



Informatieblad Forensische kansen om tweelingen te onderscheiden met DNA-onderzoek

Inleiding

Eeneiige tweelingen hebben identieke standaard DNA-profielen. Als een eeneiige tweeling betrokken raakt bij een misdrijf, kan dit tot problemen leiden in het strafrechtelijk onderzoek. Deze individuen zijn immers op basis van hun standaard DNA-profielen niet te onderscheiden. In de DNA-databank voor strafzaken zitten ruim 800 eeneiige tweelingen. Meestal is van beide tweelingbroers (of tweelingzussen) een DNA-profiel aanwezig. Als een standaard DNA-profiel van een spoor bij een vergelijking in de DNA-databank een match oplevert met een eeneiige tweeling, betekent dat een match met twee personen. Dit is de reden dat je het spoor op basis van het standaard DNA-profiel niet kunt toeschrijven aan de ene of de andere persoon. Als de zaak uitsluitend drijft op DNA-bewijs, kan de rechter niet tot een veroordeling komen.

Hoewel eeneiige tweelingen qua DNA niet te onderscheiden zijn met de huidige standaard DNA-profielen, zijn er forensisch wel kansen om onderscheid tussen de personen te maken. Deze zijn te vinden in unieke mutaties die optreden in de individuele tweeling, vroeg in de embryonale fase. Deze unieke mutaties zijn zeer zeldzaam, maar kunnen wel de individuen van een tweeling onderscheiden.

Hoe werkt dat?

Bij een standaard forensisch DNA-profiel kijken DNA-deskundigen van het NFI naar 23 specifieke plaatsen op het DNA. Die 23 plaatsen zijn persoonsonderscheidend en representeren slechts een fractie van het totale DNA. Die 23 plaatsen op het DNA zijn bij eeneiige tweelingen echter identiek.

DNA is opgebouwd uit chemische bouwstenen, die hebben namen die zijn afgekort met de letters G, A, T en C. Deze vier letters vormen het DNA-alfabet en met die letters wordt de hele code van het DNA geschreven. In totaal gaat het om 3 miljard letters die samen het bouwplan voor het menselijk lichaam vormen. Die code bepaalt bijvoorbeeld of iemand uitgroeit tot man of vrouw en de oogkleur.

Een eeneiige tweeling ontstaat uit één bevruchte eicel. Die deelt zich en wordt in tweeën gesplitst waardoor er twee embryo's ontstaan die genetisch uit dezelfde bevruchte eicel komen en hetzelfde DNA hebben. De verdere ontwikkeling van die twee embryo's komt tot stand door vele celdelingen waarbij het DNA steeds wordt gekopieerd. Dat kopieerproces is niet perfect, daar kan heel af en toe een fout ontstaan en dat wordt een mutatie genoemd. Bij een mutatie verandert precies één letter in de DNA-code.

Hoe detecteer je die mutaties?

Als bij de celdelingen in een vroeg stadium een mutatie ontstaat, levert dat een verschil op tussen de individuen. De mutatie die bij de een ontstaat, ontstaat namelijk niet bij de ander. Toch is dat maar een handjevol ten opzichte van het hele DNA van 3 miljard bouwstenen. Het gaat misschien maar om enkele mutaties.

De truc is om de mutaties te vinden, als ze er überhaupt zijn. Waar zitten die paar letters verschil van de ene helft van de tweeling ten opzichte van de ander? Om daar achter te komen, is het nodig om zoveel mogelijk van die 3 miljard letters geautomatiseerd te 'sequencen', oftewel de volgorde daarvan te bepalen. Dat betekent: 3 miljard letters van de ene persoon lezen en vervolgens van de andere persoon. Hiervoor gebruik je van beide personen een referentiemonster. De sequentiegegevens van beide personen kun je dan naast elkaar leggen om te zien waar de verschillen zitten. Ter illustratie: als je al die letters zou uitprinten, heb je een paar pallets papier nodig. Het sequencen moet vele malen herhaald worden omdat niet alle cellen de mutaties zullen hebben en vereist bovendien grote nauwkeurigheid. Eén leesfoutje kan onterecht als mutatie worden gezien.

Kan het NFI dat zelf?

Het NFI kan het onderzoek naar de mutaties niet alleen uitvoeren. De benodigde technieken zijn niet bij één laboratorium aanwezig. Verschillende labs moeten samenwerken om het hele traject vorm te geven. De samenwerking bij dit type onderzoek wordt gevormd door het NFI, de afdeling Humane Genetica van het Leids Universitair Medisch Centrum en een gespecialiseerd laboratorium genaamd GenomeScan, beide gesitueerd in Leiden. Allen leveren hun eigen, unieke bijdrage.

In tegenstelling tot de klinische wetenschap, is sequencen van het totale DNA van een persoon in het forensische domein nog geen gangbare toepassing. De realiteit is dat veel sporen die criminelen achterlaten maar weinig DNA-bevatten. Sporen zijn vaak vervuild en het DNA is vaak afgebroken. Dan is sequencen niet mogelijk. Bovendien levert de standaard analyse van de 23 plaatsen al voldoende informatie voor het forensische DNA-onderzoek.

Wat kun je forensisch gezien met die mutaties?

Als de mutaties gevonden zijn, is al veel winst behaald. Het geeft inzicht in de verschillen tussen beide personen. Voor de analyse van sporen is het zaak om een gevoelige analyse te maken voor de gevonden mutaties om te kijken welke variant, welke letter, aanwezig is in het spoor. Als het lukt om te detecteren welke variant aanwezig is in het spoor dan

kun je die vergelijken met het referentie DNA van de tweeling. Hierdoor kun je vervolgens vaststellen van wie van de eenzijdige tweeling het DNA in het spoor kan zijn. Omdat verschillende tweelingen verschillende mutaties hebben, moet zowel het zoeken naar de mutaties als het ontwerpen van de spoor specifieke analyse voor iedere zaak apart worden gedaan. Wordt eenzelfde tweeling betrokken in een andere zaak, dan kunnen de eerder gevonden mutaties worden gebruikt en is het zoeken naar mutaties in het DNA van de tweeling niet nodig.

Wat zijn belangrijke voorwaarden voor dit onderzoek?

Niet elk spoor is geschikt voor dit type onderzoek. Het spoor moet voldoende DNA bevatten en bij voorkeur van één persoon zijn. Mengprofielen, een spoor met DNA van meerdere personen, zijn over het algemeen niet geschikt. Een andere aspect is dat je van beide individuen van een tweeling veel en vers referentiemateriaal ter beschikking moet hebben. Bij voorkeur van hetzelfde type als het te onderzoeken spoor. Bijvoorbeeld een buisje vers bloed van de tweeling als het spoor een bloedspoor is. Dat is een voorwaarde omdat de mutaties niet in alle lichaamscellen te vinden zijn, maar ook om het sequencen nauwkeurig te kunnen doen.

Kun je bloed gedwongen afnemen?

Op dit moment mag een verdachte zelf kiezen of hij als referentiemonster wangslijmvlies, bloed of haren af laat nemen. De Minister van Justitie en Veiligheid heeft aangegeven het Wetboek van Strafvordering te willen wijzigen om het mogelijk te maken bij tweelingen de keuzevrijheid te beperken.

Zijn er beperkingen of complicaties die roet in het eten kunnen gooien?

Als er geen mutaties vindbaar zijn, stopt het onderzoek. Als er wel mutaties zijn, kunnen die homogeen in het lichaam zitten, maar dat hoeft niet. In de embryonale fase zal de ene cel uitgroeien tot huid, de ander ontwikkelt zich tot spier of bijvoorbeeld bloed. In een vroeg stadium zijn die cellen allemaal gelijkwaardig. Als de mutatie dan optreedt, hebben bijna alle cellen in je lichaam dezelfde mutatie. Maar als die mutatie pas later optreedt, als een cel reeds in ontwikkeling is tot bijvoorbeeld bloed, zie je die mutatie ook alleen in bloed. Dat kan de onderzoeker misleiden: in een bloedspoor is de mutatie dan wel vindbaar, maar in een speekselspoor niet. In de ideale situatie heeft de onderzoeker daarom het type referentiemateriaal van een tweeling ter beschikking dat hetzelfde is als het spoor.

Is dit onderzoek al eens uitgevoerd in een Nederlandse strafzaak?

Ja, een dergelijk onderzoek is één keer eerder, en met succes, uitgevoerd in een Nederlandse strafzaak. Dit heeft in die zaak toen geleid tot de vaststelling dat het DNA afkomstig kon zijn van één van de eeneiige tweelingbroers, maar niet afkomstig kon zijn van de andere broer. De conclusie van dat onderzoek is geaccepteerd door de rechtbank en heeft mede geleid tot de inmiddels onherroepelijke veroordeling van de initiële verdachte. Zie voor meer informatie over de betreffende zaak het vonnis op rechtspraak.nl via deze link ([ECLI:NL:RBNNE:2022:3928](https://ecli.nl:RBNNE:2022:3928)) of scan onderstaande QR-code.



Hoe lang duurt het onderzoek en wat zijn de kosten?

Het onderzoeksproces door de verschillende partijen neemt meerdere maanden in beslag en is kostbaar. De schatting is enkele tienduizenden euro's. Dit type onderzoek is niet opgenomen in de SLA en moet apart worden gefinancierd.

Samenvatting:

Forensisch onderzoek naar DNA-versillen bij eeneiige tweelingen is mogelijk. Van beide personen is veel en vers referentiemateriaal vereist. Het spoor is bij voorkeur enkelvoudig, mengsporen zijn over het algemeen niet geschikt. Het onderzoek duurt enkele maanden en kost enkele tienduizenden euro's. Als er geen mutaties vindbaar zijn bij de tweeling, wordt het spoor niet geanalyseerd en stopt het hele onderzoeksproces. Worden er wel mutaties gevonden dan wordt het DNA van het spoor onderzocht om vast te stellen van wie van de tweeling het DNA afkomstig kan zijn. Omdat verschillende tweelingen verschillende mutaties hebben, moet het onderzoek voor elk paar eeneiige tweelingen worden uitgevoerd. Gevonden mutaties kunnen in een andere zaak worden gebruikt indien dezelfde tweeling in die zaak ook betrokken is. Het is mogelijk dat het onderzoek in de ene zaak wel een resultaat oplevert en in de andere zaak niet.



Voor algemene vragen kunt u contact opnemen met de Frontdesk, telefoon (070) 888 68 88. Voor inhoudelijke vragen kunt u contact opnemen met de Divisie Biologische Sporen, telefoon (070) 888 6750.

Nederlands Forensisch Instituut
Ministerie van Veiligheid en Justitie

Postbus 24044 | 2490 AA Den Haag | Nederland
T +31 70 888 66 66

www.forensischinstituut.nl

© Rijksoverheid, november 2023