

ABSTRACT

DNA-profilanalyse og matching er en af de tre primære metoder til identifikation, der er defineret i Interpols retningslinjer. Processen med personidentifikation ved hjælp af DNA-analyser omfatter valg og indsamling af post mortem-prøver, af de bedst mulige ante mortem-prøver, DNA-analyse, matching og beregning af den statistiske vægt af et match mellem DNA-profiler fra post mortem- og ante mortem-prøver. Klassisk retsgenetisk DNA-profilanalyse er derfor et stærkt værktøj til identifikation af uidentificerede lig eller ligdele. Nye teknikker forbedrer løbende mulighederne for at få resultater ved analyse af prøver med meget små mængder DNA eller nedbrudte prøver. Nye markører kan fortælle om fysiske træk som øjenfarve eller hårfarve, biogeografisk oprindelse og alder ud fra små mængder menneskeligt væv. Selv om DNA-profilanalyse er en meget stærk metode til at identificere et ukendt offer, skal alle kendte identifikationsmetoder benyttes parallelt for at opnå en effektiv proces til at identificere og repatriere ofre fra en katastrofe til deres nære og kære.

EMNEORD Forensic genetic | person identification | DNA profile analysis | DNA markers | disaster victim identification



Korrespondanceansvarlig førsteforfatter:
BO THISTED SIMONSEN
bo.simonsen@sund.ku.dk

Personidentifikation ved anvendelse af DNA-analyser. Er eller bliver retsodontologisk identifikation overflødig?

BO THISTED SIMONSEN, afdelingsleder, ph.d., Department of Forensic Medicine, Section of Forensic Genetics, Faculty of Health and Medical Sciences, University of Copenhagen

KERSTIN MONTELIUS, ph.d., Department of Forensic Genetics and Forensic Toxicology, National Board of Forensic Medicine, University of Gothenburg, Sweden

► Accepteret til publikation den 21. februar 2023

Tandlægebladet 2023;127:690-5

RETSGENETIK OG DNA-ANALYSER er et slagkraftigt værktøj ved identifikation af lig og ligrester og er en af tre primære identifikationsmåder: DNA, tænder og fingeraftryk. Hver metode har sine styrker og ulemper, og tilsammen kan de i langt de fleste tilfælde give en sikker identifikation (1).

Selv om retsgenetik af mange anses for et relativt nyt speciale inden for Disaster Victim Identification (DVI), har retsgenetiske undersøgelser været i brug i mange år. I Sverige har man gennemført faderskabsundersøgelser med hjemmel siden 1917, og på Retsmedicinsk Institut ved Københavns Universitet har der været udført retsgenetiske undersøgelser i faderskabs- og slægtskabssager ubrudt siden 1928.

Metoderne er blevet forfinet gennem årene: Med kortlægningen af det humane genom er der identificeret et væld af polymorfe DNA-markører, og med fremkomsten af PCR-teknologien er de retsgenetiske analyser blevet meget sensitive og relevante i mange sammenhænge. Dette gælder i efterforskninger af straffesager, såvel som i slægtskabsundersøgelser såvel som ved personidentifikation. Denne udvikling fortsætter, og det er nu muligt med moderne sekventeringsmetoder (massive parallel sequencing (MPS)) i et vist omfang også at få oplysninger om bl.a. fysiske træk (2,3) og biogeografisk oprindelse (4), og ved analyse af metyleringsmønstre kan opnås information om fx alder på den person, hvorfra der er indsamlet materiale (5).

FAKTABOKS 1

Trinnene i genetisk identifikation

I forbindelse med identifikation med genetiske metoder sker følgende:

1. Udvalgelse af prøver fra lig og ligdele, kendt som PM-prøver (post mortem-prøver)
2. Indsamling af prøver til sammenligning: referenceprøver, kendt som AM-prøver (ante mortem-prøver)
3. DNA-analyse af prøver
4. Matching - sammenligning af PM- og AM-prøver
5. Statistisk beregning af vægten for de fundne match

Selv helgenomsekventering er en realistisk mulighed i et laboratorium. Med MPS og single nucleotide polymorfism (SNP)-markører er det også blevet muligt at udvinde DNA-profiler fra stærkt nedbrudt prøvemateriale, fordi man med MPS typisk sekventerer kortere DNA-fragmenter end ved anvendelse af de gængse standardmetoder til retsgenetiske analyser, nemlig Short Tandem Repeats (STR, også kaldet "mikrosatelitter") (6). Der er endda eksempler på, at man har benyttet teknikker, der er udviklet til at undersøge arkæologisk DNA (ancient DNA) til at kortlægge en DNA-profil med en tilstrækkelig længde til at opnå relevant information i forbindelse med en identifikation (7). Standardmetoden er dog PCR af STR-markører efterfulgt af kapillærelektroforese. De øvrige teknikker benyttes indtil videre alene til særlige og supplerende undersøgelser.

HVORNÅR BENYTTES GENETISK IDENTIFIKATION?

Brugen af retsgenetiske metoder til identifikation har vist sig at være meget værdifuld, og i visse situationer er genetisk identifikation den eneste mulighed for at opnå identifikation.

Ved brug af DNA-undersøgelser kan man i modsætning til andre metoder med sikkerhed identificere og samle dele fra fragmenterede lig. I situationer, hvor ofre er fragmenterede, er andre metoder end DNA-baserede ofte ikke relevante. Ligdele fra fragmenterede lig vil i sagens natur i mange tilfælde ikke indeholde tandplysninger eller fingeraftryk. Her kan DNA-analyser give en sikker identifikation og således også hjælpe med at samle ligdele fra samme offer.

Hvis ofrene er alvorligt forslåede, nedbrudte eller forkuldede, kan DNA-analyser også vise sig at være eneste mulighed. I situationer, hvor ofrene har ingen eller få tandarbejder, er DNA-analyser ofte eneste mulighed. Det sidste er ofte tilfældet, når ofrene er børn.

Trinnene i genetisk identifikation er kort skitseret i Faktaboks 1.

PRØVER FRA AFDØDE - POST MORTEM-PRØVER

Omstændighederne omkring hændelsen bestemmer typen af prøver, der indsamles fra den afdøde. Prøver fra afdøde benævnes post mortem eller simpelthen PM-prøver. Knogle beskytter normalt DNA'et godt, og derfor indeholder knogleprøver brugbart materiale. Man skal være opmærksom på, at det kan være svært at udvinde brugbart DNA fra tynde knogler, fx fra kraniet (8). Blødtvæv rådner ret hurtigt, især hvis omgivelserne er varme og fugtige. Det betyder igen, at DNA'et nedbrydes til korte fragmenter, som er svære at analysere. Hvis det derimod er koldt, som i tilfældet med et flystyrt på Kebnekajse i 2012, hvor det var koldere end -25 grader celsius, forbliver prøverne og dermed DNA'et stort set intakt. Selv prøver fra væv placeret på DNA-opsamlingskort (fx FTA™- eller GenSave™) eller tilsvarende prøvetyper giver gode resultater, hvis henfaldsprocessen ikke er nået for langt i vævet inden opsamlingen (9). Tænder er også en kilde til gode DNA-prøver. Kindtænder foretrækkes, men der er eksempler på, at det har været muligt at opnå gode DNA-profiler selv fra mælketænder, der har været efterladt ved stuetemperatur i over et år (Montelius et al. 2010, upublicerede observationer).

Indsamlede prøver skal transporteres og opbevares koldt, så DNA'et ikke nedbrydes. Hvis køling ikke er tilgængelig, er der forskellige præparater på markedet, som bevarer DNA under opbevaring, fx Sample Matrix (Biomatrix, Inc., San Diego, CA), almindeligt bordsalt eller alkohol. Hvis 96 % alkohol ikke er tilgængelig, kan almindelig kommerciel alkohol benyttes (10). Det er blevet beskrevet, hvordan hvid rom med succesfulde resultater er blevet benyttet som konserveringsvæske (11).

Interpol og International Society for Forensic Genetics (1,12) har udarbejdet retningslinjer og anbefalinger for, i hvilke situationer hvilke PM-prøver skal prioriteres. Anbefalingerne er opsummeret i Tabel 1. ▶

Anbefalede PM-prøver

Ligets tilstand	Anbefalet post mortem-prøve
Intakt, ikkeforrådnede lig	Blod eller aftørringer på DNA-opsamlingskort (fx FTA™- eller GenSave™)
Lemlæstet/fragmenteret, ikkeforrådnede lig	Blod (hvis tilgængeligt) eller dybt, rødt muskeltvæv
Intakt, forrådnede eller lemlæstet/fragmenteret lig	Kompakt knogle eller sunde tænder
Alvorligt forbrændte eller forkullede lig	Kompakt knogle, sunde tænder eller aftørringer fra indre organer

Tabel 1. Anbefalede post mortem-prøver til DNA-analyse. Baseret på Interpols retningslinjer og anbefalinger fra ISFG.

Table 1. Recommended *post mortem* samples for DNA-analysis. Based on Interpol guidelines and ISFG recommendations

FAKTABOKS 2

Eksempler på AM-prøver direkte fra formodet offer

1. Prøver fra biologiske pårørende. Disse skal helst være fra 1.-grads slægtninge, dvs. forældre, børn eller biologiske helsøskende.
2. PKU-kort
3. Prøver fra hospitalers vævsbank
4. Prøver fra blodbanker
5. Prøver, der har været brugt til retskemiske analyser (fx alkohol- eller drugtests)
6. Personlige effekter
 - a. Tandbørster
 - b. Barberskraber
 - c. Hårbørster

INDSAMLING AF PRØVER TIL SAMMENLIGNING: REFERENCEPRØVER – ANTE MORTEM-PRØVER

Ved identifikation er det nødvendigt, at der kan sammenlignes oplysninger fundet hos ofrene (ved genetisk identifikation: DNA-profiler) med oplysninger, der stammer fra den savnede. Ved udvælgelse af prøver til genetisk identifikation kan benyttes biologisk materiale fra den savnede eller effekter, man formoder, at den savnede har benyttet.

Ved genetisk identifikation kan der også benyttes prøver fra biologiske pårørende til den savnede person. Prøver til sammenligning med ofre benævnes ante mortem-prøver (AM-prøver), altså prøver, der har oplysninger om den savnede før dødens indtræden.

Interpol såvel som International Society for Forensic Genetics (1,12) har udarbejdet retningslinjer og anbefalinger, og her anbefales, at AM-prøver udvælges efter denne prioritering:

1. Førstegradsslægtninge, fx forældre/børn til savnede.
2. Blodprøver eller biopsiprøver fra den savnede person.
3. Personlige effekter, der formodes benyttet af den savnede person.

I Faktaboks 2 er givet en række eksempler på AM-prøver.

Der er flere årsager til, at førstevalget falder på brugen af frivilligt udtagne prøver fra biologisk nære slægtninge. Myndighederne er efter DVI-hændelser som regel under alle omstændigheder i kontakt med de pårørende til en savnet, og de pårørende ønsker ofte selv at bidrage til at få identificeret ofrene. Prøverne er altså tilgængelige, og da de er nye og af høj kvalitet, vil de være lette at håndtere i laboratoriet. Prøven har desuden god sporbarhed med mulighed for at sikre navn og personnummer eller anden unik identifikationsoplysning.

Ved identifikation via biologiske slægtninge vil det give en sikrere undersøgelse, hvis der undersøges mere end én biologisk pårørende. I illustrationen "Match mellem PM-prøve og biologiske slægtninge" ses eksempler på forskellige familiekonstellationer brugt til identifikation.

I Fig. 1 ses, at allelerne i den undersøgte DNA-markør passer med, at ofret er et fællesbarn til de undersøgte formodede forældre, da ofret deler én allel med den ene forælder ("2") og én allel med den anden forælder ("4"). Da der i en befolkning er en begrænset variation af alleler for hver DNA-markør, vil et match i et enkelt eller få DNA-markører ikke nødvendigvis betyde en sikker identifikation. Man vil derfor i praksis undersøge et større antal DNA-markører, typisk 16 eller flere.

Fig. 2 illustrerer en situation, hvor to ofre formodes at være helsøskende. Der er indsamlet AM-prøver fra tre formodede søskende til ofrene. Det ses, at person nr. 4 (med allelerne "3" og "5") kan passe ind som helsøskende med de tre øvrige undersøgte, da de tilsammen deler i alt 4 alleler. Person nr. 5 med allelerne "2" og "6" passer derimod ikke, da allelen "6" tilføjer en femte allel. Alternative forklaringer af stamtræet kan være, at person nr. 5 er en halvsøskende til de fire andre, eller slet ikke er nært biologisk beslægtet. Som ved foregående eksempel vil man ved at undersøge et større antal DNA-markører opnå en mere sikker vurdering af formodede slægtskaber.

DNA-ANALYSE

Uanset i hvilken form prøverne ankommer til laboratoriet til analyse, skal DNA'et ekstraheres fra vævscellerne. Der findes mange ekstraktionsmetoder tilpasset forskellige typer prøver. Den hurtigste er en aftørring overført til DNA-opsamlingskort (fx FTA™- eller GenSave™). Her sker åbningen af cellerne og

Allelmatch

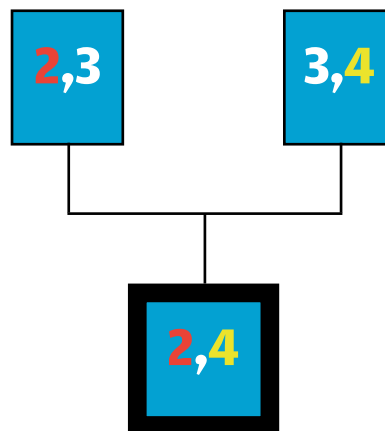


Fig. 1. Undersøgelse af PM-prøve og formodede biologiske forældre. Person angivet med fed ramme i stamtræet angiver det uidentificerede offer.

Fig. 1. Investigation of PM-sample and presumed biological parents. Person marked with solid frame represents the unidentified victim.

cellekernen og dermed fritlægningen af DNA'et direkte på papiret, og når prøven ankommer til laboratoriet, ligger DNA'et blottet på papiret og klar til amplifikation. Udvinning af DNA fra knogler tager længst tid. Det kan tage dage at rense, pulverisere og demineralisere knoglerne for at udvinde DNA'et. For at kunne kopiere de relevante dele af DNA-molekylet skal der oprenses så lange DNA-fragmenter som muligt. Hvis DNA'et nedbrydes, som det ofte er sket for prøver i identifikations-sager, kan det betyde, at DNA-strengene er for korte til at blive analyseret med den standardmetode, der anvendes af de fleste retsmedicinske laboratorier rundt om i verden. Det er i disse tilfælde muligt at ændre analysemetoden. Det er her vigtigt, at dette koordineres, hvis flere laboratorier samarbejder i en identifikationsoperation, så resultaterne af DNA-profilanalyserne er sammenlignelige, altså at det er de samme DNA-markører, der analyseres af alle laboratorier.

Short Tandem Repeats

Short Tandem Repeats (STR) er en type DNA-markører, der består af en kort DNA-sekvens på 2-6 basepar, der repeteres umiddelbart efter hinanden i et større eller mindre antal repeats. Til retsgenetiske analyser benyttes sædvanligvis STR-markører med 4 eller 5 basepar i repeat-sekvensen.

Antallet af repeats i en STR-markør varierer mellem individer, hvilket gør STR-profiler effektive til human identifikation (13). Man benytter antallet af repeats til at navngive de enkelte alleler. STR-alleler nedarves efter Mendels love, så den ene allel arves fra moderen, den anden allel fra faderen.

STR-analyse involverer elektroforese af amplificerede repetitive områder i DNA'et. De amplificerede fragmenter er af forskellig længde, alt efter hvor mange repeat-enheder de indeholder,

og ved elektroforese adskilles de i forhold til længden af det amplificerede DNA-fragment, der korresponderer med antallet af repeatenheder. Når man har resultaterne af alle fragmenternes forskellige længder (alleler), kan man lægge puslespillet mellem pårørende eller mellem PM-prøver og direkte AM-prøver.

Single Nucleotide Polymorphisms

Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) er DNA-markører, hvor der på enkeltpositioner i DNA-kæden findes variation mellem individer. På samme måde som STR-typer nedarves disse varianter fra forældre til barn og kan benyttes i det puslespil, som lægges i matchingfasen. Da variationen i SNP-markører oftest begrænser sig til blot to alleler, kræver det sædvanligvis analyse af et stort antal SNP-markører. Det kan være fra ca. 50 til flere tusind SNP-markører.

Mitokondrie-DNA (MtDNA)

Mitokondriet er en struktur – et organel – i cellerne, der indeholder cirkulære DNA-molekyler, der bl.a. kan bruges til identifikationsformål. Informationsgraden er lavere end ved andre markørtyper, og nedarves generelt alene fra mor til barn. MtDNA-markører kan benyttes som supplement til andre analyser, fordi mitokondrierne er til stede i store mængder i cellerne. Det cirkulære DNA-molekyle er desuden modstandsdygtigt over for nedbrydning (14). MtDNA blev bl.a. brugt under identifikationsarbejdet efter terrorangrebet på World Trade Center i New York 2001 ("9/11") som et supplement til STR-analyser (15).

X-Y-kromosommarkører

Markører på kønskromosomerne, X og Y, er værdifulde i nogle slægtskabsanalyser. Y-kromosomet nedarves i sin helhed fra ▶

Allelmatch

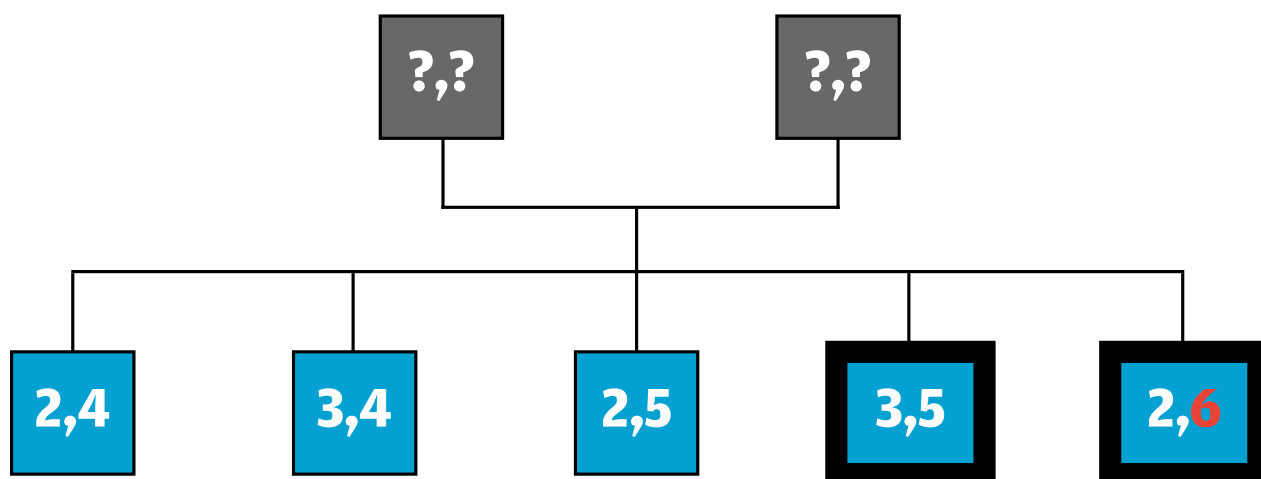


Fig. 2. Undersøgelse af to PM-prøver fra formodede søskende med yderligere formodede helsøskende.
Fig. 2. Investigation of PM-samples from two presumed siblings with additional presumed full siblings

far til søn, og mandlige slægtninge på faderens side har samme typer på Y-markørerne. X-kromosomet nedarves fra mor til barn og fra far til døtre, hvorfor man kan se, om fx søstre har samme far.

STATISTISK BEREKNING AF VÆGTEN FOR DE FUNDNE MATCH

Genetisk identifikation har den fordel, at der kan foretages en egentlig beregning af vægten for en identifikation. Typisk vil en DNA-undersøgelse indebære undersøgelse af DNA-profiler fra et større antal DNA-systemer, oftest 16 eller flere systemer.

Hvis der her er overensstemmelse mellem DNA-profilerne fra ofret og DNA-profilerne fra prøver fra den savnede person eller overensstemmelse mellem DNA-profilerne fra ofret og de undersøgte personer i et formodet biologisk slægtskab til ofret, betegnes dette som et match.

Vægten af et match kan beregnes som en såkaldt likelihood-kvotient. En likelihood-kvotient udtrykker sandsynligheden for at observere DNA-profilerne, hvis de undersøgte AM-prøver faktisk stammer fra den formodede person, i forhold til, at AM-prøverne stammer fra en anden tilfældig person i befolkningen.

Hvis der er match mellem DNA-profiler fra ofret og fra prøver taget direkte fra den savnede (fx en prøve fra en biobank), vil likelihood-kvotienten ofte være meget stor, typisk større end 1.000.000.

Ved sammenligning af DNA-profiler fra formodede biologiske slægtninge betegnes likelihood ratioen oftest som et såkaldt slægtskabsindeks. Dette vil typisk være 10.000 eller større. Et slægtskabsindeks på 10.000 betyder, at sandsynligheden for at opnå DNA-profilerne vil være 10.000 gange større, hvis de undersøgte personer rent faktisk er forældre til det undersøgte offer, end hvis tilfældige andre personer fra befolkningen er forældre til det undersøgte offer.

UDFORDRINGER VED GENETISK IDENTIFIKATION

Der er situationer, hvor genetisk identifikation er vanskelig. Fx er DNA-analyser af meget nedbrudte PM-prøver udfordrende for laboratoriet og kan dermed være tidskrævende. Sagerne kompleksitet kan være stor, og der er tilfælde, hvor der skal udføres komplekse beregninger af formodede slægtskaber. Det kan desuden være vanskeligt at finde velegnede AM-prøver til sammenligning.

Hvis der er flere ofre fra samme familie, kan dette gøre processen kompliceret, da det alt andet lige kræver mere genetisk information at adskille nære slægtninge fremfor ubeslægtede. Hvis der fx mellem de uidentificerede er to helsøskende af samme køn, kan genetisk information for nuværende alene bekræfte, at der er tale om de savnede børn, men altså ikke fastslå, hvilket af ofrene der er det ene henholdsvis det andet barn. Et helt særligt problem opstår, hvis der skal skelnes mellem monozygote tvillinger, da de DNA-markører, der rutinemæssigt benyttes til personidentifikation, ikke giver information, der kan hjælpe med at skelne mellem monozygote tvillinger. I disse tilfælde er det nødvendigt at supplere med andre metoder til identifikation, fx ved at benytte tandoplysninger eller fingeraftryk.

Et andet forhold, der skal tages højde for, er, om stamtræerne er helt korrekte. Det sker, at der forekommer overraskelser i stamtræerne, fx i den faderlige linje.

Når der findes AM-prøver fra den savnede i biobanker, kan der være juridiske forhindringer for, om prøverne må benyttes. Prøverne er udtaget til andet formål end identifikation, fx til forskningsformål, og der er ofte ikke samtykke og lovhjemmel til uden videre at benytte dem til andre formål som fx identifikation. I disse tilfælde vil det i Danmark kræve en godkendelse fra en dommer og en dommerkendelse. I andre lande er der endnu større begrænsninger, og det er her i praksis ikke lovligt at benytte denne type prøver. Dette har ved forskellige hændelser givet udfordringer i forhold til at få adgang til disse prøver, fx i Sverige under arbejdet med at identificere ofrene fra tsunamien i 2004. For at gøre PhenylketonUri-prøver (PKU-prøver) tilgængelige for identifikationsarbejdet måtte det svenske parlament (Riksdagen) vedtage en midlertidig lov, der åbnede PKU-registret til og med 30. juni 2006. PKU-prøver er hælblodprøver fra nyfødte oprindeligt til scanning for Føllings sygdom. Omkring 10 svenske børn kunne identificeres ved hjælp af PKU-prøverne. En ny biobanklov i Sverige trådte i kraft den 1.1.2023. I den undersøgelse, der gik forud for lovforslaget, er der et afsnit, hvor det foreslås, at biobankprøver kan anvendes til identifikation af afdøde efter anmodning fra politiet eller Rättsmedicinalverket.

Ud over de juridiske begrænsninger kan der være tekniske udfordringer ved brug af prøver fra biobanker. Fx er det besværligt i laboratoriet at håndtere formalinfikseret, paraffinindstøbt væv, og ofte er DNA fra disse prøver meget sparsomt og stærkt nedbrudt.

Når der benyttes AM-prøver fra personlige effekter fra den savnede til direkte sammenligning af DNA-profiler fra PM- og AM-prøver, skal man være opmærksom på, at der er en betydelig risiko for, at andre end den savnede har benyttet effekten. Der er risiko for, at sammenligning med DNA-profiler fra fx en barberskraber, der har været benyttet af en anden end formodet, fejlagtigt kan føre til falske eksklusioner eller fejlidentifikationer. Sammenligningerne kan ligeledes kompliceres af, at effekterne kan have været benyttet af flere personer, og at der derfor observeres blandede DNA-profiler fra flere personer på samme effekt. Mange vil blive overraskede over, hvor ofte dette er tilfældet, når der undersøges tandbørster.

Kontaminering af prøver med DNA fra andre kilder er en betydelig risiko. Den, der arbejder med prøverne, skal altid være et skridt foran med rengøring, beskyttelsestøj og separate lokaler, hvor prøverne håndteres. Ideelt skal AM- og PM-prøver håndteres i forskellige lokaler, og processerne før og efter amplifikation med PCR-teknik skal ligeledes være fysisk adskilte. Mængden af DNA, der bruges i en analyse, er uhyre lav, i visse analyser så lav som 100 pg DNA, så selv en meget beskeden kilde til kontaminering med uvedkommende DNA kan ødelægge en prøve. Da prøverne i identifikations-sager ofte er nedbrudte og kan være svære at amplificere, kan en forurening med friske celler, fx fra laboratoriepersonale, smitte af i analysen og give helt forkerte resultater. Mange laboratorier har, udover strenge rengøringsplaner, en elimineringsdatabase, hvor personalets DNA-profiler opbevares til sammenligning med hver ny identifikationsprøve.

På den måde kan man kontrollere, om prøven kan være blevet forurenset af personale, der har arbejdet med sagen.

KONKLUSION

Genetisk identifikation er en effektiv måde at opnå sikker identifikation af lig og ligdele. Ved hjælp af genetiske metoder kan man opnå identifikation, som man vha. de andre primære identifikationsmetoder – tandoplysninger og fingeraftryk – ikke kan. Særligt ved hændelser med en høj grad af fragmentering af lig eller ved stærkt forslåede, nedbrudte eller forkullede lig, er genetisk identifikation ofte eneste udvej.

Det betyder imidlertid ikke, at andre metoder ikke er relevante. Ofte er brug af tandoplysninger det mest hensigtsmæssige og det hurtigste. Ved andre hændelser er match ved hjælp af fingeraftryk hurtigst. Og uden hjælp fra fysiske indikationer fra fund på de uidentificerede døde som fx tatoveringer, ar, implantater eller effekter fundet sammen med ofrene, fx identitetspapirer, smykker mv., vil identifikationsprocessen ved større katastrofer ofte være vanskelig eller endda umulig. Sammenfattende må siges, at alle metoder til identifikation bidrager med hver deres styrker, og tilsammen giver de en sikker vej til identifikation. ♦

ABSTRACT (ENGLISH)

WILL DNA ANALYSIS MAKE FORENSIC ODONTOLOGICAL IDENTIFICATION REDUNDANT – OR HAS IT ALREADY DONE SO?

DNA-profiling and matching is one of the three primary methods of identification as defined by the Interpol Guidelines. The process of DNA identification includes the collection and choice of *Post Mortem* samples, of the best possible *Ante Mortem* data, DNA-analysis, matching and statistical weighting of the genetic relationship or match. Hence, classic DNA-profiling with standard methods for forensic genetics

is a powerful tool in identification of unidentified human remains. New techniques continuously improve the possibilities to analyze DNA from very small or degraded samples. New markers may also reveal physical traits such as eye or hair colour, geographic origin, or age, from minute amounts of unidentified human remains. Even though DNA presents vast opportunities to reveal the identity of an unknown victim, all known identifiers are needed to be worked in parallel to obtain an efficient process to identify and repatriate victims of a disaster to their family and home.

LITTERATUR

1. INTERPOL. Interpol Disaster Victim Identification Guide, 2018. https://www.interpol.int/en/content/download/589/file/18Y1344%20E%20DVI_Guide.pdf
2. Meyer OS, Salvo NM, Kjærbye A et al. Prediction of eye colour in Scandinavians using the Eye Color 11 (EC11) SNP Set. *Genes* 2021;12:821-821.
3. Andersen JD, Meyer OS, Simão F et al. Skin pigmentation and genetic variants in an admixed Brazilian population of primarily European ancestry. *Int J Legal Med* 2020;134:1569-79.
4. Pereira V, Freire-Aradas A, Ballard D et al. Development and validation of the EUROFORGEN NAME (North African and Middle Eastern) ancestry panel. *Forensic Sci Int Genet* 2019;42:260-7
5. Freire-Aradas A, Pośpiech E, Aliferi A et al. A comparison of forensic age prediction models using data from four DNA methylation technologies. *Front Genet* 2020;11:932.
6. Tillmar A, Grandell I and Montelius K. DNA identification of compromised samples with massive parallel sequencing. *Forensic Sci Res* 2018;4:331-6.
7. Tillmar A, Sjölund P, Lundqvist B et al. Whole-genome sequencing of human remains to enable genealogy DNA database searches – A case report. *Forensic Sci Int Genet* 2020;46:102233
8. Mundorff A, Bartelink EJ, Mar-Cash E. DNA preservation in skeletal remains from the World Trade Center disaster: recommendations for mass fatality management. *J Forensic Sci* 2009;54:739-45.
9. Green H, Tillmar A, Pettersson G et al. The use of FTA cards to acquire DNA profiles from post-mortem cases. *Int J Legal Med* 2019;133:1651-7.
10. Chan XLA, Kua GW, Lai S et al. Ambient temperature storage of tissue samples (bovine) in readily available media during mass fatality incidents. *Forensic Sci Int Genet Suppl Series* 2019;7:227-8.
11. Winskog C, Nilsson H, Montelius K et al. The use of commercial alcohol products to sterilize bones prior to DNA sampling. *Forensic Sci Med Pathol* 2010;6:127-9.
12. Prinz M, Carracedo A, Mayr WR et al. DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG): Recommendations regarding the role of forensic genetics for disaster victim identification (DVI). *Forensic Sci Int Genet* 2007;1:3-12.
13. Butler JM. Advanced topics in forensic DNA typing: Methodology. San Diego: Elsevier Academic Press, 2011;99-100.
14. Holland MM, Fisher DL, Mitchell LG et al. Mitochondrial DNA sequence analysis of human skeletal remains: identification of remains from the Vietnam War. *J Forensic Sci* 1993;38:542-53.
15. Biesecker LG, Bailey-Wilson JE, Ballantyne J et al. DNA identifications after the 9/11 World Trade Center attack. *Science* 2005;310:1122-3.