

Undersökningen inleds med att eftersöka spår och om möjligt fastställa spårtyp. Spår som eftersöks är främst blod, sperma, sekret (t ex saliv eller vaginalsekret) och rotbärande hårstrån. När det gäller sekret är det i dagsläget svårt att avgöra vilken typ det rör sig om. Spår kan sökas för blotta ögat, med ljuskällor och instrument av olika slag eller på kemisk väg. Mikroskopisk granskning och biokemiska tester används för att bedöma spårtyp. Analys kan även göras på tillvaratagna celler/cellrester som inte utgörs av regelrätta besudlingar. Sådana spår kan vara väsentliga att undersöka men möjligheten att få användbara resultat är låga och bakomliggande spårtyp kan inte klargöras.

En bedömning av ett spår, ofta i kombination med resultat från dna-analys, leder till följande slutsatser: ”... påvisades blod/sekret/sperma.” eller ”... kunde blod/sekret/ sperma inte påvisas.”. För dna-spår utan regelrätt besudling används motsvarande ...ett område analyserades avseende dna. Resultaten talar att dna... . Slutsatsen ”kunde inte påvisas” utesluter inte att det kan finnas spår/dna på ett material. Tidsförlopp, mängden spår, underlagets beskaffenhet och graden av föroreningar (t ex smuts) är faktorer som påverkar resultatet. På material där många besudlingar/spår iaktas görs ett urval vid undersökningen. Urvalet baseras på erfarenhet samt på den information som uppdragsgivaren lämnat i ärendet.

Vår arvs massa består av dna och finns i de flesta av våra celler. Hälften av dna:t kommer från respektive förälder. Dna:t är likadant i hela kroppen och ändrar sig inte över tiden. Exempelvis sperma eller blod som påträffats på en brottsplats kan därför jämföras med sekret (salivprov/personprov) från en misstänkt många år senare. Vid dna-analys undersöks en ytterst liten del av arvs massan. De undersökta områdena i arvs massan kallas STR-markörer och varierar mellan olika individer. 15 STR-markörer analyseras och presenteras i en sifferserie som kallas dna-profil. STR-markörerna innehåller ingen information om en individs egenskaper. Dessutom analyseras ytterligare en markör som visar på kön.

Med s.k. PCR-teknik mångfaldigas dna:t från tillvaratagna spår i en kopieringsreaktion. Tekniken möjliggör undersökning av små mängder dna motsvarande omkring 50-100 cellers dna (standardanalys) eller ett fåtal cellers dna (specialanalys). Det finns risk för kontamination, särskilt när små mängder spår/dna hanteras. För att minimera riskerna att kontaminera med sitt eget dna eller från hanterade spår ska som minimum munskydd och engångshandskar användas av all personal som hanterar eller kommer i närheten av spår och föremål för dna-undersökning. Engångshandskar ska bytas ofta och utrustning ska rengöras (kameror, linjaler osv.). Detta gäller från brottsplatsen till avslutad analys. Det ska även finnas dokumentation över vilka personer som har hanterat materialet. I syfte att påvisa kontaminationer finns en elimineringsdatabas (EDB) med dna-profiler från personal som regelbundet hanterar undersökningsmaterial, t.ex. kriminaltekniker och NFC-personal. En kontamination kan förstöra ett befintligt dna-spår, då räcker det inte att ha tillgång till dna från den kontaminerande personen för att jämföra med. I vissa fall behövs personprov från personal som inte förekommer i EDB för att kunna utesluta dem mot erhållna resultat.

I de fall undersökningar av biologiska spår resulterar i en dna-profil är ändamålet vanligtvis att ta reda på om spåret/dna:t kommer från en viss person, eller registrera det i spårregistret. Följande hypoteser används vid värderingen av resultaten vid jämförelse mot person;

Huvudhypotes: Spåret/dna:t kommer från den aktuella personen.

Alternativ hypotes: Spåret/dna:t kommer från någon annan person (som inte är nära släkt med den aktuella personen).

Om huvudhypotesen är sann (dna:t kommer från NN) är det förväntat att erhålla ett överensstämmande resultat. Sannolikheten för att erhålla ett överensstämmande resultat om den alternativa hypotesen (dna:t kommer från en annan person) är sann, varierar beroende på resultatet. Det är beräkningen av hur sannolikt det är att erhålla resultatet om dna:t kommer från en annan person som styr vilken slutsatsgrad som slutligen fastställs. Dna-resultatet i en undersökt STR-markör kan vara vanligt förekommande, men genom att analysera flera områden och utgå från det sammantagna resultatet minskar sannolikheten för slumpmässig överensstämmelse. Vid överensstämmelse utförs i regel en frekvensberäkning för att beräkna hur vanligt det erhållna dna-resultatet är i svensk majoritetsbefolkning¹. Beräkningen avser två obesläktade personer. Överensstämmelse mellan ett fullständigt dna-resultat från en person (NN) och ett fullständigt dna-resultat från ett spår (där dna:t bedöms komma från en person) ger slutsatsen ”Grad +4”: *Resultaten talar extremt starkt för att dna:t kommer från NN (Grad +4), om man bortser från möjligheten att det kommer från en nära släkting*². Mängden och kvaliteten på dna:t samt provets beskaffenhet, som ofta påverkas av underlaget spåret avsatts på, kan medföra att en ofullständig dna-profil erhålls. Ofullständiga profiler kan leda till en lägre slutsatsgrad vid överensstämmelse, dvs. ”Grad +1” till ”Grad +3”.

Ett spår kan innehålla DNA från två eller flera personer, en blandbild. Detta kan medföra fler möjligheter att förklara resultaten och därmed ökar andelen personer som har en dna-profil som av en slump överensstämmer med analysresultatet, vilket kan påverka slutsatsgraden vid en överensstämmelse. Vid en frekvensberäkning av en utvärderad blandbild tas hänsyn till exempelvis dna-mängden, kvaliteten, ingående alleler och i vilken proportion de förekommer. När en blandbild uppvisar dna från flera personer men inte kan användas för jämförelse mot person, när resultatet är för komplext för att utvärderas, används fraser motsvarande: ”Dna som kan jämföras mot person kunde inte påvisas” eller ”Dna påvisades. Resultatet kan dock inte utvärderas för jämförelse mot person på grund av dess komplexitet”.

För närbesläktade personer är sannolikheten större för överensstämmelse mellan dna-profiler, än för obesläktade personer, just på grund av släktskapet. Råder det osäkerhet från vem av två eller flera nära släktingar som ett dna-spår härrör, bör personprov från dessa personer inhämtas, om inte dna-profilerna redan finns tillgängliga via dna-registret. Om en direkt jämförelse inte är möjlig så kan sannolikheten för slumpmässig överensstämmelse mellan släktingar beräknas och redovisas med en frekvens. Sannolikheten för överensstämmelse är störst mellan helsyskon av samma kön – statistiskt sett i storleksordningen 1 på 200 000 eller lägre vid fullständiga dna-profiler. Sannolikheten är med andra ord ytterst låg och i NFC:s arbete har bara enäggstvillingar påvisats ha överensstämmande dna-profiler. Den beräknade sannolikheten för slumpmässig överensstämmelse är betydligt lägre för övriga, mer avlägsna släktskapsrelationer. Sannolikheten för slumpmässig överensstämmelse ökar dock om resultatet utgörs av en ofullständig dna-profil eller av en blandbild.

Om avvikelser iaktas vid jämförelse mellan två dna-resultat erhålls i de flesta fall slutsatsen ”Grad -4”: *Resultaten talar extremt starkt för att dna:t inte kommer från NN (Grad -4)*. Generellt är det ovanligt med slutsatserna ”Grad -1” till ”Grad -3” för dna-resultat. Om ett undersökt spår inte uppvisar något dna eller att mängden dna är för liten för en analys, alternativt att det resultat som erhållits inte kan utvärderas, används slutsatsfraser motsvarande: ”Dna som kan jämföras mot person kunde inte påvisas”.

¹ L. Albinsson, L. Norén, R. Hedell, R. Ansell (2011) Swedish population data and concordance for the kits PowerPlex ESX 16 System, PowerPlex ESI 16 System, AmpFISTR NGM™, AmpFISTR SGM Plus™ and Investigator ESSplex. Forensic Science International: Genetics 5:e89-92.

² För mer detaljerad information om NFC:s utlåtandeskala se <http://www.nfc.polisen.se/Utlatandeskala>.