

DNA:n hyödyntäminen rikostutkinnassa

Noora Kuhna

LuK-tutkielma
Oulun yliopisto
Biologian tutkinto-ohjelma
Toukokuu 2023

Tiivistelmä

Forensinen tiede (engl. forensic science) on laaja ala, jossa yhdistyy tiede ja rikostutkinta. Siihen kuuluu rikospaikalla tapahtuva tutkimus, näytteenotto, dokumentointi ja näytteiden analysointi. Tekninen rikostutkinta on osa forensista tiedettä ja DNA-näytteiden hyödyntäminen on osa sitä. Deoksiribonukleinihappo eli DNA sisältää eliöiden geneettisen materiaalin ja sitä hyödynnetään yksilöntunnistuksessa sekä sukulaisuussuhteiden selvittämisessä. DNA:n hyödyntäminen rikostutkinnassa jakautuu perinteisiin ja vakiintuneisiin DNA-testeihin sekä uudempiin menetelmiin, kuten geneettiseen sukututkimukseen. Rikostutkinnassa hyödynnetään myös DNA-tietokantoja.

Rikospaikalta kerätyille DNA-näytteille on tyypillistä huono laatu, pieni määrä ja usein ne sisältävät DNA:ta useasta yksilöstä. Rikostutkinnassa on perinteisesti käytetty mikrosatelliitteja (engl. short tandem repeats, STR) DNA-näytteiden analysointiin. Niiden avulla muodostetaan yksilöllinen DNA-profiili, jonka avulla epäilty voidaan tunnistaa. Snippejä (engl. single nucleotide polymorphism, SNP) käytetään erikoistutkimuksiin ja lisäksi voidaan käyttää myös mitokondriaalista DNA:ta ja genomien sekvensointia.

DNA-profileista muodostuu tietokantoja, joiden avulla voidaan verrata näytteitä toisiinsa. Valtioilla on omat kansalliset tietokantansa juuri rikostutkinnan käyttöön, mutta lisäksi on myös kuluttajien käytössä olevia tietokantoja. Näitä ovat genomipalveluja tarjoavien yritysten tietokannat sekä geneettisen sukututkimuksen tietokannat. Ne molemmat koostuvat snippidatasta. Tietokannoissa olevien näytteiden määrä on moninkertaistunut lakiuudistusten ja kaupallisten geenitestien suosion myötä. Kuluttajien tietokantoja hyödynnetään myös rikostutkinnassa ja niiden avulla epäillyn henkilöllisyys voidaan saada selville hänen sukulaistensa kautta.

Genomitietoa ja DNA:ta käytettäessä täytyy huomioida ihmisten yksityisyys, tutkinnan oikeudenmukaisuus ja ihmisten suostumus tutkimuksiin. Geenitestit eivät paljasta tietoa ainoastaan testin tekijästä vaan myös hänen sukulaisistaan. Erityisesti tietokantoihin liittyy paljon eettisiä kysymyksiä ja huolta esimerkiksi tietosuojasta.

Tulevaisuudessa mikrosatelliitit todennäköisesti pitävät paikkansa tärkeimpänä menetelmänä rikostutkinnassa. Teknologiaa halutaan kehittää niin, että saadaan nopeampia ja parempia tuloksia sekä johtopäätöksiä. Rikostutkinta kehittyi teknologian mukana ja tulevaisuudessa DNA:ta hyödynnetään varmasti yhä laajemmin.

Sisällysluettelo

1. Johdanto	4
2. DNA-näytteet ja työkalut niiden tutkimiseen	5
2.1. Mikrosatelliitit rikostutkinnassa	6
2.2. Yhden nukleotidin polymorfismi ja genomin sekvensointi rikostutkinnassa	8
2.3. Mitokondriaalinen DNA	9
3. Tietokannat.....	10
3.1. Valtakunnalliset DNA-tietokannat	10
3.2. Kaupalliset geenitestit ja kuluttajien DNA-tietokannat	11
4. Geneettinen sukututkimus rikostutkinnassa.....	13
5. Tietosuoja ja turvallisuus	14
6. Rikostutkinta tulevaisuudessa	16
7. Yhteenveto	17
Lähdeluettelo.....	18

1. Johdanto

Forensinen tiede (engl. forensic science) tarkoittaa tieteen hyödyntämistä rikosten selvittämiseen. Se on hyvin laaja ala ja kattaa useita eri rikostutkimuksen osa-alueita, kuten rikospaikalla tapahtuvan tutkimuksen, näytteenoton, dokumentoinnin ja näytteiden analysoinnin (Himberg, 1999). Forensinen tiede sisältää monia eri erikoisaloja, joihin kuuluu esimerkiksi oikeuslääketiede, toksikologia, kriminalistiikka ja patologia (Udogadi ym., 2020). Tavoitteena on tuottaa todistusaineistoa rikosten selvittämiseen ja syyllisten pidättämiseen. Laboratoriotutkimukset ovat merkittävä osa forensista tiedettä ja ne kuuluvat tekniseen rikostutkintaan. Tekninen rikostutkinta määrittellään todistusaineiston keräämisenä, taltioimisena ja tutkintana. DNA-näytteiden hyödyntäminen ja erilaiset DNA-menetelmät kuuluvat myös tähän.

Deoksiribonukleiinihappo eli DNA sisältää eliöiden geneettisen materiaalin ja sitä on opittu hyödyntämään yksilöntunnistuksessa. Erilaisten DNA-menetelmien kehittyminen alkoi 1980-luvulla ja ne yleistyivät nopeasti ympäri maailmaa (Himberg, 1999). Suomessa rikostutkimuksen hyödyntämät DNA-menetelmät otettiin rutiinikäyttöön vuonna 1991. DNA:ta saadaan soluja sisältävistä näytteistä ja niiden perusteella tehdään DNA-profilointia, joka perustuu DNA-eroihin yksilöiden perimässä (Katsanis, 2020). DNA-profiloinnin avulla voidaan määrittää yksilön identiteetti ja näytettä voidaan verrata muihin näytteisiin. Näytteet kerätään DNA-tietokantoihin, joissa niitä voidaan vertailla keskenään tai tunnistaa.

DNA-näytteistä saatavan tiedon ja niistä koostuvien tietokantojen hyödyntäminen on nopeasti kasvava osa rikostutkintaa. DNA-tietokannat ovat kehittyneet viimeisen 20 vuoden aikana (Butler, 2015). Viime vuosina erityisesti kaupalliset geenitestit ovat vallanneet markkinat ja niiden suuri suosio on osaltaan moninkertaistanut DNA-tietokannoista löytyvien näytteiden määrän. Kaupalliset ”genomipalvelut” ovat tuoneet myös geneettisen sukututkimuksen osaksi rikostutkintaa (Katsanis, 2020). DNA-näytteiden hyödyntäminen ja kasvava tiedon määrä ovat tuoneet esiin myös eettisiä kysymyksiä ja huolta siitä, mihin niitä käytetään ja kuka niitä käyttää.

Kaupalliset geenitestit ja geneettinen sukututkimus hyödyntävät yhden nukleotidin polymorfismia eli snippejä (single nucleotide polymorphism, SNP) (Greytak ym., 2019). Näiden tietokannat muodostuvat snippidatasta. Snipit ovat pistemutaatiota DNA-ketjussa eli yksittäisen emäsparin muutoksia. Perinteisesti rikostutkinnassa on kuitenkin hyödynnetty mikrosatelliitteja (engl. short tandem repeats, STR). Mikrosatelliitit eli STR-markkerit ovat muutaman emäsparin mittaisia

toistuvia DNA-alueita, joiden toistojen määrä vaihtelee yksilöiden välillä. Mikrosatelliitteja on joka puolella genomia ja niiden avulla voidaan muodostaa yksilöllinen DNA-profiili. Mikrosatelliitit ovat maailmanlaajuisesti hyväksytyt ja vakiintuneet menetelmät rikostutkinnassa. Geneettisten markkerien lisäksi rikostutkinnassa hyödynnetään muun muassa genomien sekvensointia ja mitokondriaalista DNA:ta.

Tämä tutkielma keskittyy erilaisiin menetelmiin, joilla DNA:ta tutkitaan, DNA-tietokantojen hyödyntämiseen osana forensista tiedettä sekä rikosten selvittämiseen niiden avulla. Lisäksi käsitellään tietokantojen aiheuttamia eettisiä ongelmia sekä niiden käytön hyödyntämisen eri puolia ja alan tulevaisuutta. Geenitestaukselle on suuri tarve nyky-yhteiskunnassa monessa eri käyttötarkoituksessa ja sitä hyödynnetään yhä enemmän lainvalvonnassa (Kling ym., 2021).

2. DNA-näytteet ja työkalut niiden tutkimiseen

DNA osaltaan mullisti rikostutkinnan, sillä biologisten näytteiden avulla on mahdollista tunnistaa henkilöitä ilman muuta todistusaineistoa (Butler, 2015). Geneettisen tiedon avulla pystytään ratkaisemaan rikoksia, joita ei muuten välttämättä saataisi ikinä selvitettyä. Lähtökohtaisesti DNA-näytteitä hyödynnetään joko identiteetin tai sukulaissuhteiden selvittämiseen (Diegoli, 2015). Tutkimukset jakautuvat perinteisiin DNA-testeihin, joita tehdään rutiinomaisesti rikoslaboratorioissa, sekä uudempiin menetelmiin, joissa genetiikan muiden osa-alueiden on tajuttu olevan hyödyllisiä myös rikostutkinnassa. DNA-menetelmät rikostutkinnassa eivät rajoitu ainoastaan ihmisiin, vaan niistä on hyötyä myös esimerkiksi salametsästyksen liittyvissä tutkimuksissa (Yang ym., 2014).

Rikospaikalta kerätyille näytteille on tyypillistä huono laatu ja näytettä on usein myös hyvin vähän (Butler, 2015). Usein näyte on myös kontaminoitunut ja sisältää DNA:ta useasta eri lähteestä, mikä vaatii taitoa erottaa ne toisistaan (Kling ym., 2021). Erityisesti huono laatu ja vähäinen DNA:n määrä määrittävät pitkälti, mitä menetelmiä tutkimuksissa voidaan käyttää. Toisaalta DNA-näytteitä saadaan myös esimerkiksi suoraa epäilyiltä, jolloin ne ovat huomattavasti parempilaatuisia kuin rikospaikalta saadut näytteet. Jos tutkimuksessa hyödynnetään geneettistä sukututkimusta, näytteet ovat yleensä myös laadukkaita (Greytak ym., 2019). Näissä hyödynnetään SNP-dattaa, kun taas perinteinen rikostutkimus hyödyntää mikrosatelliitteja DNA-analyseissa. Pieni määrä näytettä vaatii DNA:n monistamisen ja mikrosatelliittien on todettu toimivan hyvin PCR-menetelmien kanssa (Udogadi

ym., 2020). PCR eli polymeerasiketjureaktio (engl. Polymerase Chain Reaction) on menetelmä, jolla DNA-alue voidaan monistaa eksponentiaalisesti.

2.1. Mikrosatelliitit rikostutkinnassa

Mikrosatelliitit ovat ylivoimaisesti eniten käytettyjä DNA-profiloinnissa. Niiden etuna on yhteensopivuus PCR-menetelmien kanssa (Keerti & Ninave, 2022). Toinen etu mikrosatelliiteissa on niiden lyhyt sekvenssi, joka on usein vielä käytettävissä, vaikka näytteen DNA olisi hajonnutta. Lisäksi mikrosatelliiteilla on mahdollista erottaa yksilöt DNA-seoksista, joita rikospaikkojen näytteet usein ovat.

Mikrosatelliitit sijaitsevat ei-koodaavalla alueella ja niitä löytyy sekä autosomeista että sukupuolikromosomeista (Diegoli, 2015). DNA-profilointi kuitenkin perustuu nimenomaan autosomaalisten markkereiden käyttöön. Rikostutkinnassa on käytössä standardisetti STR-markkereita, joiden avulla profilointi tehdään. Niihin kuuluu autosomaalisten markkerien lisäksi on sukupuolimarkkeri amelogenin (AMEL), jonka avulla selvitetään sukupuoli näytteestä. Amelogenin-geeni sijaitsee X-kromosomissa (*AMELX*) ja Y-kromosomissa (*AMELY*). Muita X- tai Y-kromosomeissa sijaitsevia mikrosatelliitteja voidaan myös hyödyntää tarvittaessa. Sukupuolikromosomien markkereita hyödynnetään erityisesti niiden periytymisominaisuuksien takia eli sukulaisuussuhteiden selvittämiseen tapauksissa, joissa niiden tuntemisesta on hyötyä tutkinnan kannalta. Y-kromosomin markkerit ovat yleisessä käytössä ja niitä hyödynnetään paljon enemmän kuin X-kromosomin markkereita. Molemmat ovat kuitenkin jatkuvasti esillä tieteellisissä tutkimuksissa ja julkaisuissa. Lisäksi on markkereita, jotka löytyvät sekä X- että Y-kromosomeista. Nämä ovat usein hyödyllisempiä kuin sukupuolikromosomispesifiset markkerit. Y-kromosomin käyttö rajoittuu isälinjaan ja X-kromosomien hyödyntämistä rajoittaa miesten hemitsygotia X-kromosomin suhteen. Sukupuolikromosomien mikrosatelliitteja hyödynnetään erityisesti esimerkiksi isyystesteissä, insestitutkinnoissa, kadonneiden henkilöiden sekä luonnonkatastrofien uhrien tunnistamisessa ja maahanmuuttoon liittyvissä tapauksissa.

Sukupuolikromosomi Y on vain miehillä (Diegoli, 2015). Se periytyy kokonaisuudessaan isältä pojalle, sillä rekombinaatiota tapahtuu hyvin vähän. Y-kromosomin markkerit paljastavat lähinnä sukulinjan eikä niinkään identiteettiä. Y-kromosomissa sijaitsevat markkerit ovat todella hyödyllisiä juuri isälinjojen selvittämisessä ja niitä hyödynnetään myös DNA-seoksien tutkimiseen, mikäli

mieshenkilö on tutkinnan kiinnostuksenkohteena ja näyte sisältää hyvin paljon naisen DNA:ta esimerkiksi raiskauksen tutkinnassa. Lisäksi niiden avulla tehdään isyystestejä. Y-kromosomin markkereita on jopa yhdistetty sukunimiin ja niiden avulla on mahdollista ennustaa epäillyn sukunimi (Gymrek ym., 2013).

Naiset perivät yhden X-kromosomin äidiltään ja toisen isältä (Diegoli, 2015). Toisin kuin Y-kromosomi, joka periytyy kokonaisena, kahden X-kromosomien välillä voi tapahtua rekombinaatiota meiosisin aikana. Miehet perivät yhden X-kromosomin äidiltään. X-kromosomien markerit ovat myös hyödyllisiä sukulaisuussuhteiden selvittämisessä, kun mukana on vähintään yksi nainen. Joissain tilanteissa henkilöiden välistä sukulaisuussuhdetta ei pystytä selvittämään autosomaalisten markerien avulla. Näin voi olla esimerkiksi silloin, jos jonkun perheenjäsenen DNA-näyte ei ole saatavilla. Tällöin voidaan usein hyödyntää X-STR:iä. Kyseessä voi olla esimerkiksi puolisisarukset tai isovanhempi ja lapsenlapsi.

DNA-profiloinnissa käytettävät STR-markerit vaihtelevat eri maissa. Yleensä niihin kuuluu noin 10–20 autosomaalista markkeria sekä sukupuolimarkkeri amelogenin (Roewer, 2013). Yhdysvalloissa Federal Bureau of Investigation (FBI) on vuodesta 2017 käyttänyt 20 autosomaalista STR-markkeria DNA-profiloinnin perustana (Katsanis, 2020). Yhteensä markkereita on 21, kun lasketaan mukaan sukupuolimarkkeri. Markerit on valittu niin, että ne ovat hyvin polymorfisia ja tarpeeksi uniikkeja yksilöntunnistukseen. Yhdistynyt kuningaskunta hyödyntää 17 markkeria. Euroopassa puolestaan oli alun perin vain seitsemän STR-markkeria (Welch ym., 2012). Tietokantojen kehittyminen ja maiden välinen datan jakaminen Prüm-sopimuksen myötä vaativat kuitenkin lisää STR-markkereita. Euroopassa on käytössä standardi STR-markerit, jotka kulkevat nimellä the European Standard Set (ESS). Siihen kuuluu alkuperäiset seitsemän markkeria sekä myöhemmin lisätyt viisi markkeria. Euroopan Unioni (EU) hyväksyi ne uudeksi ESS:ksi vuonna 2009. Nämä samat 12 markkeria löytyvät myös esimerkiksi FBI:n hyödyntämien 20 markkerin joukosta. Euroopassa toimii European Network of Forensic Science Institutes eli ENFSI, joka huolehtii tutkimusten laadusta ja ohjeistaa rikoslaboratorioita. ENFSI:n ideana on yhtenäistää forensisen tieteen alaa. Vaikka ESS:ään kuuluu 12 markkeria, monissa maissa käytetään kuitenkin enemmän markkereita.

DNA-profilointi mikrosatelliittien avulla tapahtuu yleisesti seuraavien työvaiheiden kautta. Ensin DNA eristetään ja kvantifoidaan eli selvitetään näytteen laatu ja DNA:n pitoisuus näytteessä (Udogadi ym., 2020). Tutkittavat DNA-alueet monistetaan PCR-menetelmällä hyödyntäen spesifisiä

alukkeita. Jotta PCR voidaan tehdä, monistettavan alueen ympärillä oleva muuttumaton sekvenssi on tunnettava. PCR-tuotteena muodostuneet fragmentit erotellaan ja luetaan kapillaarielektroforeesin (engl. capillary electrophoresis, CE) avulla. Myös geielektroforeesia käytetään, mutta CE on todettu paljon tehokkaammaksi. Saadun datan analysoinnissa hyödynnetään bioinformatiikkaa ja tuloksia voidaan verrata tietokantojen STR-profiileihin. Usein rikostutkinnassa on vertailunäyte epäillyltä, johon profiilia voidaan verrata. Rikostutkinnassa käytetään yleisesti kaupallisia ”kittettä” (engl. commercial kits), joiden kehittäminen on osaltaan vakiinnuttanut STR-märkkerien asemaa alan standardimenetelmänä (Keerti & Ninave, 2022). STR-analyysi perustuu myös siis pitkälti kaupallisten kittien valmistajien ohjeisiin.

2.2. Yhden nukleotidin polymorfismi ja genomien sekvensointi rikostutkinnassa

Snippejä käytetään laajasti lääketieteessä ja tieteellisessä tutkimuksessa sekä tietokannoissa (Katsanis, 2020). Niitä on pidetty mahdollisina mikrosatelliittien korvaajina, mutta mikrosatelliitit ovat pitäneet asemansa, sillä niihin perustuvat DNA-testit ovat halvempia ja nopeampia tehdä (Butler ym., 2007). DNA-testejä tehdään rutiinomaaisesti mikrosatelliiteilla, mutta snippejä käytetään erityistutkimuksissa kuten mtDNA:n (mitokondriaalinen DNA) tutkimuksissa tai fenotyyppien selvittämisessä. Snipeissä tutkittava alue on lyhyempi, minkä ansiosta tutkimuksen tekeminen onnistuu myös huonolaatuisesta DNA:sta. Snippejä tarvitaan kuitenkin suhteessa paljon enemmän kuin mikrosatelliitteja saman tiedon saavuttamiseksi. Butler ym. kertoo artikkelissaan, että snippejä tarvittaisiin 40–60, jotta päästäisiin samalle tasolle kuin 13–15 STR-märkkerillä. Snippien avulla on myös vaikeampi erottaa yksilöitä DNA-seoksista. Snipeillä on pienempi mutaationopeus kuin mikrosatelliiteilla, mikä tekee niistä vakaampia perinnöllisyystutkimuksissa.

Kaupalliset geenitestit perustuvat snippidataan (Kling ym., 2021). Jotta rikostutkinta voi hyödyntää geneettistä sukututkimusta, DNA-näytteistä on saatava tarvittava data tietokantahakuja varten. Tämä onnistuu käyttämällä samaa SNP-siruteknologiaa kuin geenitestiyritykset. Toinen vaihtoehto on sekvensoida genomi joko kokonaan (engl. whole genome sequencing, WGS) tai osittain kohdennetulla sekvensoinnilla (engl. targeted sequencing). Näihin käytetään rinnakkaissekvensointia (engl. massively parallel sequencing, MPS), joka tunnetaan myös uuden polven sekvensointimenetelmänä (engl. Next generation sequencing, NGS).

DNA-sirutekniikassa (engl. DNA microarray) pilkottu DNA-näyte lisätään levyille, johon on kiinnitetty tunnettuja DNA-pätkiä eli koettimia. Koettimet ovat komplementaarisia alueille, joita DNA:sta halutaan tutkia. Näytteen DNA pariutuu koettimien kanssa emäspariperiaatteen mukaisesti ja pariutumisen havaitsemiseen käytetään esimerkiksi fluoresoivaa väriä hyödyksi ja siru kuvataan. SNP-sirutekniikka (engl. SNP array) toimii samalla periaatteella, mutta sitä käytetään nimenomaan snippien löytämiseen. Suuri määrä snippejä voidaan analysoida yhden ajon aikana.

Tietokantahakuihin tarvittava snippidata saadaan myös koko genomin sekvensoinnilla. Koko genomin sekvensointi tapahtuu leikkaamalla DNA pienemmiksi fragmenteiksi ja muodostamalla niistä sekvensointikirjaston. Sen avulla genomi voidaan sekvensoida osissa ja lopuksi genomin DNA-sekvenssi muodostetaan näistä osista. Koko genomin sekvensoinnin dataa voidaan hyödyntää mihin tahansa SNP-paneeliin ilman, että tarvitaan spesifisiä alukkeita tai koettimia. Sekvensointimenetelmien kehittyessä ja hintojen laskiessa sitä käytetään yhä enemmän rikostutkinnassa. Lähtökohtaisesti STR-markkerien avulla saadaan tarpeeksi tietoa yksilöntunnistusta varten, mutta esimerkiksi identtisten kaksosten kohdalla vaaditaan kattavampi genomin sekvensointi, jotta heidät voidaan erottaa mutaatioiden perusteella. Genomin sekvensointi toimii hyvin myös pirstoutuneen DNA:n kohdalla, kun menetelmä vaatii muutenkin DNA:n leikkaamisen pienemmiksi fragmenteiksi. Koko genomin sekvensointi on kuitenkin edelleen kallista ja työlästä sekä useimmiten tutkinta ei vaadi niin kattavaa analyysiä. Kohdennettu sekvensointi vastaa koko genomin sekvensointia, mutta sen sijaan, että sekvensoidaan kaikki fragmentit, sekvensoidaan vain osa. Halutut fragmentit otetaan kiinni koettimien avulla, jotta ne voidaan sekvensoida. Etuna on, että voidaan tutkia vain tarvittavat fragmentit, mutta se vaatii koettimien suunnittelun. Kohdennettu sekvensointi on kuitenkin halvempi ja nopeampi vaihtoehto kuin koko genomin sekvensointi ja sitä voidaan myös käyttää huonolaatuisiin näytteisiin.

2.3. Mitokondriaalinen DNA

Mitokondrio on soluelin, joita on soluissa vaihteleva määrä. Ne sisältävät DNA:ta (mtDNA), jota on usein hyvin saatavilla biologisissa näytteissä (Court, 2021). Sitä hyödynnetään erityisesti silloin, kun nukleaarista DNA:ta ei ole saatavilla tai se on todella hajonnutta, kuten muinais-DNA:n kohdalla. Tutkinnan kohteena voi myös olla esimerkiksi luita tai hiuksia. Mitokondrioita voi olla solussa jopa tuhansia, jolloin mtDNA:ta on lähtökohtaisesti paljon enemmän kuin nukleaarista DNA:ta. MtDNA-tutkimuksissa mitokondrion DNA sekvensoidaan. Mitokondriot periytyvät maternaalisesti, joten

niiden avulla voidaan selvittää äitilinjoja. MtDNA:lla on myös suurempi mutaationopeus kuin nukleaarisella DNA:lla. Näiden periytymisominaisuuksien ja rekombinaation puutteen takia mtDNA pysyy suhteellisen muuttumattomana useita sukupolvia ja sen avulla pystytään varmistamaan sukulaisuus, vaikka välissä olisi useita sukupolvia. Eri ihmispopulaatioissa on myös erilainen mtDNA-tyyppi eli mitokondriaalinen haploryhmä. Haploryhmien avulla on esimerkiksi selvitetty, miten ihmiset ovat levittäytyneet maapallolle, ja ihmisiä voidaan niiden perusteella sijoittaa kartalle perimänsä mukaan. Usein yksilöllä on vain yhdenlaisia mitokondrioita, mutta myös heteroplasmiaa voi esiintyä. Heteroplasmiaassa yksilöllä on kaksi erilaista mtDNA haplotyyppiä (Roewer, 2013).

3. Tietokannat

Kun DNA-näyte on analysoitu, siitä saatu tieto tallennetaan erilaisiin DNA-tietokantoihin tai -rekistereihin. Tietokantoja on olemassa kansallisia valtioiden ylläpitämiä sekä kuluttajien käytössä olevia, kaupallisten geenifirmojen omia tietokantoja, joiden avulla tehdään geneettistä sukututkimusta. Kansalliset rikostutkinnan hyödyntämät tietokannat keskittyvät tuomittujen rikollisten DNA-näytteiden keräämiseen sekä epäiltyjen tunnistamiseen, kun taas kaupalliset tietokannat keskittyvät sukulaisuussuhteisiin. DNA-tietokantojen määrä on kasvanut valtavasti viimeisen 15 vuoden aikana (Katsanis, 2020). Tähän on vaikuttanut muutokset laeissa, jotka oikeuttavat DNA-näytteiden keräämisen rikosten epäilyiltä, sekä kaupallisten geenitestiä suuri suosio. Esimerkiksi Yhdysvalloissa pakollinen DNA-näytteiden kerääminen törkeisiin rikoksiin tuomituilta on lisääntynyt valtavasti ja kaikissa 50 osavaltiossa tuomituilta rikollisilta kerätään DNA-näytteet. Näytteiden määrä tietokannoissa on siis valtava ja pelkästään neljä merkittävintä kaupallista geneettisen sukututkimuksen yritystä on testannut jo yli 36 miljoonaa ihmistä (Kling ym., 2021). Kaupallisissa geenitesteissä hyödynnetään snippidataa ja koko genomien sekvensointia, kun puolestaan rikostutkinnassa DNA-profilien perustana ovat pääasiassa mikrosatelliitit.

3.1. Valtakunnalliset DNA-tietokannat

Valtioiden omat kansalliset DNA-tietokannat perustuvat STR-markkerien käyttöön (Roewer, 2013). Marraskuussa 1997 pidettiin STR-projektin kokous, jossa valittiin 13 STR-markkeria, jotka toimivat esimerkiksi CODIS-tietokannan perustana (Budowle ym., 1998). CODIS eli Combined DNA Index System on Yhdysvaltojen kansallinen DNA-tietokanta, joka on kehitetty 90-luvun lopussa teknisen rikostutkinnan käyttöön (Katsanis, 2020). CODIS on FBI:n perustama ja ylläpitämä tietokanta. Se

koostuu tuomittujen rikollisten, kadonneiden ihmisten ja rikospaikoilta löytyneistä DNA-näytteistä. Tietokannan perustaksi valittiin aiemmin mainitut 13 mikrosatelliittia, joiden avulla yksilöt voidaan tunnistaa. Vuonna 2017 mikrosatelliittien määrä nostettiin 20:een, mikä huomioi paremmin eri populaatiot ja lisäsi tietokantahakujen tarkkuutta.

CODIS toimii kolmella eri tasolla. Local DNA Index System (LDIS) toimii paikallisesti, State DNA Index System (SDIS) osavaltion tasolla ja National DNA Index System (NDIS) valtakunnallisesti. Jokainen taso toimii oman lainsäädännön alla ja osavaltioiden välillä on eroja esimerkiksi siinä, keneltä DNA-näyte voidaan ottaa. Paikallisella tasolla DNA-profiilit ladataan tietokantaan, osavaltion sisällä laboratoriot voivat jakaa tietoa keskenään ja NDIS mahdollistaa osavaltioiden välisen tiedonjakamisen. DNA-profiilien vertailu tapahtuu ensin paikallisella tasolla, ja mikäli se ei tuota tulosta, siirrytään osavaltion tai kansalliselle tasolle. CODIS on suunniteltu epäiltyjen tunnistamiseen, mutta sitä käytetään myös jonkin verran sukulaisuussuhteiden selvittämiseen esimerkiksi menehtyneiden ihmisten tunnistamisessa.

Isossa-Britanniassa ja Pohjois-Irlannissa toimii NDNAD eli the UK National Criminal Intelligence DNA Database (Amankwaa & McCartney, 2019). NDNAD on perustettu vuonna 1995 ja se on yksi vanhimmista ja suurimmista kansallisista DNA-tietokannoista. NDNAD sisältää yli 6 miljoonaa DNA-profiilia ja NDIS yli 14 miljoonaa. Euroopassa Euroopan neuvosto jättää jäsenmaiden päätettäväksi haluavatko ne käyttää DNA:ta rikostutkinnassa (Zieger, 2022). Suomessa DNA-rekisteriä ylläpitää keskusrikospoliisi (Himberg, 1999).

3.2. Kaupalliset geenitestit ja kuluttajien DNA-tietokannat

Kaupallisista geenitestausrityksistä neljä merkittäväintä ovat 23andMe, Ancestry.com, FTDNA ja MyHeritage. Ne tarjoavat kuluttajille SNP-siruun pohjautuvaa tietoa terveystarpeista ja perimästä sekä mahdollisuuden löytää sukulaisia. Nämä neljä suurinta yritystä ovat testanneet jo lähes 40 miljoonaa ihmistä ja määrä kasvaa jatkuvasti. Yritykset toimivat lähes maailmanlaajuisesti tai vähintäänkin monessa kymmenessä eri maassa. Kaupallisten geenitestien markkinat kehittyivät Yhdysvalloissa ja suuri osa alan yrityksistä sijaitsee siellä. Lisäksi löytyy vastaavia pienempiä yhtiöitä kuten Living DNA, joka keskittyy Isoon-Britanniaan ja Irlantiin.

Kaupallisten geenitestien yrityksissä käytetään yleisimmin Illuminan Infinium Global Screening Array:ta (GSA) (Kling ym., 2021). GSA:n avulla analysoidaan 654 027 snippiä (core set) ja näiden lisäksi voidaan vielä analysoida jopa 50 000 snippiä. Tarkoituksena on etsiä DNA-segmenttejä, jotka kaksi henkilöä ovat perineet yhteiseltä esi-isältä eli heillä on identtiset DNA-segmentit. Tällaista segmenttiä kutsutaan IBD:ksi (identical by descent). Mitä enemmän henkilöt jakavat näitä IBD-segmenttejä, sitä läheisempää sukua he ovat. Vaikka eri yritysten geenitestit perustuvat samaan teknologiaan, niillä kaikilla on omat tapansa ja algoritminsa tunnistaa IBD-segmenttejä. Yrityksillä on myös omat kriteerinsä osumille eli perusteet sille, milloin näytteet vastaavat tarpeeksi toisiaan ja henkilöiden voidaan sanoa olevan sukua. Yhteisen perimän kuvaamiseen käytetään senttimorgania (cM), joka kuvaa lokusten välistä etäisyyttä kromosomissa ja todennäköisyyttä, jolla niiden välillä voi tapahtua rekombinaatiota (Greytak ym., 2019). Nukleotidit, jotka ovat lähellä toisiaan, periytyvät todennäköisemmin yhdessä. Läheisillä sukulaisilla on pitkiä IBD-segmenttejä ja suuri cM-arvo. Mitä kaukaisempi sukulainen on kyseessä, sitä lyhyempiä IBD-segmentit ovat, sillä rekombinaatiota on ehtinyt tapahtua paljon. Jos cM-arvo on hyvin pieni, sukulaisuussuhde on epätodennäköinen. Eri yrityksillä on omat minimiarvot senttimorganien suhteen, mutta yleisesti yksikään niistä ei tuota osumaa, jos arvo on pienempi kuin 7 cM. Kaupallisia geenitestejä tarjoavat yritykset eivät paljasta tarkkaan, mitä menetelmiä ne käyttävät. Snippidatasta saadaan paljon informaatiota, mikä mahdollistaa myös kaukaisempien sukulaisten löytämisen. Sukulaisten etsiminen on mahdollista myös muilla menetelmillä, mutta kuluttajien genomipalveluista yksikään ei tällä hetkellä käytä muuta kuin edellä mainittuja (Kling ym., 2021).

AncestryDNA (Ancestry.com) on ylivoimaisesti suurin kaupallisten geenitestien yritys ja sillä on noin 20 miljoonaa profiilia tietokannassaan. Seuraavaksi isoin on 23andMe, jolla on 12 miljoonaa käyttäjää. MyHeritage 4,5 miljoonaa profiilia ja se hyväksyy datan siirron muista yrityksistä. FamilyTreeDNA eli FTDNA oli ensimmäinen geenitestejä kuluttajille tarjoava yritys Yhdysvalloissa ja se perustettiin vuonna 2000. FTDNA tietokannassa on noin 1,4 miljoonaa profiilia ja yhtiö hyväksyy datalataukset muista yrityksistä sekä kolmansien osapuolien tekemät lataukset. FTDNA tekee yhteistyötä FBI:n kanssa ja käyttäjille tarjotaan mahdollisuus jäädä pois mahdollisista virkavallan tekemistä hauista.

Kuluttajien käytössä on kaupallisten geenitestien lisäksi niin kutsuttuja kolmannen osapuolen palveluita (Greytak ym., 2019). Nämä kolmannet osapuolet eivät myy geenitestejä, mutta ylläpitävät tietokantoja, joihin ihmiset voivat ladata perimätietonsa ja verrata niitä muiden sivuston käyttäjien tietoihin (Kling ym., 2021). Näistä merkittävin on GEDmatch, jota on hyödynnetty paljon

rikostutkinnassa, minkä takia se on saanut paljon huomiota viime vuosina. GEDmatch on kahden sukututkijan, Curtis Rogersin ja John Olsonin, harrastuksena pyörittämä sivusto, joka tarjoaa työkalut geneettiseen sukututkimukseen (Kennett, 2019; Kling ym., 2021). Kuluttajat voivat riippumatta siitä, minkä yrityksen geenitestin tekevät, ladata DNA-tietonsa sivustolle ja verrata niitä muihin sivuston profileihin. GEDmatch hyväksyy SNP-profileja eri yrityksiltä, mutta vaatimuksena on kuitenkin, että näytteet täyttävät tietyt laatuksiteerit. Myös rikostutkinta hyödyntää tätä mahdollisuutta. Esimerkiksi ”Golden State Killer” -nimellä tunnettu sarjamurhaaja löydettiin kaukaisten sukulaisten avulla juuri GEDmatch sivustoa hyödyntäen kts. kappale 4.

4. Geneettinen sukututkimus rikostutkinnassa

Geneettinen sukututkimus eli geneettinen genealogia on perinteisen sukututkimuksen yhdistämistä geneettiseen tietoon (Kling ym., 2021). Kaupalliset geenitestit ovat tuoneet uuden puolen perinteiseen sukututkimukseen ja biologisia sukulaisuussuhteita tutkitaan yritysten tarjoamien DNA-testien avulla. Geneettistä sukututkimusta hyödynnetään myös rikostutkinnassa ja englannin kielessä käytetään termiä *investigative genetic genealogy* (IGG). IGG:n avulla etsitään esimerkiksi epäillyn tai kadonneen henkilön sukulaisia ja se on nopeasti kasvava ala osana forensista tiedettä. Kun tuntematonta näytettä lähdetään selvittämään sukulaisten kautta, käytetään termiä *familial searching*. DNA-profiili voidaan ladata tietokantaan ja etsiä sukulaisia, joiden avulla henkilön identiteetti saadaan selville.

Lähtökohtaisesti geneettinen sukututkimus on ollut harrastelijoiden ja omasta suvustaan kiinnostuneiden ihmisten suosiossa. Geneettisen sukututkimuksen avulla ihmiset ovat onnistuneet löytämään esimerkiksi biologisia vanhempiaan tai tuntemattomia sisarpuolia, joten oli vain ajan kysymys, milloin sitä aletaan hyödyntämään myös rikostutkinnassa. Geneettisen sukututkimuksen hyödyntäminen rikostutkinnassa vaatii sen, että näytteistä saadaan tarpeeksi korkeatasoista snippidataa tietokantojen hakuja varten (Kennett, 2019; Kling ym., 2021). Snippidatasta saatava tieto yhdistetään sukupuututkimukseen ja niiden avulla sukulaiset löytävät toisensa. IGG on erityisen hyödyllinen selvittämättömien rikosten kanssa, joiden tutkinnat ovat ajautuneet umpikujaan. Sen avulla saadaan uusia johtolankoja tutkintaan ja selvitettyä rikoksia, jotka olisivat muuten jääneet selvittämättä. Menetelmä on usein kuitenkin työläs, mikäli tietokantahaku antaa vain kaukaisia sukulaisia.

Viime vuosina erityisen merkittävä tapaus geneettisen sukututkimuksen ja rikostutkimuksen kannalta on ollut Golden State Killer -nimellä tunnettu tapaus (Katsanis, 2020). Golden State Killer eli Joseph James DeAngelo (tunnetaan myös nimillä East Area Rapist, Diamond Knot Killer ja Original Night Stalker) on entinen poliisi ja syyllinen useisiin raiskauksiin, murhiin ja murtovarkauksiin. Tapaukselle on useita eri nimiä sen takia, että niitä luultiin aluksi erillisiksi, kunnes DNA-testit osoittivat saman tekijän. Golden State Killer -tapauksessa hyödynnettiin Yhdysvaltojen kansallista DNA-tietokantaa sekä geneettistä sukututkimusta GEDmatch-sivuston kautta. Tekijän DNA-näyte ladattiin GEDmatch-sivustolle ja tutkijat onnistuivat kaukaisten sukulaisten perusteella muodostamaan mahdollisia sukupuita ja rajaamaan tapauksen kahteen epäiltyyn, joista DeAngelo vastasi rikospaikoilta kerättyjä DNA-näytteitä. Tapaus mullisti tavan, jolla selvittämättömiä rikoksia lähdetään tutkimaan ja todisti DNA-tietokantojen hyödyn. DeAngelo pidätettiin vuonna 2018 ja tapaus sai paljon huomiota ympäri maailman. Se nosti esiin myös eettisiä kysymyksiä julkisten geenitietokantojen käytöstä tutkimisissa ja miten ihmiset suhtautuvat geneettiseen tietoon verkossa.

5. Tietosuoja ja turvallisuus

Geneettisiin menetelmiin ja tietokantoihin liittyy paljon eettisiä kysymyksiä (Katsanis, 2020). Miten voidaan turvata ihmisten yksityisyys, tutkimuksen oikeudenmukaisuus ja ihmisten suostumus tutkimuksiin. Rikostutkinnassa perinteisesti hyödynnetty DNA-profilointi ja DNA-sormenjälki eivät ole läheskään yhtä tungettelevia kuin esimerkiksi geneettinen sukututkimus ja sen hyödyntäminen rikostutkinnassa. DNA-profiloinnin tarkoituksena on lähinnä vertailla näytteitä keskenään ja vahvistaa henkilöllisyys. Kaupallisten geenitestien kohdalla taas selvitetään sukulaisuussuhteita ja esimerkiksi alttiuksia joillekin sairauksille. DNA-näytteestä saatava tieto on siis arkaluontoisempaa ja sukulaisuusuhdeiden kohdalla se koskee myös muita ihmisiä kuin vaan geenitestin tekijää. Testit eivät paljasta tietoa vaan niiden tekijästä, mutta myös henkilön sukulaisista. Rikostutkimuksen STR-markkerit on suunniteltu niin, että niistä saadaan tarpeeksi tietoa yksilön tunnistamiseen, mutta ei henkilökohtaista informaatio esim. mahdollisista sairauksista (Kennett, 2019). Geneettisen sukututkimuksen hyödyntämistä snipeistä saadaan taas enemmän tietoa.

DNA-menetelmät ovat tulleet osaksi rikostutkimusta jo 80-luvulla ja rikostutkinnassa on tarkkaan määritelty, keneltä DNA-näyte voidaan ottaa ja miten DNA-analyysi tulee tehdä, jotta tulos on pätevä todiste oikeudessa. DNA:n käyttö on tarkemmin rajoitettu. Kaupallisten geenitestien ja harrastepohjaisen sukututkimuksen kohdalla teknologia on kehittynyt hyvin nopeasti ja suoja-

tietokantojen turvalliseen käyttöön eivät ole samalla tavalla pysyneet kehityksen tahdissa (Kennett, 2019). Geenitestien yhä yleistyessä on suuri tarve kansainvälisille ohjeille ja käytännöille, joilla voidaan varmistaa DNA:n vastuullinen hyödyntäminen. Geenitestejä tarjoavat yritykset jakavat tietoja vaihtelevasti virkavallalle. Raakadataa ei kuitenkaan yleensä luovuteta rikostutkintaan, mutta on silti olemassa riski arkaluontoisen tiedon leviämisestä. Sivustojen käyttäjien on hyväksyttävä käyttöehdot, joissa kerrotaan mahdollisuus joutua osaksi poliisin tutkintaa.

DNA-tietokantoihin kuuluu myös aina riski tietovuodosta. Varsinkin pienet yritykset ovat erityisen alttiita hakkeroinnille ja tietomurroille, sillä niillä ei usein ole resursseja varautua kyseisiin hyökkäyksiin. Esimerkiksi GEDmatch, joka on saanut paljon mediahuomiota, on mahdollinen hyökkäyksen kohde. Tietovuoto voi vaarantaa meneillä olevat tutkinnat ja se on myös yksityisyyden loukkaus sivuston käyttäjiä kohtaan. Lisäksi on mahdollista, että sivustolle ladataan niin kutsuttuja synteettisiä profileja, jotka on tehty vain vääristämään tuloksia tai mahdollisesti häiritsemään tutkintaa. Yritysten on vaikea rajoittaa, kuka sivustolle lataa DNA-tietonsa.

Toinen merkittävä riski geneettisessä sukututkimuksessa on se, että se toimii pitkälti harrastepohjalla (Kennett, 2019). Sukututkimukseen on olemassa joitain koulutuksia, mutta alalta puuttuu tietynlainen ammattitaito. Vain harva tekee sukututkimusta ammatikseen ja vielä harvemmallalla on tarvittavat taidot sukututkimukseen, jota voidaan hyödyntää rikostutkinnassa. Sukututkimuksen laatu on siis vaikea taata, koska alalla ei ole tiettyjä standardeja tutkimuksen tasoon. Ammattitaidon ja koulutuksen puute lisäävät osaltaan myös riskiä yksityisyyden loukkauksille. Ratkaisemattomien rikosten selvittämiseen sukututkimuksen avulla osallistuu myös paljon vapaaehtoisia, jotka tekevät itse sukututkimusta. Vapaaehtoisten kanssa työskentely tuo omat riskinsä tietovuotoihin. Joku vapaaehtoisista voi esimerkiksi tuntea uhrin, epäillyn tai olla jopa sukua, mikä voi vaarantaa tutkinnan. Lisäksi sukututkimuksessa on aina virheiden riski. Kaikki geneettisen sukututkimuksen avulla saadut johtolangat tarkistetaan kuitenkin aina DNA-testillä.

Perheen ja sukulaisten etsiminen (familial searching) tietokannoista aiheuttaa erityisesti huolta tutkinnan eettisyydestä, sillä tutkinta kohdistuu nimenomaan epäillyn sukulaisiin. Tämän menetelmän käyttöä onkin rajoitettu useassa maassa, ja esimerkiksi Yhdysvalloissa osavaltiot ovat asettaneet omia rajoituksia sen käyttämiselle. Viattomat ihmiset voivat joutua osaksi rikostutkintaa sukulaistensa kautta, vaikka eivät itse lataisi DNA-tietojaan mihinkään sivustolle. Etenkin CODIS-tietokannan käytössä huolta aiheuttaa myös se, että tietyt etniset ryhmät ovat yliedustettuina ja näin herkemmin alttiita osuville. Yleisesti tietokantojen ja DNA:n hyödyntämiseen suhtaudutaan sitä

myönteisemmin, mitä vakavampi rikos on kyseessä. Yhdysvalloissa tehtiin kysely, jonka mukaan suurin osa ihmisistä suhtautuu myönteisesti sukututkimuksen tietokantojen hyödyntämiseen, mikäli kyseessä on vakavan rikoksen epäillyn etsiminen, lapsiin kohdistuva rikos tai etsitään kadonnutta henkilöä.

6. Rikostutkinta tulevaisuudessa

Butler käsittelee artikkelissaan *The Future of Forensic DNA analysis*, miltä DNA:n hyödyntäminen rikostutkinnassa voisi näyttää tulevaisuudessa (Butler, 2015). Tärkeimpiä tulevaisuuden tavoitteita alalla on saada nopeammin tuloksia, näytteistä enemmän ja tarkempaa tietoa sekä parempia johtopäätöksiä erityisesti haastavista näytteistä. Myös esimerkiksi tutkimusten hinnoilla on merkittävä vaikutus. STR-markkerit todennäköisesti pitävät paikkansa käytetyimpänä analyysimenetelmänä ja SNP-markkereita käytetään luultavasti edelleen erityistapauksissa tai tarkemman informaation tarpeessa.

Automaatio mahdollistaa nopeat tulokset. Vaikka viime vuosina DNA-profilointijärjestelmä on automatisoitunut, teknologiassa on silti kehitettävää. Rikostutkinnassa on tarve DNA-testeille, joita voitaisiin tehdä jo esimerkiksi poliisiasemalla sinä aikana, kun epäilty on kiinniotettuna. Tavoitteena olisi siis valmistaa DNA-testejä, joita voidaan tehdä ilman laboratorioympäristöä. Nopeuteen liittyy myös reaaliaikaiset tietokantahaut.

Teknologiaiden kehittyessä voidaan odottaa, että DNA-näytteistä saadaan yhä enemmän tietoa ja kehitetään yhä herkempiä ja tarkempia menetelmiä. PCR:n aikana voi tapahtua esimerkiksi valikoivaa fragmenttien monistumista, jolloin joku yksi tietty fragmentti monistuu enemmän. Lisäksi voi tapahtua *allele drop-out* eli jotain alleelia ei pystytä havaitsemaan ollenkaan. Tutkimuksissa olisikin siis tärkeää saada tarkkoja tuloksia, jotta tulosten tulkinta ei vaikeudu. Epävarmuus tuloksista tekee epäiltyjen poissulkemisesta vaikeaa. Erityisesti haastavien ja huonolaatuisten näytteiden tulkintaa halutaan kehittää ja tuloksista toivotaan vahvempia johtopäätöksiä. Lisääntyvä tiedon määrä näytteistä voi toisaalta myös hankaloittaa ja monimutkaistaa tuloksien tulkintaa. Informaatiota saadaan enemmän lisäämällä markkerien määrää. Vaikka tämä olisi teknologian kannalta täysin mahdollista, sen hyödyistä ei ole varmuutta. Jos dataa kerätään rutiininomaisesti yhä enemmän, se vaatii enemmän aikaa ja vaivaa tutkijoilta sekä vaikeuttaa tuloksien analysointia. DNA-profilointia on kuitenkin tehty onnistuneesti nykyisillä markkereilla jo vuosia. Ala tulee kehittymään sitä mukaan,

kun DNA-teknologiat kehittyvät. Vaikka jokin menetelmä olisi tieteellisen tutkimuksen kannalta todella hyödyllinen ja toisi paljon informaatiota, se ei välttämättä ole käytännöllinen rikostutkinnassa.

Valtakunnallisten tietokantojen osalta menetelmiä halutaan yhtenäistää. STR-markkerit ovat rutiinikäytössä rikoslaboratorioissa ympäri maailmaa, mutta käytössä on kuitenkin eri markkereita. Kansainvälinen datan jakaminen helpottuu, kun käytössä on samat markkerit. Lisäksi tietokantojen käyttöä ja sukulaisten etsimistä DNA-tiedon perusteella tullaan luultavasti rajoittamaan ja säätelemään. DNA-tietoihin liittyy tietoturvariski ja geneettinen sukututkimus rikostutkinnan menetelmänä on vielä niin uusi osa-alue, että sen riskejä ei vielä tunneta. Alalle tarvitaan myös enemmän yhteistyötä eri rikostutkinnan osa-alueiden välille.

Yksi iso tekijä vaikuttamassa rikostutkintaan ja teknologian kehittymiseen on DNA-tutkimusten hinta. Alalle tarvitaan lisää kilpailua, jotta hinnat laskevat. Kilpailun lisäksi hintaan vaikuttavat merkittävästi myös laboratorioiden keskittäminen sekä tiedonvälitys. Laboratoriotutkimusten keskittäminen yhteen keskukseseen vaikuttaa tehokkaammalta kuin monen pienen yksikön ylläpitäminen.

7. Yhteenveto

DNA:n hyödyntäminen on tärkeä osa rikostutkintaa ja sen menetelmät kehittyvät jatkuvasti. STR-markkereilla tehdään rutiininomaisesti DNA-profilointia, mutta alalle on tullut myös uusia keinoja rikosten ratkaisemiseksi. Geneettistä sukututkimusta hyödynnetään koko ajan enemmän ja sukulaisia etsimällä saadaan tärkeitä johtolankoja. Erilaiset tietokannat ovat myös tulleet oleelliseksi osaksi tutkintoja ja niiden käyttöön liittyy paljon kysymyksiä. Ihmisen genomi sisältää paljon informaatiota ja tarvitaan säädöksiä, joiden avulla varmistetaan sen vastuullinen käyttö. Rikostutkinta kehittyi teknologian mukana ja tulevaisuudessa DNA:ta hyödynnetään varmasti yhä laajemmin.

Lähdeluettelo

- Amankwaa, A. O., & McCartney, C. (2019). The effectiveness of the UK national DNA database. *Forensic Science International: Synergy*, *1*, 45–55.
<https://doi.org/10.1016/j.fsisyn.2019.03.004>
- Budowle, B., Moretti, T. R., Niezgoda, S. J., & Brown, B. L. (1998). CODIS and PCR-based short tandem repeat loci: law enforcement tools. In *Second European symposium on human identification* (Vol. 7388) Promega Corporation, Madison, Wisconsin.
- Butler, J. M. (2015). The future of forensic DNA analysis. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, *370*(1674). <https://doi.org/10.1098/rstb.2014.0252>
- Butler, J. M., Coble, M. D., & Vallone, P. M. (2007). STRs vs. SNPs: Thoughts on the future of forensic DNA testing. *Forensic Science, Medicine, and Pathology*, *3*(3), 200–205.
<https://doi.org/10.1007/s12024-007-0018-1>
- Court, D. S. (2021). Mitochondrial dna in forensic use. Teoksessa *Emerging Topics in Life Sciences* (Vsk. 5, Numero 3, ss. 415–426). Portland Press Ltd. <https://doi.org/10.1042/ETLS20210204>
- Diegoli, T. M. (2015). Forensic typing of short tandem repeat markers on the X and Y chromosomes. *Forensic Science International: Genetics*, *18*, 140–151.
<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.03.013>
- Greytak, E. M., Moore, C. C., & Armentrout, S. L. (2019). Genetic genealogy for cold case and active investigations. *Forensic Science International*, *299*, 103–113.
<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2019.03.039>
- Gymrek, M., McGuire, A. L., Golan, D., Halperin, E., & Erlich, Y. (2013). Identifying Personal Genomes by Surname Inference. *Science*, *339*(6117), 321–324.
<https://doi.org/10.1126/science.1229566>
- Himberg, K. (1999). Laboratorio auttaa rikostutkijaa. *Lääketieteellinen Aikakauskirja Duodecim*.
<https://www.duodecimlehti.fi/duo90390>
- Katsanis, S. H. (2020). *Pedigrees and Perpetrators: Uses of DNA and Genealogy in Forensic Investigations*. <https://doi.org/10.1146/annurev-genom-111819>
- Keerti, A., & Ninave, S. (2022). DNA Fingerprinting: Use of Autosomal Short Tandem Repeats in Forensic DNA Typing. *Cureus*. <https://doi.org/10.7759/cureus.30210>
- Kennett, D. (2019). Using genetic genealogy databases in missing persons cases and to develop suspect leads in violent crimes. *Forensic Science International*, *301*, 107–117.
<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2019.05.016>

- Kling, D., Phillips, C., Kennett, D., & Tillmar, A. (2021). Investigative genetic genealogy: Current methods, knowledge and practice. Teoksessa *Forensic Science International: Genetics* (Vsk. 52). Elsevier Ireland Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2021.102474>
- Roewer, L. (2013). DNA fingerprinting in forensics: Past, present, future. Teoksessa *Investigative Genetics* (Vsk. 4, Numero 1). <https://doi.org/10.1186/2041-2223-4-22>
- Udogadi, N. S., Abdullahi, M. K., Bukola, A. T., Imose, O. P., & Esewi, A. D. (2020). Forensic dna profiling: Autosomal short tandem repeat as a prominent marker in crime investigation. Teoksessa *Malaysian Journal of Medical Sciences* (Vsk. 27, Numero 4, ss. 22–35). Penerbit Universiti Sains Malaysia. <https://doi.org/10.21315/mjms2020.27.4.3>
- Welch, L. A., Gill, P., Phillips, C., Ansell, R., Morling, N., Parson, W., Palo, J. U., & Bastisch, I. (2012). European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI): Evaluation of new commercial STR multiplexes that include the European Standard Set (ESS) of markers. *Forensic Science International: Genetics*, 6(6), 819–826. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2012.03.005>
- Yang, Y., Xie, B., & Yan, J. (2014). Application of next-generation sequencing technology in forensic science. Teoksessa *Genomics, Proteomics and Bioinformatics* (Vsk. 12, Numero 5, ss. 190–197). Beijing Genomics Institute. <https://doi.org/10.1016/j.gpb.2014.09.001>
- Zieger, M. (2022). Forensic DNA phenotyping in Europe: How far may it go? *Journal of Law and the Biosciences*, 9(2). <https://doi.org/10.1093/jlb/ljac024>