(II) DNA-mengprofiel van minimaal twee personen 15

Analyseren van een DNA-mengprofiel van minimaal twee personen 16

Een persoon uitsluiten als celdonor 16

Resultaat ongeschikt voor vergelijkend DNA-onderzoek 16

Zwak aanwezige DNA-kenmerken (kader) 17

Statistische bewijswaarde van niet te herleiden DNA-mengprofielen 17

Inclusiekans 17

Likelihood ratio methode 18

De likelihood ratio: het DNA-bewijs in de context van de zaak (kader) 20

Geen DNA-profiel 23

LCN DNA-analyse 24

Minimale sporen 24

Bijkomende gevolgen LCN DNA-analyse 24

Uitvoering 26

Interpretatie 26

Interpretatie van DNA-bewijs II

onvolledige DNA-profielen en DNA-mengprofielen

Voor het vaststellen van de herkomst van biologisch sporenmateriaal maakt het Nederlands Forensisch Instituut (NFI) gebruik van de DNA-technologie, die er op is gericht DNA-profielen te verkrijgen van celmateriaal. DNA-profielen kunnen een zeer sterke aanwijzing geven over de herkomst van een biologisch spoor. Wanneer er weinig celmateriaal aanwezig is, of het celmateriaal is van slechte kwaliteit, dan resulteert het forensisch DNA-onderzoek vaak in onvolledige DNA-profielen. Een spoor kan ook celmateriaal van meer dan één persoon bevatten. Uit DNA-onderzoek van dergelijke sporen worden over het algemeen DNA-mengprofielen verkregen.

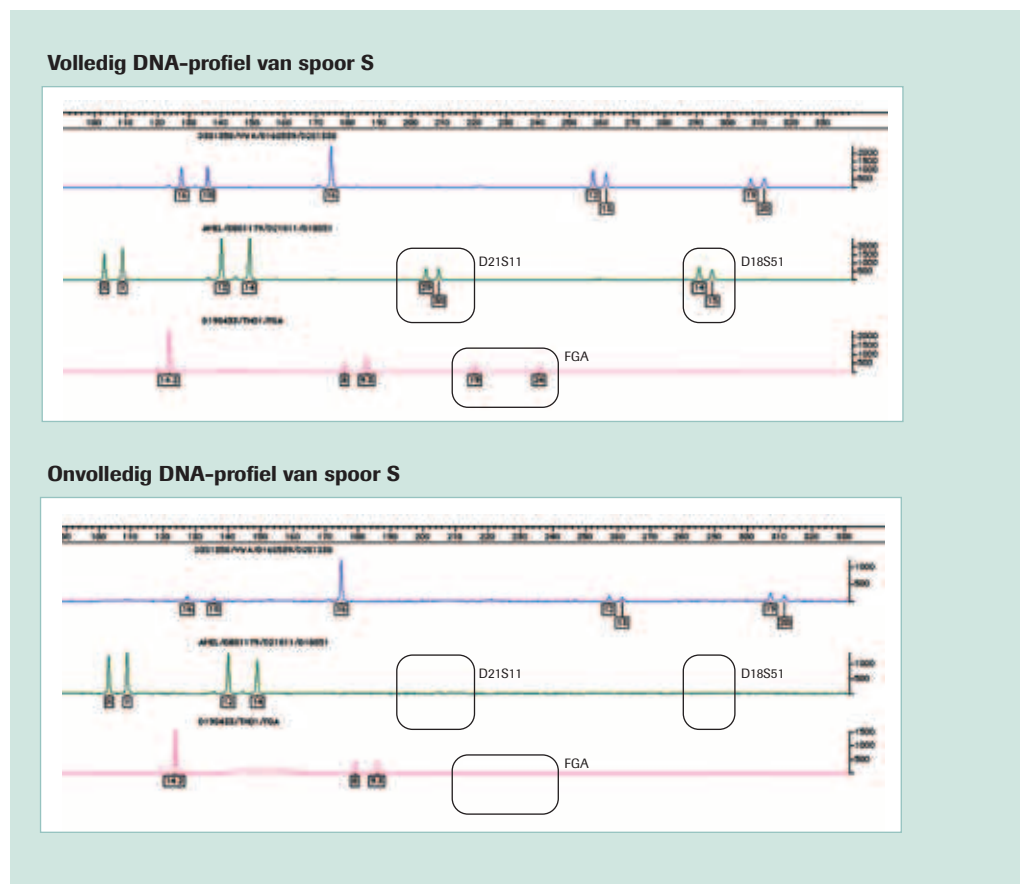
Onvolledige DNA-profielen

DNA-onderzoek van een spoor resulteert niet altijd in een volledig DNA-profiel (zie illustratie 1). Dit is met name het geval bij sporen die heel weinig DNA bevatten, of waarvan het DNA - deels - is afgebroken. Ook verontreinigingen in het spoor, die remmend werken op de technieken die voor het DNA-onderzoek worden gebruikt, kunnen tot gevolg hebben dat onvolledige DNA-profielen worden verkregen. Wanneer niet alle DNA-kenmerken van de onderzochte loci zijn te bepalen, dan levert dit een onvolledig DNA-profiel op (ook wel aangeduid als partieel DNA-profiel). Een onvolledig DNA-profiel is minder zeldzaam dan een volledig DNA-profiel. Zo is een onvolledig DNA-profiel van bijvoorbeeld zes DNA-kenmerken (van drie loci) minder zeldzaam dan een volledig DNA-profiel dat twintig DNA-kenmerken (van tien loci) bevat. Immers, er zullen meer mensen zijn die deze zes DNA-kenmerken hebben, dan die al de twintig DNA-kenmerken hebben.

De bewijswaarde van een onvolledig DNA-profiel is daarom minder groot dan van een volledig DNA-profiel. De berekende frequentie van voorkomen van een onvolledig DNA-profiel is afhankelijk van het aantal DNA-kenmerken (pieken) waaruit het onvolledige DNA-profiel bestaat en van de frequentie van voorkomen van deze DNA-kenmerken.

Over het algemeen geldt dat van een kleine hoeveelheid DNA, of van DNA van slechte kwaliteit niet alle DNA-kenmerken zijn te bepalen. Dit resulteert in een onvolledig DNA-profiel met een hogere frequentie van voorkomen en dus een lagere bewijswaarde dan in het geval van een volledig DNA-profiel.

Ondanks dat niet van alle onderzochte loci de DNA-kenmerken zijn vastgesteld, kan ook met een onvolledig DNA-profiel van een spoor iemand als celdonor worden uitgesloten. Dit gebeurt als diens DNA-kenmerken niet gelijk zijn aan de desbetreffende DNA-kenmerken van de loci die wel vastgesteld konden worden in het onvolledige DNA-profiel.



Illustratie 1: DNA-onderzoek van een biologisch spoor resulteert niet altijd in een volledig DNA-profiel. In het volledige DNA-profiel (boven) zijn beide (verschillende of gelijke) DNA-kenmerken van elk van de tien onderzochte loci zichtbaar. In het onvolledige DNA-profiel (onder) zijn van slechts zeven van de tien onderzochte loci de DNA-kenmerken zichtbaar. Van drie loci, D21S11, D18S51 en FGA, ontbreken de DNA-kenmerken. Doordat niet van alle onderzochte loci de DNA-kenmerken kunnen worden bepaald is de berekende frequentie van voorkomen van het onvolledige DNA-profiel hoger dan die van het volledige DNA-profiel van tien loci. Ofwel, het onvolledige DNA-profiel is minder zeldzaam dan het volledige DNA-profiel.

Formuleren van de conclusie bij onvolledige DNA-profielen

Als de DNA-kenmerken van een onvolledig DNA-profiel gelijk zijn aan de desbetreffende DNA-kenmerken van het DNA-profiel van een persoon, dan vermeldt de gerechtelijke deskundige deze match en de berekende frequentie van het onvolledige DNA-profiel in het deskundigenrapport.

Bijvoorbeeld in het geval dat van het onderzochte bloedspoor een onvolledig DNA-profiel is verkregen (met een berekende frequentie van ongeveer één op 60 duizend), waarvan de DNA-kenmerken gelijk zijn aan de desbetreffende DNA-kenmerken van het DNA-profiel van het slachtoffer S (en niet gelijk zijn aan die van verdachte V):

'Van het DNA in de bemonstering [AHL334]#1 van het bloedspoor, aangetroffen op de broek van de verdachte V, is een onvolledig DNA-profiel verkregen van een man. Dit onvolledige DNA-profiel matcht met het DNA-profiel van het slachtoffer S [RCA912]. Dit betekent dat het bloed in de bemonstering [AHL334]#1 van het bloedspoor, aangetroffen op de broek van de verdachte V, afkomstig kan zijn van het slachtoffer S. De berekende frequentie van het onvolledige DNA-profiel van het bloed in de bemonstering [AHL334]#1 van het bloedspoor is ongeveer één op 60 duizend. Ofwel, de kans dat het DNA-profiel van een willekeurig gekozen man matcht met dit onvolledige DNA-profiel is ongeveer één op 60 duizend.'

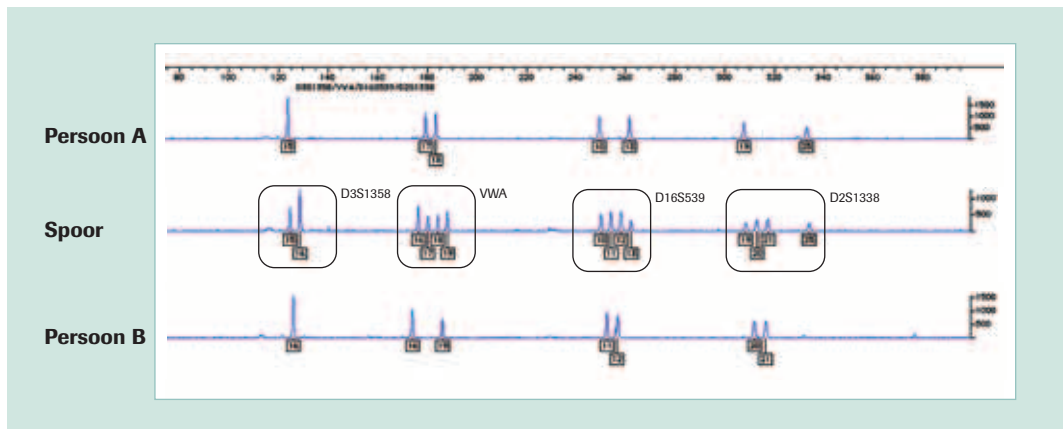
[AHL334]#1 en [RCA912] zijn de DNA-identiteitszegels die aan respectievelijk de desbetreffende bemonstering en het desbetreffende referentiemonster zijn toegekend.

N B De berekende frequentie is niet van toepassing op aan elkaar verwante personen. Voor bloedverwanten van de met het spoor matchende persoon geldt dat de kans veel groter is dat hun DNA-profiel matcht met dat van het spoor dan het DNA-profiel van een niet-verwante persoon.

DNA-mengprofielen

Een spoor kan ook celmateriaal van meer dan één persoon bevatten. Bijvoorbeeld een bemonstering van een door meerdere personen gedragen bivakmuts, of een bemonstering van de schede van een slachtoffer van een zedendelict, waarin sperma van de dader is vermengd met vaginale (huid)cellen van het slachtoffer. DNA-onderzoek aan dergelijke sporen zal resulteren in een DNA-profiel met DNA-kenmerken van verschillende personen, een DNA-mengprofiel genoemd (zie illustratie 2). Het interpreteren van DNA-mengprofielen en het vaststellen van de bewijswaarde hiervan is het werk van speciaal hiervoor opgeleide deskundigen.

Uit een DNA-mengprofiel is niet vast te stellen hoe en in welke volgorde (in tijd) het celmateriaal van de verschillende personen op (het betreffende monster van) het stuk van overtuiging is terechtgekomen.



Illustratie 2: In de middelste rij zijn de DNA-kenmerken zichtbaar van vier loci van een DNA-mengprofiel, verkregen uit een spoor. De weergegeven pieken staan voor de DNA-kenmerken van (van links naar rechts) de loci D3S1358, VWA, D16S539 en D2S1338. De hoogte van een piek is een indicatie voor de relatieve hoeveelheid aanwezig celmateriaal met het desbetreffende DNA-kenmerk. In de bovenste rij zijn de DNA-kenmerken van deze loci van persoon A weergegeven; in de onderste rij van persoon B. De DNA-kenmerken in de DNA-profielen van persoon A en persoon B matchen met het DNA-mengprofiel van het spoor. Dit betekent dat het celmateriaal van het spoor bestaat uit celmateriaal dat afkomstig kan zijn van persoon A, vermengd met celmateriaal dat afkomstig kan zijn van persoon B.

De zeven stappen voor het interpreteren van DNA-mengprofielen

Het interpreteren van DNA-mengprofielen verloopt volgens een leidraad van zeven interpretatiestappen* (zie schema op pagina 9). Als uit het celmateriaal in de bemonstering van een biologisch spoor een DNA-profiel is verkregen, dan worden eerst alle DNA-kenmerken in het DNA-profiel benoemd (**Stap 1**). Op basis hiervan is vast te stellen of het een enkelvoudig DNA-profiel (afkomstig van één persoon) of een DNA-mengprofiel (afkomstig van twee of meer personen) betreft (**Stap 2**). Dit laatste is het geval als er in het DNA-profiel loci zijn die meer dan twee DNA-kenmerken hebben. Immers, een persoon heeft per locus maximaal twee verschillende DNA-kenmerken.

Vervolgens stelt men vast hoeveel personen (celdonoren) aan het desbetreffende spoor kunnen hebben bijgedragen en hoe hun bijgedragen hoeveelheden celmateriaal zich tot elkaar verhouden (**Stap 3 en 4**). De aannname over het aantal personen is gebaseerd op het aantal pieken (DNA-kenmerken) dat per locus is waargenomen. Op basis van de hoogte van de pieken kan de relatieve hoeveelheid celmateriaal dat iemand heeft bijgedragen aan het (monster van) het spoor worden geschat. Hierbij geldt hoe hoger de piek, hoe meer celmateriaal aanwezig is met het desbetreffende DNA-kenmerk.

Bij het analyseren van DNA-mengprofielen onderscheidt men twee opties. De eerste optie is dat op grond van het verkregen DNA-mengprofiel het aannemelijk is dat het DNA-mengprofiel toebehoort aan celmateriaal van twee personen. De tweede optie is dat het DNA-mengprofiel de DNA-kenmerken bevat van meer dan twee personen of dat de deskundige er niet zeker van is dat het DNA-mengprofiel de DNA-kenmerken van precies twee personen bevat. Dit geeft de deskundige in zijn rapportage weer als een DNA-mengprofiel dat toebehoort aan celmateriaal van minimaal twee personen.

Tijdens de analyse van het DNA-mengprofiel beschouwt men alle mogelijke combinaties van DNA-kenmerken (**Stap 5**). Hieruit blijkt of er uit het DNA-mengprofiel enkelvoudige - afkomstig van één persoon- DNA-profielen zijn af te leiden. Of uit een DNA-mengprofiel enkelvoudige DNA-profielen zijn af te leiden hangt af van de complexiteit van het DNA-mengprofiel. In de praktijk zijn DNA-mengprofielen lang niet altijd volledig te herleiden. Bij de analyse van DNA-mengprofielen kunnen zich verschillende situaties voordoen. In grote lijnen zijn deze in deze brontekst beschreven.

Pas nadat het DNA-mengprofiel is geanalyseerd, en indien mogelijk (deels) is herleid tot enkelvoudige DNA-profielen, vindt het vergelijken plaats met DNA-profielen verkregen uit referentiemateriaal van verdachten, slachtoffers of andere betrokkenen (**Stap 6**). Op deze manier voorkomt men dat kennis van de DNA-profielen van deze personen het interpreteren van het DNA-mengprofiel beïnvloedt. In **Stap 7** wordt de statistische bewijswaarde van het resultaat van de interpretatie van het DNA-mengprofiel vastgesteld.

* Deze leidraad van zeven stappen is gebaseerd op 'The steps in the interpretation of mixtures' van Gill et al. (1998) en Clayton et al. (1998).

De zeven stappen voor het interpreteren van DNA-mengprofielen

Stap 1 **Benoemen van alle DNA-kenmerken in het DNA-profiel**, dat is verkregen uit het celmateriaal van het spoor.

Stap 2 Het verkregen DNA-profiel is een **DNA-mengprofiel**: er zijn loci in het DNA-profiel met meer dan twee DNA-kenmerken.

Stap 3 Op grond van het DNA-mengprofiel een aanname doen over **het aantal personen** (celdonoren) dat aan het desbetreffende spoor heeft bijgedragen: **(I)** het betreft een DNA-mengprofiel van celmateriaal van **twee personen**, of **(II)** het betreft een DNA-mengprofiel van celmateriaal van **minimaal twee personen**.

Stap 4 Vaststellen hoe de hoeveelheden celmateriaal van de verschillende **celdonoren van het spoor zich tot elkaar verhouden**.

Stap 5 Beschouwen van alle mogelijke combinaties van DNA-kenmerken en vaststellen of er uit het DNA-mengprofiel enkelvoudige (afkomstig van één persoon) DNA-profielen zijn af te leiden. Zowel in het geval dat het een DNA-mengprofiel van twee personen betreft, als in het geval dat het een DNA-mengprofiel van *minimaal* twee personen betreft, concluderen **welke situatie van toepassing** is:
A Uit het DNA-mengprofiel is **een enkelvoudig DNA-profiel af te leiden**.
B Uit het DNA-mengprofiel is **geen enkelvoudig DNA-profiel af te leiden**.

Stap 6 **Vergelijken van het DNA-mengprofiel** (en de hieruit afgeleide enkelvoudige DNA-profielen) **met de DNA-profielen van het referentiemateriaal** van de verdachten, slachtoffers en/of andere betrokkenen.

Stap 7 **Vaststellen van de statistische bewijswaarde** van het resultaat van de interpretatie van het DNA-mengprofiel.

Verschillende situaties

Zowel in het geval dat het een DNA-mengprofiel van twee personen betreft (I), als in het geval dat het een DNA-mengprofiel van minimaal twee personen betreft (II), is bij het analyseren van een DNA-mengprofiel één van de volgende situaties van toepassing:

A Uit het DNA-mengprofiel is een enkelvoudig DNA-profiel af te leiden.

Dit kan in de volgende twee gevallen:

A-1 Het DNA-mengprofiel is (deels) te herleiden doordat één celdonor van het spoor bekend is.

A-2 Het DNA-mengprofiel is (deels) te herleiden doordat een DNA-hoofdprofiel is af te leiden.

B Uit het DNA-mengprofiel is geen enkelvoudig DNA-profiel af te leiden.

Hieronder zijn deze situaties uiteengezet voor een DNA-mengprofiel van twee personen.

(I) DNA-mengprofiel van twee personen

Om een wetenschappelijk verantwoorde aanname te kunnen doen dat het DNA-mengprofiel toebehoort aan celmateriaal van twee personen moet aan een aantal criteria zijn voldaan.

Op geen enkel locus zijn meer dan vier DNA-kenmerken aanwezig. Met andere woorden, het DNA-mengprofiel heeft per locus één, twee, drie of maximaal vier pieken. Dit betekent feitelijk dat er geen aanwijzingen zijn dat meer dan twee personen hebben bijgedragen aan dit DNA-mengprofiel. Immers, iedere persoon heeft per locus twee gelijke of twee verschillende DNA-kenmerken. Een mengsel van celmateriaal van twee personen resulteert daardoor altijd in een DNA-mengprofiel dat per locus minimaal één DNA-kenmerk heeft (in het geval beide personen twee keer hetzelfde DNA-kenmerk hebben, en dit voor beide personen gelijk is) en maximaal vier DNA-kenmerken heeft (in het geval beide personen elk twee verschillende DNA-kenmerken hebben, die ook nog eens verschillen tussen beide personen).

Daarnaast geldt dat de verhoudingen van de hoogten van de pieken van de DNA-kenmerken van alle onderzochte loci consistent moeten zijn met een (theoretisch) te verwachten piekenpatroon voor een DNA-mengprofiel van twee personen. Zo ligt het niet in de lijn der verwachtingen dat er op een locus drie lage en één hoge piek zichtbaar zijn. Immers, de twee DNA-kenmerken die een persoon bijdraagt resulteren in pieken die ongeveer even hoog zijn.

A-1 Te herleiden: één (cel)donor is bekend

In sommige gevallen is het zeer aannemelijk dat het celmateriaal van een bepaalde persoon in het spoor aanwezig is. Dit geldt met name voor bemonsteringen van een lichaam. Bij deze (inwendige) bemonsteringen kan men een verantwoorde aanname doen dat celmateriaal van de desbetreffende persoon in deze bemonstering aanwezig is. Zo zal bijvoorbeeld een sperma bevattende bemonstering uit de schede van een slachtoffer van een zedenmisdrijf (vaginaal) celmateriaal bevatten van het slachtoffer zelf. Het is dan ook te verwachten dat het uit de bemonstering verkregen DNA-mengprofiel de DNA-kenmerken van het slachtoffer bevat. Deze DNA-kenmerken zijn meestal bekend, omdat van het slachtoffer in de regel een referentiemonster (wangslimvlies) beschikbaar is. Dergelijke DNA-mengprofielen zijn vervolgens te herleiden tot het DNA-profiel van het slachtoffer (afkomstig van vaginaal celmateriaal) en het DNA-profiel van de onbekende man (afkomstig van spermacellen). Als er een verdachte is kan vervolgens zijn DNA-profiel worden vergeleken met dat van de onbekende man.

In welke mate de DNA-kenmerken van de bekende celdonor (bijvoorbeeld het slachtoffer) in het DNA-mengprofiel aanwezig zijn hangt af van de hoeveelheid celmateriaal dat deze persoon heeft bijgedragen in de desbetreffende bemonstering. Bij een overmaat aan celmateriaal van de bekende celdonor zullen (de pieken van) diens DNA-kenmerken sterk overheersen in het DNA-mengprofiel (zie kader 'DNA-onderzoek van spermasporen'). De bewijswaarde van het DNA-mengprofiel kan worden weergegeven met de frequentie van voorkomen van het afgeleide DNA-profiel van de onbekende celdonor. Indien relevant in de zaak kan ook de frequentie van voorkomen van het afgeleide DNA-profiel van de bekende celdonor worden berekend.

Als het afgeleide DNA-profiel van de onbekende celdonor niet matcht met een verdachte dan wordt dit DNA-profiel opgenomen in de Nederlandse DNA-databank voor strafzaken. Hiervoor dient het wel te voldoen aan de hiervoor geldende criteria.

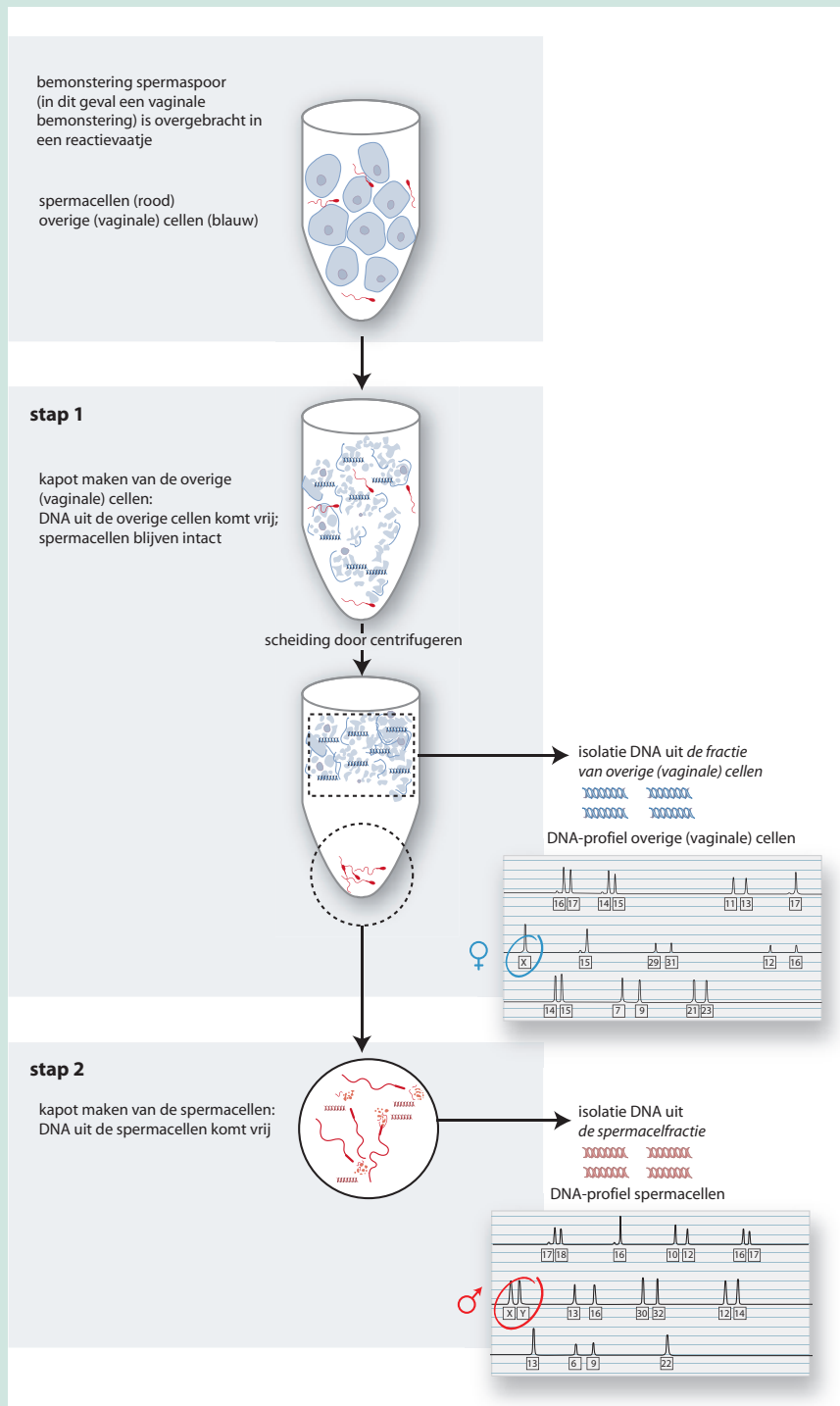
DNA-onderzoek van spermasporen

Een belangrijk aandachtspunt bij DNA-onderzoek van (vermeende) spermasporen is dat deze naast de mogelijk aanwezige spermacellen vaak ook andere type(n) cellen bevatten. Dit geldt met name voor inwendige bemonsteringen (uitstrijkjes) van lichamen van slachtoffers. Zo kunnen bijvoorbeeld in vaginale uitstrijkjes de aanwezige spermacellen sterk in aantal worden overtroffen door de grote hoeveelheden vaginale (epitheel)cellen van het slachtoffer zelf. Dit heeft dan tot gevolg dat deze bemonsteringen voornamelijk DNA bevatten dat afkomstig is van cellen van het slachtoffer. Hierdoor bestaat de kans dat in de DNA-profielen van dergelijke bemonsteringen alleen de DNA-kenmerken van de cellen van het slachtoffer zichtbaar zijn en niet die van het DNA van de spermacellen. Om toch de DNA-kenmerken van het DNA uit de spermacellen zichtbaar te kunnen maken maakt men voor het isoleren van het DNA uit bemonsteringen van (vermeende) spermasporen vaak gebruik van de zogenoemde 'differentiële lysistechniek' (zie illustratie 3). Deze techniek scheidt het DNA van spermacellen van het DNA van overige typen cellen, zoals epitheelcellen van de vagina, de penis of de anus.

De differentiële lysistechniek bestaat uit twee opeenvolgende stappen. Eerst worden de cellen in de bemonstering zodanig behandeld dat alleen de spermacellen intact blijven. Alle andere cellen gaan tijdens deze behandeling kapot ('lysis van cellen'), waardoor het DNA uit deze cellen treedt. Door centrifugeren worden de intact gebleven spermacellen gescheiden van de afgebroken overige cellen en hun vrijgekomen DNA. Het vrijgekomen DNA van de overige cellen wordt vervolgens geïsoleerd. De tweede stap in de differentiële lysistechniek heeft tot doel de spermacellen kapot te maken, waarna het vrijgekomen DNA van de spermacellen wordt geïsoleerd.

De differentiële lysistechniek resulteert dus in twee fracties: een fractie met het DNA van de spermacellen (*de spermacellfractie*) en een fractie met het DNA van de overige cellen (*de fractie van overige cellen*). Van beide DNA-fracties wordt afzonderlijk getracht een DNA-profiel te bepalen. In de praktijk blijkt dat er lang niet altijd een volledige scheiding plaatsvindt van DNA van spermacellen en DNA van overige cellen. Hierdoor is het mogelijk dat in de spermacellfractie zich ook DNA van overige cellen bevindt en dat in de fractie van overige cellen zich ook DNA van de spermacellen bevindt. Dergelijke onvolledige scheidingen kunnen leiden tot DNA-mengprofielen. Uit deze DNA-mengprofielen kunnen meestal de DNA-kenmerken van de donor van het sperma worden afgeleid. Hiervoor is het wel noodzakelijk dat het DNA-profiel van het slachtoffer bekend is (uit het referentiemonster wangslimvlies of bloed). Aan de hand hiervan zijn de DNA-kenmerken van de donor van het sperma te bepalen.

Differentiële lysistechniek



Illustratie 3 Schematische weergave van de differentieële lysistechniek.

In de eerste stap van de differentieële lysistechniek worden de cellen in de bemonstering van het spermaspoor (bijvoorbeeld een uitstrijkje van het vrouwelijk slachtoffer) behandeld met een speciale oplossing die alle cellen kapot maakt met uitzondering van de spermacellen. De intacte spermacellen worden vervolgens gescheiden van de rest van de oplossing (met daarin het DNA van de overige cellen). In de tweede stap worden de spermacellen kapot gemaakt om vervolgens het DNA van de spermacellen te isoleren. Illustratie R.S. Enterprises

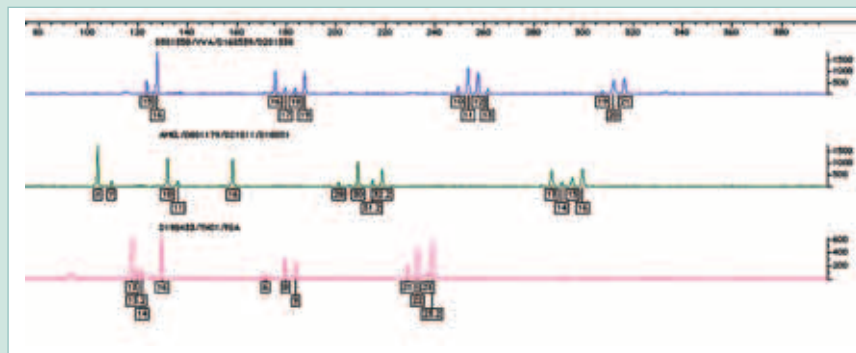
In situaties waarin slechts enkele spermacellen in de bemonstering aanwezig zijn en zeker wanneer spermacellen geheel afwezig zijn (zoals het geval bij steriele mannen of gesteriliseerde mannen) zal de differentiële lysistechniek over het algemeen geen bruikbare resultaten opleveren. In sommige gevallen is de zogenoemde Laser Micro Dissectie (LMD) een optie. Deze zeer geavanceerde techniek maakt het mogelijk heel specifiek de enkele spermacellen en/of andere mannelijke cellen uit de bemonstering te halen. Hiertoe worden eerst de aanwezige spermacellen of andere mannelijke cellen gemarkeerd door ze te labelen met een fluorescerende kleur, waardoor ze onder de microscoop zijn te herkennen en te selecteren. Met een microscopisch kleine laserstraal worden de geselecteerde mannelijke cellen door hoge druk uit de bemonstering gekatapulteerd (‘eruit geschoten’ zonder ze te beschadigen) en opgevangen in een reactievaatje. Uit deze cellen kan vervolgens het DNA worden geïsoleerd om een DNA-profiel te verkrijgen.

A-2 Te herleiden: een DNA-hoofdprofiel en een DNA-nevenprofiel

Ook wanneer geen van de celdonoren van een spoor bekend is, is het soms mogelijk om uit het verkregen DNA-mengprofiel van twee personen enkelvoudige DNA-profielen af te leiden. Is er een prominent aanwezig DNA-profiel (van hoge pieken) te onderscheiden in het DNA-mengprofiel, dan kan dit uit het DNA-mengprofiel worden afgeleid. Dit noemt men het DNA-hoofdprofiel. Deze situatie doet zich voor als er van één van de celdonoren relatief (veel) meer celmateriaal in de bemonstering aanwezig is dan van de andere celdonor. Van dit DNA-hoofdprofiel is, net zoals bij andere enkelvoudige DNA-profielen, vrij eenvoudig de frequentie van voorkomen te berekenen. Naast het DNA-hoofdprofiel van celdonor 1 is een DNA-nevenprofiel (van lagere pieken) van celdonor 2 af te leiden (zie illustratie 4). Bij het vaststellen van het DNA-nevenprofiel moet men er rekening mee houden dat een aantal DNA-kenmerken van het DNA-nevenprofiel 'verscholen' kunnen zijn in de hoge pieken van het DNA-hoofdprofiel. Immers, hebben het DNA-hoofdprofiel en het DNA-nevenprofiel op een bepaald locus hetzelfde DNA-kenmerk, dan zal de lage piek van het DNA-nevenprofiel verscholen gaan in de hoge piek van het DNA-hoofdprofiel. Hierdoor kan niet altijd een volledig DNA-nevenprofiel uit het DNA-mengprofiel worden afgeleid. Het DNA-nevenprofiel bestaat dan uit een combinatie van afgeleide DNA-kenmerken.

De bewijswaarde van het DNA-mengprofiel volgt uit zowel de berekende frequentie van het DNA-hoofdprofiel als de berekende frequentie van het DNA-nevenprofiel.

Het DNA-hoofdprofiel en het DNA-nevenprofiel kunnen worden opgenomen in de Nederlandse DNA-databank voor strafzaken, indien ze voldoen aan de hiervoor geldende criteria.



Illustratie 4: Een DNA-mengprofiel waaruit een DNA-hoofdprofiel en een DNA-nevenprofiel zijn af te leiden.

Stel, er is uit een bemonstering van een bivakmuts een DNA-mengprofiel verkregen van twee personen. Uit dit DNA-mengprofiel is een volledig DNA-hoofdprofiel (met een frequentie van voorkomen van kleiner dan één op één miljard) en een DNA-nevenprofiel (met een frequentie van voorkomen van ongeveer één op honderd miljoen) af te leiden. Het DNA-hoofdprofiel matcht met het DNA-profiel van verdachte man V en het DNA-nevenprofiel matcht met het DNA-profiel van verdachte man W. Dan rapporteert de deskundige dit als volgt:

'Van het DNA in de bemonstering [BOA325]#1 van de bivakmuts is een DNA-mengprofiel verkregen dat DNA-kenmerken bevat van twee personen. Uit het DNA-mengprofiel zijn een DNA-hoofdprofiel van een prominent aanwezige celdonor en een DNA-nevenprofiel van de andere celdonor afgeleid.

Het DNA-hoofdprofiel matcht met het DNA-profiel van de verdachte V [RAC098]. Het DNA-nevenprofiel matcht met het DNA-profiel van de verdachte W [RRB132]. Dit betekent dat het celmateriaal in de bemonstering [BOA325]#1 van de bivakmuts bestaat uit een relatief grote hoeveelheid celmateriaal dat afkomstig kan zijn van de verdachte V, vermengd met een relatief kleine hoeveelheid celmateriaal dat afkomstig kan zijn van de verdachte W. De berekende frequentie van het DNA-hoofdprofiel van de prominent aanwezige celdonor is kleiner dan één op één miljard. Ofwel, de kans dat het DNA-profiel van een willekeurig gekozen man matcht met het afgeleide DNA-hoofdprofiel is kleiner dan één op één miljard. De berekende frequentie van het DNA-nevenprofiel van de andere celdonor is ongeveer één op honderd miljoen. Ofwel, de kans dat het DNA-profiel van een willekeurig gekozen man matcht met het afgeleide DNA-nevenprofiel is ongeveer één op honderd miljoen.'

[BOA325]#1, [RAC098] en [RRB132] zijn de DNA-identiteitszegels die aan respectievelijk de desbetreffende bemonstering en de desbetreffende referentiemonsters zijn toegekend.

B Niet te herleiden: geen enkelvoudig DNA-profiel af te leiden

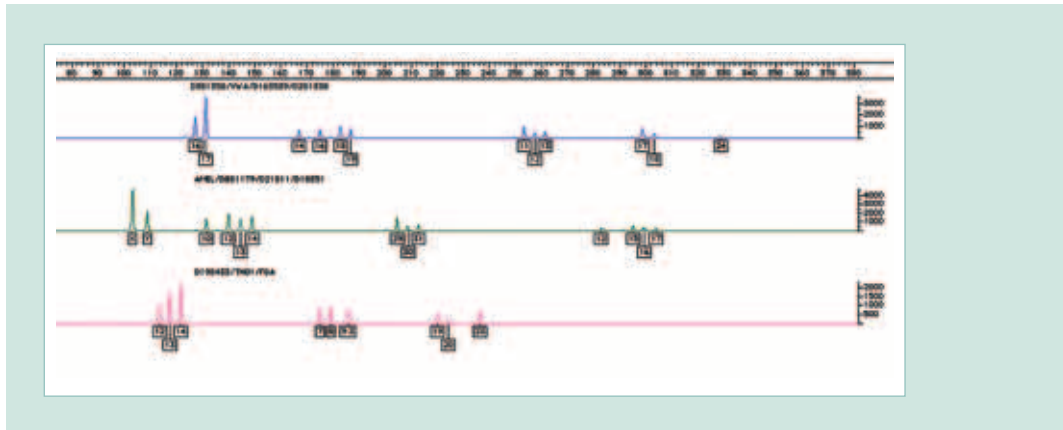
Ook kan het voorkomen dat het uit het spoor verkregen DNA-mengprofiel van twee personen niet is te herleiden tot afzonderlijke, enkelvoudige, DNA-profielen (zie illustratie 5).

Desalniettemin kan het DNA-mengprofiel bruikbaar zijn voor vergelijkend DNA-onderzoek.

Bijvoorbeeld om na te gaan of het DNA-profiel van de verdachte matcht met het DNA-mengprofiel van het spoor. Is dit het geval, dan betekent dit dat de verdachte één van de celdonoren van het spoor kan zijn. De statistische onderbouwing is dan gebaseerd op het gehele DNA-mengprofiel. Er zijn twee veel gebruikte methoden om in deze gevallen de bewijswaarde weer te geven: de 'inclusiekans' en de 'likelihood ratio methode'.

Deze methoden zijn beschreven op de pagina's 17 tot en met 23.

Indien het DNA-mengprofiel voldoet aan de hiervoor geldende criteria kan het worden opgenomen in de Nederlandse DNA-databank voor strafzaken.

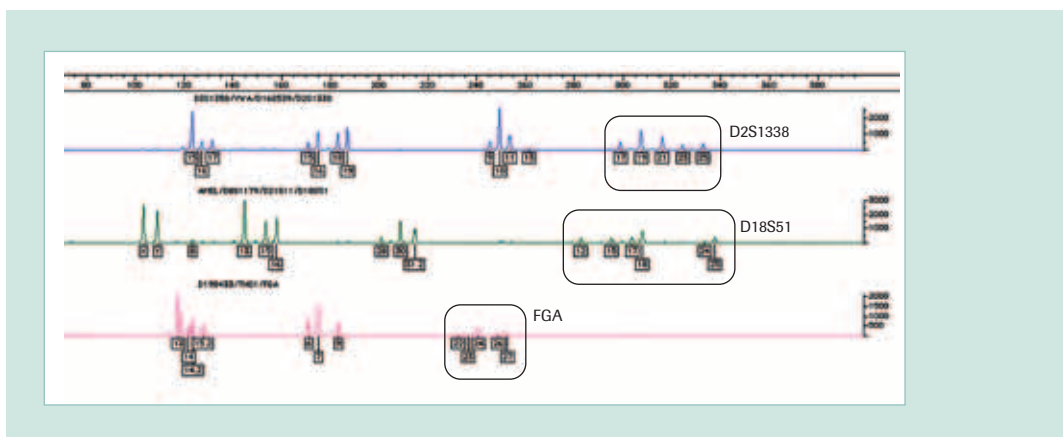


Illustratie 5: Een voorbeeld van een DNA-mengprofiel van twee personen. Indien niet kan of mag worden aangenomen dat het -bekend zijnde- DNA-profiel van een verdachte of een slachtoffer in de zaak deel uitmaakt van het DNA-mengprofiel (zoals bij de bemonstering van het lichaam van een persoon), dan is dit DNA-mengprofiel niet te herleiden tot twee afzonderlijke, enkelvoudige, DNA-profielen.

(II) DNA-mengprofiel van minimaal twee personen

In veel gevallen is uit het DNA-mengprofiel niet vast te stellen hoeveel personen celmateriaal hebben bijgedragen aan het desbetreffende spoor. In de praktijk betekent dit dat niet kan worden uitgesloten dat er meer dan twee personen celmateriaal hebben bijgedragen. Soms is dat duidelijk zichtbaar doordat er op één of meerdere onderzochte loci meer dan vier pieken (DNA-kenmerken) zijn vastgesteld (zie illustratie 6). Omdat één persoon maximaal twee verschillende DNA-kenmerken per locus heeft, moeten dan meer dan twee personen celmateriaal hebben bijgedragen. Hoeveel personen celmateriaal hebben bijgedragen is in het algemeen niet vast te stellen. Daarvoor zijn er vaak te veel onzekerheden en alternatieve mogelijkheden.

Soms is het mogelijk om uit DNA-mengprofielen van minimaal twee personen afzonderlijke, enkelvoudige, DNA-profielen af te leiden.



Illustratie 6: Omdat op de loci D2S1338, D18S51 en FGA van het DNA-mengprofiel meer dan vier pieken zichtbaar zijn (omcirkeld) moet het betreffende spoor celmateriaal bevatten van meer dan twee personen.

Analyseren van een DNA-mengprofiel van minimaal twee personen

DNA-mengprofiel (deels) te herleiden

De analyse van DNA-mengprofielen van minimaal twee personen gebeurt analoog aan die van DNA-mengprofielen van twee personen. Ook hier wordt eerst vastgesteld of uit het DNA-mengprofiel een enkelvoudig DNA-profiel is af te leiden (zie situatie A). Dit kan in het geval dat het aannemelijk is dat het celmateriaal van een bepaalde persoon in het spoor aanwezig is (zie situatie A-1), of in het geval dat er een prominent aanwezig DNA-profiel (van hoge pieken) is te onderscheiden in het DNA-mengprofiel (zie situatie A-2). Nadat het enkelvoudige DNA-profiel is afgeleid bekijkt men of het mogelijk is om het resterende DNA-mengprofiel nader te herleiden. In de meeste gevallen is het niet mogelijk om op basis van de resterende DNA-kenmerken nog een tweede enkelvoudig DNA-profiel af te leiden. Wel kan worden bekeken of het DNA-profiel van een bepaalde persoon (bijvoorbeeld een verdachte) matcht met het resterend DNA-mengprofiel.

DNA-mengprofiel niet te herleiden

In veel gevallen kan uit een DNA-mengprofiel van minimaal twee personen geen afzonderlijk, enkelvoudig, DNA-profiel worden afgeleid (zie situatie B). Ook dan kan dit DNA-mengprofiel geschikt zijn voor vergelijkend DNA-onderzoek. Bijvoorbeeld om te bekijken of het DNA-profiel van een bepaalde persoon matcht met het DNA-mengprofiel. Is dit het geval, dan betekent dit dat de verdachte één van de celdonoren van het desbetreffende spoor kan zijn.

Een persoon uitsluiten als celdonor

Komen niet alle voor de vergelijking relevante DNA-kenmerken in het DNA-profiel van de verdachte voor in het DNA-mengprofiel, dan kan men de verdachte uitsluiten als een van de celdonoren van het spoor. Voor de bewijswaarde van deze uitspraak is geen kansberekening nodig. Wel geldt als voorwaarde dat men zeker moet zijn dat van (de bemonstering van) het spoor alle DNA-kenmerken (pieken) van de voor de vergelijking relevante loci zichtbaar zijn. Is dit niet het geval dan kan men de verdachte op basis van dit DNA-mengprofiel niet uitsluiten.

Resultaat ongeschikt voor vergelijkend DNA-onderzoek

Het is lang niet altijd mogelijk om op basis van DNA-mengprofielen conclusies te trekken. Dit geldt met name voor DNA-mengprofielen waarvan de aanwezigheid van (een aantal) DNA-kenmerken ook na herhaald onderzoek niet kan worden bevestigd.

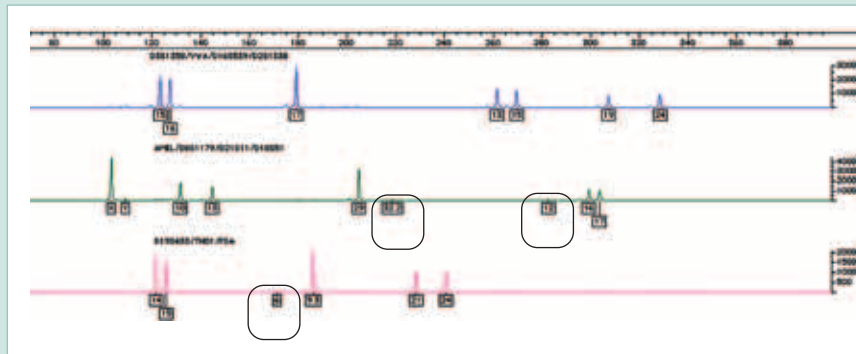
In het algemeen geldt dat complexe DNA-mengprofielen, waarvan niet is te zeggen of per locus alle DNA-kenmerken van al de celdonoren zichtbaar zijn en bovendien niet duidelijk is of de waargenomen pieken wel allemaal DNA-kenmerken zijn, zich niet lenen voor een betrouwbare interpretatie. De deskundige beoordeelt of een vergelijkend DNA-onderzoek met een dergelijk onvolledig en (deels) onvoldoende reproduceerbaar DNA-mengprofiel mogelijk is en of er hieruit conclusies zijn te trekken. In sommige gevallen kan verder aanvullend DNA-onderzoek een optie zijn.

Zwak aanwezige DNA-kenmerken

Enkelvoudige DNA-profielen en DNA-mengprofielen kunnen ook nog (enkele) zwak aanwezige DNA-kenmerken bevatten (zie illustratie 7). Deze DNA-kenmerken zijn zichtbaar als (hele) lage pieken, meestal veel lager dan de andere pieken van het DNA-(meng)profiel. Deze DNA-kenmerken kunnen toebehoren aan celd materiaal dat in zeer geringe hoeveelheid in (het monster van) het spoor aanwezig is. Het is niet vast te stellen of deze zwak aanwezige DNA-kenmerken samen deel uit maken van één (zwak aanwezig) enkelvoudig DNA-profiel en dus afkomstig zijn van één enkele persoon.

Soms is het noodzakelijk de aan- of afwezigheid van de zwak aanwezige DNA-kenmerken te bevestigen met aanvullend DNA-onderzoek.

Lage pieken in het DNA-profiel kunnen ook het gevolg zijn van technische artefacten tijdens het DNA-onderzoek. Het is niet altijd mogelijk om van dergelijke lage pieken vast te stellen of ze het gevolg zijn van technische artefacten of dat ze toebehoren aan zwak aanwezige DNA-kenmerken.



Illustratie 7: Een DNA-mengprofiel met zwak aanwezige DNA-kenmerken (omcirkeld).

Statistische bewijswaarde van niet te herleiden DNA-mengprofielen

Als uit een (resterend) DNA-mengprofiel geen afzonderlijk, enkelvoudig, DNA-profiel is af te leiden (zie situatie B), kan worden gekeken of het DNA-profiel van een bepaalde persoon, bijvoorbeeld de verdachte, matcht met het DNA-mengprofiel. Is dit het geval, dan betekent dit dat de verdachte één van de celdonoren van het spoor kan zijn. Om dit statistisch te onderbouwen zijn er twee veelgebruikte methoden: de 'inclusiekans' en de 'likelihood ratio methode'. Voor het toepassen van deze methoden geldt als voorwaarde dat men zeker moet zijn dat van de voor de vergelijking relevante loci van het DNA-mengprofiel alle DNA-kenmerken (pieken) zijn vastgesteld.

Inclusiekans

Bij DNA-mengprofielen die niet zijn te herleiden tot afzonderlijke, enkelvoudige DNA-profielen, kan het van belang zijn te onderzoeken of een bepaalde persoon één van de celdonoren kan zijn van het celdmateriaal waaruit het DNA-mengprofiel is verkregen. Hiertoe worden alle mogelijke DNA-profielen die met dit DNA-mengprofiel matchen in beschouwing genomen. Een persoon die een DNA-profiel heeft dat gelijk is aan één van deze mogelijke DNA-profielen kan één van de potentiële celdonoren zijn.

De inclusiekans geeft de kans dat een willekeurig gekozen persoon één van deze DNA-profielen heeft. Ofwel, de kans dat het DNA-profiel van een willekeurig gekozen persoon matcht met het DNA-mengprofiel. De berekening van de inclusiekans kan alleen als men zeker is dat alle DNA-kenmerken van alle celdonoren van het spoor zijn vastgesteld in het DNA-mengprofiel.

In de Engelse forensische literatuur noemt men deze manier om de bewijswaarde te berekenen de 'Random Man Not Excluded': de kans dat een willekeurig gekozen persoon niet kan worden uitgesloten. Men spreekt hier ook wel over de 'non-exclusiekans', in plaats van de 'inclusiekans'.

Stel, er is uit celmateriaal afkomstig van een sigarettenpeuk een DNA-mengprofiel verkregen van twee personen. Als alle voor vergelijking relevante DNA-kenmerken van het DNA-profiel van de verdachte V ook voorkomen in het DNA-mengprofiel, dan rapporteert de gerechtelijke deskundige dit als volgt (bij een 'frequentie' van het DNA-mengprofiel -gebaseerd op alle mogelijke DNA-profielen die in het DNA-mengprofiel passen- van ongeveer één op tienduizend):

'Van het DNA afkomstig van de sigarettenpeuk [DFA767]#1 is een DNA-mengprofiel verkregen dat DNA-kenmerken bevat van twee personen. Het DNA-profiel van de verdachte V [RAA071] matcht met dit DNA-mengprofiel. Dit betekent dat de sigarettenpeuk [DFA767]#1 celmateriaal kan bevatten van de verdachte V en een onbekende andere persoon.

De kans dat het DNA-profiel van een willekeurig gekozen persoon matcht met dit DNA-mengprofiel is ongeveer één op tienduizend.'

[DFA767]#1 en [RAA071] zijn de DNA-identiteitszegels die aan respectievelijk de desbetreffende bemonstering en het desbetreffende referentiemonster zijn toegekend.

Een belangrijk nadeel van de inclusiekans is dat het in de meeste gevallen een zeer conservatieve, behoudende, manier van berekenen van de bewijswaarde is. Stel dat het DNA-mengprofiel een zeer zeldzaam DNA-kenmerk bevat en dat dit zeer zeldzame DNA-kenmerk ook voorkomt in het DNA-profiel van persoon X. Dan is dit een sterke aanwijzing dat persoon X één van de celdonoren kan zijn. Bij de berekening volgens de inclusiekans bepaalt men de zeldzaamheidswaarde door alle mogelijke DNA-profielen die tot dit DNA-mengprofiel kunnen leiden in de berekening mee te nemen. Hierdoor wordt de sterke bewijswaarde van het zeer zeldzame DNA-kenmerk voor een groot deel teniet gedaan door de vele andere mogelijkheden die in de berekening worden meegenomen. De sterke bewijswaarde van het zeer zeldzame DNA-kenmerk wordt overschaduwd en sneeuwt als het ware onder, waardoor de uiteindelijke bewijswaarde ten onrechte veel zwakker wordt. Mede om deze reden kiest men bij dergelijke DNA-mengprofielen veelal voor de likelihood ratio methode (zie hieronder).

Likelihood ratio methode

Een andere methode om de bewijswaarde van DNA-mengprofielen te berekenen is de likelihood ratio methode. Deze methode berekent de kans op het waarnemen van het verkregen DNA-mengprofiel onder twee verschillende scenario's. Het is van groot belang dat de gestelde scenario's zo goed mogelijk aansluiten bij de relevante vraagstelling. Stel, bij een overval is door de dader een bivakmuts achtergelaten. Uit celmateriaal in de bemonstering van de bivakmuts is een DNA-mengprofiel verkregen dat niet is te herleiden tot afzonderlijke,

enkelvoudige DNA-profielen. Het DNA-profiel van de verdachte V matcht met het DNA-mengprofiel. Om de bewijswaarde van deze match te bepalen kan men de volgende twee scenario's beschouwen:

scenario I: 'de bemonstering van de bivakmuts bevat celmateriaal van de verdachte V'; en
scenario II: 'de bemonstering van de bivakmuts bevat geen celmateriaal van de verdachte V'. Men berekent eerst hoe groot de kans is het verkregen DNA-mengprofiel waar te nemen, in het geval scenario I waar is. Vervolgens berekent men hoe groot de kans is het DNA-mengprofiel waar te nemen als scenario II waar is. De verhouding tussen deze twee kansen krijgt men door ze op elkaar te delen. De uitkomst is de likelihood ratio, in Nederlandse vakterm het aannemelijkheidsquotiënt.

In bovenstaand voorbeeld gaat het om de aanwezigheid van celmateriaal van de verdachte in de bemonstering/het spoor. Ook kan het bij de te beschouwen scenario's gaan om de aanwezigheid (of afwezigheid) van celmateriaal van het slachtoffer S. Bijvoorbeeld:

scenario I: 'de jas van de verdachte bevat celmateriaal van het slachtoffer S'; en
scenario II: 'de jas van de verdachte bevat geen celmateriaal van het slachtoffer S'.

De likelihood ratio kan een waarde aannemen tussen nul en oneindig. Een likelihood ratio van 1 geeft aan dat de kans om het DNA-mengprofiel waar te nemen even groot is onder beide scenario's. Een likelihood ratio groter dan 1 betekent een grotere kans het DNA-mengprofiel waar te nemen als scenario I waar is, dan als scenario II waar is. Een likelihood ratio kleiner dan 1 betekent het omgekeerde.

De likelihood ratio kan worden opgevat als een maat voor het gewicht van het (DNA-)bewijs. Hoe groter de likelihood ratio, hoe sterker het (DNA-)bewijs voor scenario I ten opzichte van scenario II. Een likelihood ratio kleiner dan 1 betekent het omgekeerde: hoe kleiner de likelihood ratio, hoe sterker het (DNA-)bewijs voor scenario II ten opzichte van scenario I. Het is belangrijk te benadrukken dat de waarschijnlijkheden van de scenario's I en II nimmer kunnen worden bepaald enkel en alleen op grond van de grootte van de likelihood ratio. Deze waarschijnlijkheden hangen namelijk ook af van het eventuele overige (niet-DNA) bewijs in de zaak.

Voorbeeld rapportage likelihood ratio

Twee onbekende personen hebben ongeveer evenveel celmateriaal bijgedragen aan een spoor op een bivakmuts. Daardoor zijn geen DNA-hoofdprofiel en DNA-nevenprofiel(en) af te leiden uit het verkregen DNA-mengprofiel. Het DNA-profiel van één verdachte (verdachte V) matcht met het DNA-mengprofiel. Gezien de context van de zaak beschouwt men de volgende twee scenario's:

scenario I: 'het spoor bevat celmateriaal van de verdachte V en celmateriaal van een onbekende persoon' versus

scenario II: 'het spoor bevat celmateriaal van twee willekeurig gekozen personen'.

De kansen op het aantreffen van het DNA-mengprofiel onder deze scenario's worden berekend door alle mogelijke combinaties van DNA-profielen die tot dit DNA-mengprofiel kunnen leiden in beschouwing te nemen en de frequenties hiervan bij elkaar op te tellen.

Voor de berekeningen maakt men gebruik van speciaal hiervoor ontwikkelde en gevalideerde software. De verhouding tussen deze twee kansen is de likelihood ratio. Stel, de berekende likelihood ratio is 100.000.

De rapportage geeft de conclusie dan als volgt weer:

'De kans op het waarnemen van het DNA-mengprofiel van het celmateriaal van de bemonstering van de bivakmuts is ongeveer honderdduizend keer groter als scenario I waar is dan wanneer scenario II waar is.'

De likelihood ratio: het DNA-bewijs in de context van de zaak

Context van de zaak

Met de likelihood ratio methode kan men de bewijswaarde van de resultaten van een forensisch DNA-onderzoek bezien in de context van de overige informatie in de zaak. Daartoe worden verschillende scenario's beschouwd. Meestal twee: scenario I en scenario II. Bij het interpreteren van het DNA-bewijs in de context van de zaak onderscheidt men drie stappen, hier aangeduid met A, B en C.

A Voor de aanvang van elk forensisch (DNA-)onderzoek is er informatie bekend over de waarschijnlijkheid van de scenario's die men beschouwt. Hoe de kansen van scenario I en scenario II zich voor de aanvang van het forensisch (DNA-)onderzoek tot elkaar verhouden noemt men de *a-priori kansverhouding*.

B Vervolgens doet men een uitspraak over de waarschijnlijkheid van de resultaten van het DNA-onderzoek onder de voorwaarde dat scenario I waar is en onder de voorwaarde dat scenario II waar is. De verhouding van deze kansen is de *likelihood ratio* (ofwel het aannemelijkheidsquotiënt).

C De a-priori kansverhouding en de likelihood ratio bepalen hoe de waarschijnlijkheden van de scenario's zich verhouden *na de beschouwing van de resultaten van het forensisch (DNA-) onderzoek*. Dit is de *a-posteriori kansverhouding*.

In formule:

a-priori kansverhouding (A) x likelihood ratio (B) = a-posteriori kansverhouding (C)

Deze manier van interpreteren van (forensisch) bewijs noemt men ook wel de 'Bayesiaanse methode' of 'Bayesiaanse statistiek', vernoemd naar de Engelse dominee Thomas Bayes, die in de 18^e eeuw de uitgangspunten voor zijn kansrekening bedacht.

Onderstaande casus 'Moord op het vissersschip' is een voorbeeld hoe men de likelihood ratio methode in de forensische praktijk toepast.

Moord op het vissersschip

Op een stuurloos langs de kustlijn drijvend vissersschip treft de kustwacht het lijk aan van de kapitein van het schip. De kapitein is door geweld om het leven gekomen. Er zijn geen personen meer aan boord. Uit het ontbreken van de reddingssloep is op te maken dat de bemanningsleden hiermee het vissersschip hebben verlaten.

Politieonderzoek wijst uit dat het schip drie dagen eerder is uitgevaren met aan boord naast de kapitein nog elf bemanningsleden. De kapitein is tijdens de reis vermoord en er zijn geen andere personen aan boord geweest dan de kapitein en zijn elf bemanningsleden. De technische recherche vindt op het lichaam van het slachtoffer een delictgerelateerd biologisch spoor dat zeer waarschijnlijk van de dader is.

Na uitgebreid onderzoek lukt het de politie één van de bemanningsleden op te sporen en aan te houden. Bemanningslid X wordt als verdachte aangemerkt en moet een referentiemonster DNA afstaan zodat zijn DNA-profiel kan worden vergeleken met het DNA-profiel van het delictgerelateerde biologische spoor.

Hoe waarschijnlijk is het nu dat bemanningslid X daadwerkelijk de donor is van het delictgerelateerde spoor? De volgende twee meest logische scenario's worden beschouwd:

scenario I: bemanningslid X is de donor van het delictgerelateerde biologische spoor;
scenario II: een onbekend ander bemanningslid is de donor van het delictgerelateerde biologische spoor, ofwel bemanningslid X is niet de donor.

A-priori kansverhouding

De *a-priori kansverhouding* is de kansverhouding van scenario I ten opzichte van scenario II *voordat het DNA-onderzoek is uitgevoerd*. De enige tactische aanwijzing is dat de elf bemanningsleden op het schip waren tijdens de moord. Ze zijn dus allen even verdacht. Omdat het delictgerelateerde spoor afkomstig moet zijn van een van de elf bemanningsleden is de *a-priori kans* één gedeeld door elf is **9,1%** dat bemanningslid X de donor is van het spoor. Ofwel, de *a-priori kansverhouding* van scenario I (bemanningslid X is de donor) ten opzichte van scenario II (onbekend ander bemanningslid is de donor) is één staat tot tien, dus **0,1**. Zonder de resultaten van het DNA-onderzoek is scenario II (onbekend ander bemanningslid is de donor) dus tien keer zo waarschijnlijk dan scenario I (bemanningslid X is de donor).

Likelihood ratio DNA-bewijs

DNA-onderzoek van het delictgerelateerde biologische spoor resulteert in een enkelvoudig onvolledig DNA-profiel van een man, met een berekende frequentie van voorkomen van één op 100.000. Met andere woorden, dit DNA-profiel komt naar verwachting voor bij ongeveer één op 100.000 personen.

Het DNA-profiel van bemanningslid X blijkt te matchen met het onvolledige DNA-profiel van het spoor. Bemanningslid X kan dus de celdonor zijn van het delictgerelateerde spoor dat is aangetroffen op het lichaam van de kapitein.

De vraag is nu hoe waarschijnlijk dit onderzoeksresultaat -de match van het DNA-profiel van het spoor met het DNA-profiel van bemanningslid X- is onder de voorwaarde dat scenario I waar is en onder de voorwaarde dat scenario II waar is.

Kans om het resultaat van het DNA-onderzoek waar te nemen als scenario I waar is

Onder de voorwaarde dat bemanningslid X de donor is van het delictgerelateerde spoor (scenario I), zal het DNA-profiel van het spoor uiteraard matchen met het DNA-profiel van bemanningslid X (onder voorbehoud van fouten in de onderzoeksketen). De kans om het resultaat van dit DNA-onderzoek (de match van de DNA-profielen) waar te nemen is dus 100% als scenario I waar is.

Kans om het resultaat van het DNA-onderzoek waar te nemen als scenario II waar is

Onder de voorwaarde dat een onbekend ander bemanningslid de donor is van het delictgerelateerde spoor (scenario II), is de kans dat het DNA-profiel van deze onbekende man matcht met het DNA-profiel van het spoor gelijk aan de frequentie van voorkomen van het DNA-profiel in de populatie¹. Deze kans is ongeveer één op 100.000, ofwel 0,001%. De kans om het resultaat van dit DNA-onderzoek (de match van de DNA-profielen) waar te nemen is dus 0,001% als scenario II waar is.

De kansverhouding om het resultaat van het DNA-onderzoek waar te nemen onder scenario I respectievelijk onder scenario II is de likelihood ratio. In formule weergegeven als:

$$\text{Likelihood ratio} = \frac{\text{kans om de resultaten van het DNA-onderzoek waar te nemen als scenario I waar is}}{\text{kans om de resultaten van het DNA-onderzoek waar te nemen als scenario II waar is}}$$

¹ correcties voor subgroepen buiten beschouwing gelaten.

De kansverhouding voor het aantreffen van het resultaat van het DNA-onderzoek onder de scenario's I en II is dus 100% gedeeld door 0,001%. Dit is gelijk aan 100.000. De likelihood ratio is dus **100.000**. Ofwel, het resultaat van het DNA-onderzoek (de match van de DNA-profielen) is 100.000 keer waarschijnlijker als scenario I (bemanningslid X is de donor) waar is dan als scenario II (onbekend ander bemanningslid is de donor) waar is.

A-posteriori kansverhouding

Hoe waarschijnlijk is het nu, met de nieuwe informatie van het DNA-bewijs, dat bemanningslid X de donor is van het delictgerelateerde spoor? Ofwel, wat is de a-posteriori kansverhouding van scenario I en II? Dit wordt berekend door de a-priorikans kansverhouding te vermenigvuldigen met de likelihood ratio van het DNA-bewijs (in formule:

a-priori kansverhouding \times likelihood ratio = a-posteriori kansverhouding).

Die is in dit geval gelijk aan **0,1 \times 100.000 = 10.000**. Ofwel, nadat het DNA-onderzoek in beschouwing is genomen is de kansverhouding van scenario I (bemanningslid X is de donor) ten opzichte van scenario II (onbekend bemanningslid is de donor) 10.000 staat tot één, dus 10.000. Scenario I (bemanningslid X is de donor) is na inbegrip van de resultaten van het DNA-bewijs en met inachtneming van de a-priori kansverhouding dus 10.000 keer zo waarschijnlijk als scenario II (onbekend bemanningslid is de donor).

Om de *a-posteriori kans* van scenario I (bemanningslid X is de donor) te berekenen moet de a-posteriori kansverhouding worden omgezet in een percentage. Voor een a-posteriori kansverhouding van 10.000 staat tot één is deze kans **99,99%**. De kans dat het spoor afkomstig is van bemanningslid X is door de resultaten van het DNA-onderzoek toegenomen van **9,1%** (de a-priori kans) naar **99,99%** (de a-posteriori kans).

Het antwoord op de vraag, hoe waarschijnlijk het is dat bemanningslid X de donor is van het delictgerelateerde spoor, hangt dus af van twee factoren: de zeldzaamheid van het DNA-profiel (dat de likelihood ratio bepaalt) en het overige bewijs (dat de a-priori kansverhouding bepaalt). De deskundige doet alleen een uitspraak over de bewijswaarde van het resultaat van het DNA-onderzoek (de match van de DNA-profielen), uitgedrukt in de likelihood ratio en doet geen uitspraak over de a-priori kans en de a-posteriori kans. Het doen van aannamen om deze kansen verantwoord te kunnen schatten, zoals die van de a-priori kans(verhouding) in de casus 'Moord op het vissersschip', is niet de expertise van de deskundige.

Maat voor de kracht van het bewijs

De rechter kan, gebruikmakend van de likelihood ratio van het DNA-bewijs en zijn schatting van de a-priori kansverhouding, de a-posteriori kansverhouding van de verschillende scenario's aanpassen ('updaten').

In zijn algemeenheid geldt dat als het resultaat van een forensisch onderzoek even waarschijnlijk is onder beide scenario's, de likelihood ratio gelijk is aan 1. Hierdoor verandert de a-priori kansverhouding niet. Met andere woorden, het onderzoeksresultaat is 'neutraal' bewijsmateriaal dat geen effect heeft op de bestaande bewijslast. De a-priori kansverhouding en de a-posteriori kansverhouding zijn in dat geval gelijk.

Als het resultaat van het onderzoek veel waarschijnlijker is onder scenario I dan onder scenario II (zoals in 'Moord op het vissersschip'), dan is de likelihood ratio veel groter dan 1, en wordt de waarschijnlijkheid van scenario I ten opzichte van die van scenario II sterk vergroot.

Het onderzoeksresultaat is dus sterk bewijsmateriaal ten gunste van scenario I.

Het omgekeerde geldt als de likelihood ratio kleiner is dan 1. De likelihood ratio is dus niets anders dan een kwantitatieve maat voor de kracht van het bewijs.

Voor meer uitgebreide informatie over de likelihood ratio methode ('Bayesiaanse statistiek') en voorbeelden met DNA-mengprofielen zie:

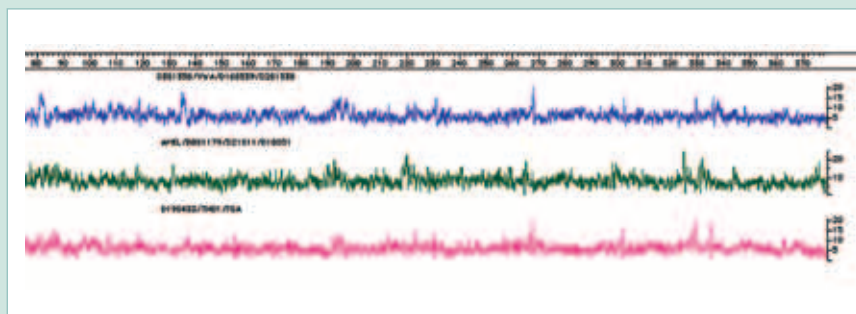
'Op zoek naar de bron; Over de grondslagen van de criminalistiek en de waardering van het forensisch bewijs', prof.dr. A.P.A. Broeders (2003);

'Het onzekere bewijs; Gebruik van statistiek en kansrekening in het strafrecht', dr. M.J. Sjerps en mr. J.A. Coster van Voorhout (2005): hoofdstuk 12 'De bewijswaarde van forensisch DNA-onderzoek', dr. M.J. Sjerps en dr. A.D. Kloosterman.

Geen DNA-profiel

Het DNA-onderzoek kan ook resulteren in geen DNA-profiel (zie illustratie 8). Over het algemeen is de oorzaak hiervan dat er geen of afgebroken celmateriaal in de desbetreffende bemonstering aanwezig is. Levert het DNA-onderzoek helemaal geen pieken op, dan rapporteert de gerechtelijke deskundige dit als:

'Van het materiaal in de bemonstering van het spoor is geen DNA-profiel verkregen.'



Illustratie 8: Het DNA-onderzoek heeft geen DNA-profiel opgeleverd. Er zijn geen pieken zichtbaar.

De DNA-analyse apparatuur geeft in dergelijke gevallen een vergroting van de basislijn weer (de basislijn is in DNA-profielen zichtbaar als een nagenoeg strakke lijn).

LCN DNA-analyse

LCN DNA-analyse is een zeer gevoelige onderzoeksmethode die in sommige gevallen gebruikt kan worden om uit een zeer geringe hoeveelheid DNA een DNA-profiel te verkrijgen. LCN staat voor 'Low Copy Number', wat betekent dat met deze methode voor het verkrijgen van een DNA-profiel slechts een gering aantal DNA-moleculen (dus een gering aantal cellen) nodig is. Bij DNA-onderzoek van minimale sporen is de LCN DNA-analyse daarom een belangrijke optie omdat in bemonsteringen van dergelijke sporen de te onderzoeken hoeveelheid DNA zeer gering is.

Minimale sporen

Omdat minimale sporen zeer weinig DNA bevatten, resulteert het standaard DNA-onderzoek doorgaans niet in DNA-profielen die geschikt zijn voor vergelijkend DNA-onderzoek. Als al een DNA-(meng)profiel is verkregen, dan is dit vaak onvolledig en zijn de pieken in het DNA-profiel (zeer) zwak aanwezig. In sommige gevallen kan dan met de LCN DNA-analyse worden getracht om uit dit spoor een informatiever DNA-(meng)profiel te verkrijgen. De LCN DNA-analyse is een optie omdat met deze methode meer kopieën van de te onderzoeken hypervariabele DNA-gebieden (loci) worden gemaakt dan in het standaard DNA-onderzoek. In feite is dit het enige verschil met het standaard DNA-onderzoek, want in beide gevallen maakt men gebruik van dezelfde techniek en hetzelfde DNA-analysesysteem. Zowel de standaard DNA-analyse als de LCN DNA-analyse onderzoeken precies dezelfde loci en stellen het geslachtskenmerk (XY voor een man en XX voor een vrouw) vast.

Door de extra DNA-vermeerderingsstappen in de LCN DNA-analyse kan in theorie de zeer geringe hoeveelheid aanwezig DNA in het uitgangsmateriaal in voldoende mate worden gekopieerd om hieruit een DNA-(meng)profiel te verkrijgen. Hierdoor kunnen zwak aanwezige DNA-kenmerken beter zichtbaar worden gemaakt. Ook kan het zijn dat met de LCN DNA-analyse DNA-kenmerken zichtbaar worden die niet zichtbaar waren in het DNA-(meng)profiel dat was verkregen met standaard DNA-onderzoek. De kans hierop is wel sterk afhankelijk van de kwaliteit van het DNA, het type spoor en de aard van het celmateriaal.

Bijkomende gevolgen LCN DNA-analyse

De extreem hoge gevoeligheid van de LCN DNA-analyse is gelijktijdig de valkuil van deze methode. Hoewel door de extra vermeerderingsstappen vaak meer DNA-kenmerken zichtbaar worden, is een nadeel dat de resultaten minder goed reproduceerbaar en dus minder betrouwbaar zijn dan de resultaten die met de standaard DNA-analyse zijn verkregen. Bij het interpreteren van de verkregen DNA-(meng)profielen dient men nadrukkelijk rekening te houden met drie situaties die zich kunnen voordoen en inherent zijn aan de LCN DNA-analyse.

De eerste situatie heeft betrekking op het gevaar van de aanwezigheid van uiterst geringe hoeveelheden DNA in de 'omgeving' van het stuk van overtuiging of de bemonstering (A); de andere twee situaties betreffen technische artefacten (B en C) die bij de vermeerdering van het DNA een rol spelen.

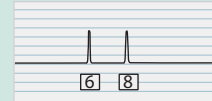
- A Door de hoge gevoeligheid van de LCN DNA-analyse zullen met deze methode vaak ook uiterst geringe hoeveelheden DNA die aanwezig zijn in de 'omgeving' van de bemonstering of het stuk van overtuiging worden gekopieerd. Het gevolg is dat DNA-kenmerken van DNA uit de 'omgeving' in het LCN DNA-profiel aanwezig kunnen zijn.

Daarom moet men bij het interpreteren van het verkregen LCN DNA-profiel alert zijn op de aanwezigheid van extra pieken die kunnen toebehoren aan DNA-kenmerken afkomstig van DNA uit de omgeving van het spoor en niet toebehoren aan DNA van celmateriaal van het spoor. Dergelijke extra pieken noemt men in vakjargon 'allele drop-in' (zie illustratie 9).

- B Doordat er slechts weinig uitgangsmateriaal is, namelijk DNA van slechts een zeer klein aantal cellen, kan het gebeuren dat niet de beide DNA-kenmerken van een bepaald locus worden vermeerderd, maar slechts één, of soms zelfs geen van beiden. Dit effect wordt door het toeval bepaald (het zogenoemde stochastische effect) en heeft tot gevolg dat soms van een locus slechts één piek of helemaal geen piek zichtbaar is in het DNA-profiel. Dit noemt men in vakjargon respectievelijk 'allele drop-out' (één van de twee DNA-kenmerken is niet zichtbaar) en 'locus drop-out' (geen van beide DNA-kenmerken van een locus zijn zichtbaar). Allele drop-out is in illustratie 9 weergegeven.
- C Zogenoemde 'stotterpieken' (of 'voorpieken') kunnen prominent verschijnen. Stotterpieken in het DNA-(meng)profiel vertegenwoordigen geen DNA-kenmerken, maar zijn technische artefacten die inherent zijn aan de vermeerderingstechnologie. Stotterpieken liggen over het algemeen één positie voor de pieken van de werkelijke DNA-kenmerken. In DNA-profielen die zijn verkregen met standaard DNA-onderzoek zijn deze stotterpieken ook aanwezig, maar ze zijn daarin dermate zwak aanwezig dat ze goed zijn te onderscheiden van pieken die toebehoren aan DNA-kenmerken. Door de extra vermeerderingsstappen kunnen deze stotterpieken in de LCN DNA-analyse zo hoog worden dat ze moeilijk zijn te onderscheiden van pieken die toebehoren aan de echte DNA-kenmerken (zie illustratie 9).

Situaties die zich kunnen voordoen bij de LCN DNA-analyse van minimale sporen

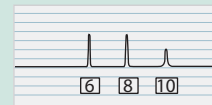
Stel een bepaald spoor heeft voor locus TH01 de DNA-kenmerken 6 en 8
In het DNA-profiel zou dit zichtbaar moeten zijn als 2 pieken:
een piek voor DNA-kenmerk 6 en een piek voor DNA-kenmerk 8



Echter, door bijkomende gevolgen van de LCN DNA-analyse van minimale sporen kunnen zich de volgende situaties voordoen:

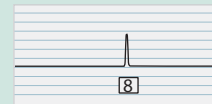
A Allele drop-in

Op locus TH01 zijn drie pieken zichtbaar:
twee DNA-kenmerken (6/8) van het celmateriaal van het spoor
en een extra DNA-kenmerk (10) van DNA uit de 'omgeving'



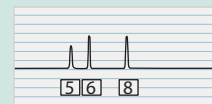
B Allele drop-out

Op locus TH01 is één piek zichtbaar:
één van de twee DNA-kenmerken (6) van het celmateriaal
van het spoor is niet zichtbaar



C Prominent aanwezige stotterpiek

Op locus TH01 zijn drie pieken zichtbaar:
twee DNA-kenmerken (6/8) van het celmateriaal van het spoor
en een prominent aanwezige stotterpiek op de positie van DNA-
kenmerk 5



Illustratie 9: Bijkomende gevolgen van de LCN DNA-analyse: A Allele drop-in, waarbij een extra DNA-kenmerk van DNA uit de omgeving wordt waargenomen; B Allele drop-out, waarbij slechts één van de twee DNA-kenmerken van een locus zichtbaar is en C waarbij een stotterpiek prominent aanwezig is.

Illustratie R.S. Enterprises

Uitvoering

Om contaminatie zo veel mogelijk te voorkomen wordt het DNA-onderzoek onder zeer stringente condities uitgevoerd. Steriele en DNA-vrije laboratoriumcondities zijn erop gericht om te voorkomen dat tijdens de isolatie en het vermeerderen van het DNA contaminatie met DNA uit de laboratoriumomgeving optreedt. Echter, hoe extreem de voorzorgsmaatregelen in het laboratorium ook zijn, het verschijnen van extra DNA-kenmerken in het DNA-profiel als gevolg van DNA uit de laboratoriumomgeving is nooit volledig te voorkomen. Om technische artefacten die tijdens de LCN DNA-analyse optreden (*'allele drop-out'*, *'locus drop-out'* en *'prominent aanwezige stotterpieken'*) en inherent zijn aan DNA-onderzoek van minimale sporen te kunnen herkennen worden volgens vaststaand protocol van het geïsoleerde DNA (het DNA-extract) minimaal drie monsters genomen. Al deze monsters worden onderworpen aan een LCN DNA-analyse. Op deze manier is vast te stellen of een waargenomen piek in een LCN DNA-profiel reproduceerbaar is en de aanwezigheid van een DNA-kenmerk representeert of het gevolg kan zijn van een technisch artefact.

Interpretatie

Alleen de DNA-kenmerken die reproduceerbaar aanwezig zijn in de verkregen LCN DNA-(meng)profielen worden bij het vergelijkend DNA-onderzoek betrokken. Dit geldt ook voor eventuele zoekacties met een LCN DNA-profiel in de Nederlandse DNA-databank voor strafzaken.

Naast grote zorgvuldigheid bij het interpreteren van de LCN DNA-profielen is voorzichtigheid geboden bij de interpretatie hiervan in de context van het delict. Van minimale sporen waarvan de aard van het celmateriaal niet kan worden bepaald, is over het algemeen niet aan te geven wat de relatie is met het delict. Bovendien kan in de regel geen uitspraak worden gedaan over wanneer en hoe het minimale spoor op het bemonsterde materiaal is terechtgekomen. Omdat de gevoeligheid van de LCN DNA-analyse zo extreem hoog is, zullen ook minimale hoeveelheden DNA die al op het stuk van overtuiging aanwezig waren voordat het delict plaatsvond of die zijn achtergelaten tijdens het veiligstellen van het stuk van overtuiging of tijdens het bemonsteren van het spoor in de LCN DNA-analyse worden vermenigvuldigd. Resultaten van (LCN) DNA-analyses van minimale sporen geven daarom in de criminalistische context vaak veel minder informatie dan DNA-profielen van sporen die onder standaardomstandigheden zijn onderzocht.