

Bilag til erklæringer fra Retsgenetisk Afdeling

Retsgenetiske undersøgelser af det mitokondrielle DNA

Indledning

Retsgenetiske undersøgelser foretages som oftest ved at undersøge det kromosomale DNA, som findes lokaliseret i cellekernen. Udover det kromosomale DNA indeholder de fleste celler dog også en anden type DNA, nemlig mitokondrielt DNA.

Mitokondrier er små enheder, der kaldes organeller. De findes i variabelt antal i de fleste celletyper. Børn arver deres mitokondrier fra deres mor, og det mitokondrielle DNA nedarves således alene fra mor til barn.

Undersøgelse af det mitokondrielle DNA kan være relevant i sager, hvor man ønsker at afklare slægtskabsforhold i den moderlige linje. Det kan være relevant, hvis man fx ønsker at undersøge, om en kvinde kan være moster til et barn. Barnets mor og barnets moster har arvet deres mitokondrier fra deres fælles mor (barnets biologiske mormor), og derfor har de ens mitokondrielt DNA. Da barnet har arvet sit mitokondrielle DNA fra sin mor, vil barnet have samme mitokondrielle DNA-typer som sin moster. Undtaget herfra er en mulig forekomst af mutationer.

Ved undersøgelse af det mitokondrielle DNA alene kan man dog ikke skelne imellem forskellige materielle slægtninge, fx en moster og en mormor til barnet. Undersøgelse af mitokondrielt DNA vil derfor altid ske som supplement til de standardundersøgelser, der foretages på Retsgenetisk Afdeling.

Undersøgelsen

Undersøgelsen sker ved en metode, der kaldes Massive Parallel Sequencing (MPS). Ved denne metode finder man sekvensen (rækkefølgen) af nukleotiderne i det mitokondrielle DNA. Sekvensen sammenlignes med en referencesekvens. Referencesekvensen kaldes CRS (Cambridge Reference Sequence) og er sekvensen af det først sekvenserede humane mitokondrie. Man angiver resultatet ved at angive forskelle i forhold til referencesekvensen.

Beregninger

Hvis to undersøgte personer har den samme sekvens, beregnes en likelihood ratio. Det er en beregning af sandsynligheden for at få resultatet, hvis det undersøgte slægtskab er korrekt, overfor sandsynligheden for at få resultatet, hvis et alternativ til det undersøgte slægtskab er korrekt. For at lave denne beregning, er man nødt til at vide, hvor hyppig den observerede sekvens er. Dette gøres ved at søge sekvensen i en online database, der indeholder mitokondrielle DNA-sekvenser fra hele verden. Sagens sekvens lagres ikke i databasen. Databasen benyttes alene som opslagsværk til at finde hyppigheden af den fundne mitokondrielle sekvens.