

”Om man bortser från möjligheten att det kommer från en nära släkting”

I sakkunnigutlåtanden och dna-registerträffar från NFC anges vid överensstämmelse mellan en person och ett spärs dna-resultat att: ”Resultatet talar extremt starkt för att blodet/dna på materialet X kommer från N.N. (Grad +4), om man bortser från möjligheten att det kommer från en nära släkting.”.

Bisatsen används vid de två starkaste slutsatsgraderna, ”Grad +4” och ”Grad +3”. Anledningen till detta är att slutsatsernas styrka baseras på en beräkning av risken för slumpmässig överensstämmelse mot en obesläktad person. I de fall alternativet är att dna:t kan komma från en nära släkting görs beräkningarna på annorlunda sätt. I många fall kommer ”Grad +4” att nå oavsett släktskapsrelation, men eftersom beräkningar för nära släktskap inte görs för varje enskilt resultat används bisatsen även om det i vissa fall inte hade varit nödvändigt att ha den med. När en släkting kan vara ett alternativ görs beräkningar när uppdragsgivaren så begär.

Begreppet ”nära släkting”

Med ”nära släkting” menas i traditionell mening föräldrar, barn, helsyskon, halvsyskon, mor- och farföräldrar, far- och morbror (faster och moster), syskonbarn och kusiner. Graden av släktskap och likheter i arvsmassan är naturligtvis direkt förknippade med varandra och risken för att släktingar har liknande eller till och med överensstämmande dna-profil är således högre än risken för likheter eller överensstämmelse mellan två personer som inte alls är släkt med varandra. Hur stor risken är beror dels på hur nära släkt man är, dels hur mycket information man fått ut vid analys av det aktuella dna-spåret.

Det är i första hand helsyskon (av samma kön) som vid analys skulle kunna riskera att uppvisa sinsemellan identiska dna-resultat. Även för helsyskon är risken dock mycket liten för dna-resultat som utgörs av fullständiga eller nästan fullständiga dna-profiler. För andra släktskapsförhållanden är risken för överensstämmelse ännu mindre.

Enäggstvillingar har identiska dna-profiler. Överensstämmande dna-profiler mellan personer med andra släktskapsförhållanden än just enäggstvillingar har sedan införandet av dna-teknik aldrig uppmärksammats vid NFC eller tidigare SKL.

Hur ska man hantera frågan om den uppkommer?

Idag är det främst syskon som, av försvaret, anges som en alternativ möjlighet. Den alternativa förklaringen, ”det var inte jag det var min bror” (eller någon annan släkting) kan komma sent i rättsprocessen, inte sällan vid själva domstolsförhandlingen.

Utredningen bör beakta och bedöma omständigheter i ett fall som belyser möjligheten att dna:t trots den erhållna träffen kan komma från en nära släkting till den misstänkte likväl som omständigheter som talar emot det. Ibland kan det finnas utredningsteknisk anledning att anta att ett dna-spår, trots träff mot person, kan komma från t.ex. ett syskon till denna person. Det mest klagörande är då att ta

fram en dna-profil för släktingen för jämförelse. Om dna-prov tas efter beslut om kroppsbesiktning eller om de inhämtas på frivillig basis eller som ”annan” (enligt Rättegångsbalken 28 kap 12 b §) hanteras av förundersökningsledaren.

Direktjämförelse är också möjlig om släktingen förekommer i utrednings- eller dna-registren, eftersom dna-profilen då finns tillgänglig. Begäran om sådan jämförelse måste dock ställas till NFC. Vid en registerträff mot en person, har i praktiken andra registrerade släktingar redan uteslutits vara möjliga alternativ, men detta anges inte specifikt i träffrapporten.

Statistisk beräkning

Ibland är det inte möjligt att ta ett prov från en aktuell släkting och denne förekommer kanske inte heller i dna-registret. Med hjälp av dna-resultatet för det aktuella brottsplatsspåret kan man då göra en statistisk beräkning av risken för att en viss släktskapsrelation skulle kunna ge en överensstämmande dna-profil. Beräkningar kan göras för dna som förutsätts komma från en person. I vissa fall kan beräkningar göras även för dna som kommer från två eller flera personer, så kallade blandbilder.

Beräkningarna baseras på en populationsdatabas för svensk majoritetsbefolkning. Populationsdatabaser som baseras på annan befolkningsgrupp kan ge annorlunda faktiska värden. Den använda populationsdatabasen ger då en fingervisning om storleksordningen på risken.

Istället för att beräkna storleken för risken för det aktuella dna-spåret kan en generell beräknad storlek användas. För en fullständig profil, med dna från en person, är risken för överensstämmande dna-profil som högst 1 på 200 000 för helsyskon. Denna övre gräns nås när varje undersökt område (av totalt 15 områden) uppvisar den vanligaste varianten i det området. I praktiken är risken i många fall betydligt lägre. Fördelen med en sådan generell hantering är att skillnader som beror på populationstillhörighet slätas ut.

Information och kontakt

Intrapolis och internet:

<https://nfc.polisen.se/om-nfc/informationsmaterial/faktablad/>

Biologi_Frontdesk.nfc@polisen.se, 010-562 80 20