

De nieuwe DNA-wet: een grote stap voorwaarts voor het DNA-onderzoek in Belgische strafdossiers

BEATRIJS VANHOYDONCK^a & PIERRE VAN RENTERGHEM^b

^a Gerechtelijk deskundige Nationale DNA-databanken, NICC – Vilvoordsesteenweg 100 – 1120 Brussel – beatrijs.vanhooydonck@just.fgov.be

^b Directeur-Generaal, NICC – Vilvoordsesteenweg 100 – 1120 Brussel

1. INLEIDING

Op 18 oktober 2023 werd het wetsontwerp houdende wijziging van het Wetboek van strafvordering en van de wet van 22 maart 1999 betreffende de identificatieprocedure via DNA-onderzoek in strafzaken, ingediend door de regering¹. De oorspronkelijke wetgeving van 1999 omtrent het gebruik van DNA-profielen en DNA-vergelijkingen in het kader van gerechtelijke strafdossiers, ingeschreven in het Wetboek van strafvordering, en de oprichting van de nationale DNA-databanken Criminalistiek en Veroordeelden, de zogenaamde DNA-wet, werd reeds gemoderniseerd in 2011². Het doel van deze aanpassingen was voornamelijk een optimalisatie en vereenvoudiging van de identificatieprocedure. De wet en DNA-KB van 2013, traden in werking op 1 januari 2014. In tussentijd werd o.a. ook de oprichting van de DNA-databank Vermiste Personen voorzien in de wet van 21 december 2013³. Nadat deze op 1 juli 2017 in voege trad, is de DNA-databank Vermiste Personen effectief operationeel sinds 1 juli 2018.

De reeks voorgestelde aanpassingen in het wetsontwerp van 18 oktober 2023 aan de tot op heden geldende DNA-wetgeving zijn, in tegenstelling tot de eerste reeks aanpassingen, eerder van technisch-wetenschappelijke aard. Deze voorstellen werden aangereikt door de DNA-evaluatiecommissie⁴ in haar memorandum van 10 maart 2022. De onderstaande aanbevelingen werden ingeschreven in het wetsontwerp:

1. Uitbreiding van de automatische internationale uitwisseling van DNA-profielen met betrekking tot de (in)directe identificatie van onbekende overledenen en de opsporing van vermiste personen
2. Mogelijkheid tot familiale zoeking en het opstellen, registreren en vergelijken van Y-STR profielen en mitochondriale DNA-profielen

1 Parlementair document 55K3620 – Wetsontwerp houdende wijziging van het Wetboek van strafvordering en van de wet van 22 maart 1999 betreffende de identificatieprocedure via DNA onderzoek in strafzaken. Ingediend op 18/10/2023.

2 Wet van 7 november 2011 houdende wijziging van het Wetboek van strafvordering en van de wet van 22 maart 1999 betreffende de identificatieprocedure via DNA-onderzoek in strafzaken.

3 Voor een volledig overzicht van de wijzigingen en toevoegingen met betrekking tot DNA onderzoek in strafzaken, zie parlementair document 55K3620/001 en Omzendbrief COL.21/2013 herziene versie 15/03/2023.

4 Zoals vastgelegd in het Koninklijk Besluit houdende samenstelling van de evaluatiecommissie voor het DNA-onderzoek van 21 december 2018 wordt de DNA-evaluatiecommissie geacht advies te verstrekken aan de Minister van Justitie aangaande technisch-wetenschappelijke en juridische kwesties die verband houden met DNA onderzoek in strafzaken. De commissie wordt voorgezeten door de Directeur-Generaal van het NICC en bevat leden die het DNA-labo en de DNA-databanken van het NICC vertegenwoordigen, forensische DNA-experten van een aantal Belgische universiteiten, de federale procureur en de directeur van de centrale directie van de technische en wetenschappelijke politie van de federale gerechtelijke politie.

3. Systematisch opstellen van Y-STR profielen van aangetroffen sporen, verdachten en veroordeelden in het kader van dossiers van seksueel geweld
4. DNA-fenotypering
5. Verlengen bewaartermijn van referentiestalen en daaruit afgeleide stalen die DNA bevatten

Bovendien worden ook de nodige aanpassingen aan de wetgeving voorzien naar aanleiding van de wijzigingen die werden aangebracht aan het Strafwetboek met betrekking tot het seksueel strafrecht⁵.

Opmerkelijk in het wetsontwerp is de schrapping van de term ‘niet-coderend’ bij het omschrijven van het specifiek deel van het menselijk DNA dat mag geanalyseerd worden in het kader van DNA-onderzoek in strafzaken. Het onderscheid tussen coderende en niet-coderende regio’s van het DNA blijkt immers niet zo zwart-wit met betrekking tot de betekenis die er oorspronkelijk werd beoogd. Coderende sequenties van het DNA worden omschreven als de delen van het DNA die strikt genomen coderen voor eiwitten en die informatie geven over het fenotype (i.e. waarneembare kenmerken) van een persoon. Niet-coderende sequenties daarentegen werden verondersteld geen informatie te geven over een persoons fenotype. Recente wetenschappelijke studies tonen echter aan dat dit onderscheid niet zo eenduidig is en dat er ook delen binnen de zogenaamde niet-coderende regio’s een functionele rol kunnen hebben, via bijvoorbeeld genregulatie en -expressie (Gymrek et al. 2016, Samuel & Prainsack 2018, Cohen 2022, zie ook Zieger 2022). Met andere woorden het onderscheid tussen coderende en niet-coderende sequenties vertaalt zich niet eenduidig in wel en geen informatie over een persoons fenotype. In navolging van aanbevelingen gedaan op Europees niveau (Samuel & Prainsack 2020) wordt er wel expliciet gespecificeerd dat de uitgevoerde DNA-analyses op geen enkele manier informatie mogen bevatten met betrekking tot de gezondheidstoestand of de aanwezigheid van een erfelijke aandoening van de persoon.

In dit artikel willen we een algemeen beeld schetsen van de nieuwigheden in de DNA-wet in zijn totaliteit en dit vanuit technisch-wetenschappelijk perspectief. Dit heeft tot gevolg dat de bespreking per topic eerder beperkt is. De nadruk wordt bovendien gelegd op de veranderingen die betrekking hebben op de werking van de DNA-databanken (aanpassingen 1 tot en met 3). Voor meer technisch-wetenschappelijke details over alle 5 de aanpassingen verwijzen we in onderstaande tekst uitgebreid naar de relevante vakliteratuur.

2. AANPASSINGEN DNA-WET: TECHNISCH-WETENSCHAPPELIJK PERSPECTIEF

2.1 *Uitbreiding automatische internationale uitwisseling Vermiste Personen*

De tot op heden geldende DNA-wet⁶ voorziet dat het NICC de exclusieve bevoegdheid heeft om DNA-profielen internationaal uit te wisselen volgens het verdrag van Prüm⁷ zoals vast-

5 Wet van 21 maart 2022 houdende wijzigingen aan het Strafwetboek met betrekking tot het seksueel strafrecht.

6 Wet van 7 november 2011 houdende wijziging van het Wetboek van Strafvordering en van de wet van 22 maart 1999 betreffende de identificatieprocedure via DNA-onderzoek in strafzaken.

7 EU Raadsbesluit 2008/615/JBZ van 23 juni 2008 inzake de intensivering van de grensoverschrijdende samenwerking, in het bijzonder ter bestrijding van terrorisme en grensoverschrijdende criminaliteit.

gelegd in de EU raadsbesluiten 2008/615/JBZ en 2008/616/JBZ⁸. De raadsbesluiten speciëren dat de Prüm uitwisseling enkel tot doel heeft om DNA-profielen opgesteld in het kader van een strafrechtelijk dossier automatisch te vergelijken tussen Europese lidstaten met het oog op een directe identificatie. Deze specificaties zorgen er echter voor dat de uitwisseling van DNA-profielen met betrekking tot vermiste personen en niet-geïdentificeerde lichaamsresten op twee vlakken spaak loopt.

Eenzijds vallen verdwijningsdossiers⁹, in tegenstelling tot wat het geval is in België, niet in alle 29 Prüm-operationele landen¹⁰ onder het strafrecht. Zo wordt er in negen van deze landen geen enkel DNA-profiel noch van een niet-geïdentificeerd lichaamsrest, noch van een vermiste persoon uitgewisseld; in vijf landen worden enkel DNA-profielen van niet-geïdentificeerde lichaamsresten uitgewisseld (cf. Note 5001/3/23 – General Secretariat of the Council of the European Union – IXIM d.d. 04/10/2023). Bovendien wordt in Nederland een onderscheid gemaakt tussen criminele en (veronderstelde) niet-criminele verdwijningen of overlijdens. Enkel de DNA-profielen uit de eerste categorie worden via Prüm vergeleken. Voor België kan de situatie met betrekking tot de internationale uitwisseling van DNA-profielen van vermiste personen en niet-geïdentificeerde lichaamsresten dan ook problematisch genoemd worden: onze buurlanden waarmee de meeste linken kunnen verwacht worden, wisselen geen (i.e. Duitsland, Luxemburg, Verenigd Koninkrijk) of slechts in beperkte mate (i.e. Frankrijk, Nederland) DNA-profielen van niet-geïdentificeerde lichaamsresten en vermiste personen uit.

Anderzijds kunnen verwanten van vermiste personen niet uitgewisseld worden aangezien de Prüm uitwisseling enkel geschikt is voor directe (1:1 vergelijkingen) tussen enkelvoudige DNA-profielen. Indirecte vergelijkingen, via een stamboomanalyse, zoals deze gebeuren met betrekking tot de verwanten van een vermiste persoon zijn onmogelijk via Prüm en dus uitgesloten voor een (automatische) internationale vergelijking.

In de nieuwe DNA-wet worden beide beperkingen opgevangen door de internationale uitwisseling volgens Prüm met betrekking tot de DNA-profielen geregistreerd in de DNA-databank Vermiste Personen uit te breiden met de uitwisseling met twee DNA-databanken beheerd door Interpol. De eerste (algemene) DNA-databank Interpol, operationeel sinds 2002, bevat DNA-profielen van daders, sporen gevrijwaard op een plaats delict, vermiste personen en niet-geïdentificeerde lichaamsresten. Alle vergelijkingen gebeuren direct (1:1). De DNA-profielen van vermiste personen worden enkel vergeleken met de DNA-profielen van niet-geïdentificeerde lichaamsresten, dewelke op hun beurt vergeleken worden met alle DNA-profielen geregistreerd in deze DNA-databank (cf. Projectsheet – The Interpol DNA Gateway – 2017). De Interpol DNA-databank bevatte in oktober 2023 meer dan 12 700 DNA-profielen van niet-geïdentificeerde lichaamsresten en meer dan 1 500 DNA-profielen van vermiste personen, aangeleverd door respectievelijk 67 en 46 landen wereldwijd. Dit leidde reeds tot 39 (mogelijke) overeenkomsten waarin een DNA-profiel van een niet-geïdentificeerd lichaamsrest en/of van een vermiste persoon betrokken was (pers. comm. Dr. François-Xavier Laurent, DNA-database Manager, Interpol, Lyon).

8 Wijzigingen zijn voorzien in de zogenaamde Prüm II verordening maar zijn nog niet definitief goedgekeurd en/of operationeel. Zie laatste verslag in document 16314/23 – General Secretariat of the Council of the European Union – IXIM d.d. 04/12/2023

9 Onder verdwijningsdossiers worden hier gerechtelijke dossiers met betrekking tot onrustwekkende verdwijningen en het aantreffen van niet-geïdentificeerde lichamen begrepen.

10 Dit omvat de 27 EU lidstaten en Noorwegen en het Verenigd Koninkrijk.

De tweede Interpol DNA-databank, I-Familia, bevat DNA-profielen van niet-geïdentificeerde lichaamsresten en verwanten van een vermiste persoon (cf. I-Familia Database brochure – 2021). De vergelijking in deze DNA-databank gebeurt uitsluitend indirect tussen enerzijds de DNA-profielen van de verwanten in stamboom configuratie en anderzijds de DNA-profielen van de niet-geïdentificeerde lichaamsresten. I-Familia werd opgericht in 2022 en is de tot op heden enige manier om op een geautomatiseerde, wetenschappelijk onderbouwde manier DNA-profielen van verwanten van een vermiste persoon en DNA-profielen van niet-geïdentificeerde lichaamsresten indirect met elkaar te vergelijken op internationaal niveau (Laurent et al. 2022). Begin augustus 2023 bevatte I-Familia 11 243 DNA-profielen van niet-geïdentificeerde lichaamsresten aangeleverd door 64 landen wereldwijd en 1 376 DNA-profielen van verwanten van een vermiste persoon uit 41 landen wereldwijd. Bovendien prijken onze buurlanden – Nederland, Duitsland, Frankrijk en het Verenigd Koninkrijk – in de lijst van top 10 van landen die (relatief gezien) bijdragen aan deze aantallen. Sinds de opstart van I-Familia werden er reeds 5 (bevestigde) linken gelegd tussen verwanten en niet-geïdentificeerde lichaamsresten (cf. I-Familia Newsletter 08/2023).

Momenteel bevat de Belgische DNA-databank Vermiste Personen 404 DNA-profielen, waarvan 111 DNA-profielen afkomstig zijn van niet-geïdentificeerde lichaamsresten, 87 van vermiste personen zelf en 206 van verwanten van een vermiste persoon. Op basis van de DNA-profielen van de verwanten zijn er 61 stambomen geregistreerd die de (biologische) familie per vermiste persoon groepeeren. Op datum van 10/01/2024 zijn er 87 DNA-profielen van niet-geïdentificeerde lichaamsresten nog steeds niet geïdentificeerd en staan 76 DNA-profielen van vermiste personen en 60 stambomen nog open/zonder resultaat. Al deze openstaande DNA-profielen zullen uitgewisseld worden met de Interpol DNA-databank en/of I-Familia zo gauw de nieuwe DNA-wet in voege treedt. Bovendien zullen dagelijks nieuwe DNA-profielen van niet-geïdentificeerde lichaamsresten, vermiste personen en verwanten van vermiste personen (in stamboom configuratie) die noch nationaal, noch via de Prüm uitwisseling, een overeenkomst vertonen, toegevoegd worden aan de Interpol DNA databank en I-Familia. Verwacht wordt dat de internationale uitwisseling op deze manier effectiever zal verlopen en meer resultaten zal opleveren met betrekking tot Belgische verdwijningsdossiers.

2.2 Familiale Zoeking

Doorgaans worden DNA-databanken aangewend om DNA-profielen opgesteld aan de hand van sporen (bv. sigarettenpeuk, condoom,...), geïdentificeerd op een plaats delict en waarvan de donor ongekend is, direct (1:1) te vergelijken met DNA-profielen van gekende personen (verdachten en/of veroordeelden). Dit met als doel om, via het vinden van een exacte overeenkomst tussen het DNA-sporenprofiel en het geregistreerde DNA-referentieprofiel van een persoon, het spoor te identificeren (i.e. te linken aan een persoon met gekende identiteit). Ook al leveren deze wereldwijd gebruikelijke DNA-databank zoekingen naar volledige overeenkomsten zeer goede resultaten op met betrekking tot het aanreiken van aanknopingspunten in een opsporingsonderzoek in het kader van strafrechtelijke dossiers (bv. Bieber, 2006; Santos et al., 2013), toch is de interesse in het uitbreiden van de DNA-databank zoekingen naar onder andere het vinden van gedeeltelijke overeenkomsten groot (bv. Ge et al., 2011; Gershaw et al., 2011; Debus-Sherrill & Field, 2019; Ge & Budowle, 2020). Een gedeeltelijke overeenkomst tussen een DNA-sporenprofiel van ongekende oorsprong en een DNA-referentieprofiel van een gekende persoon kan namelijk wijzen op een mogelijke verwantschap tussen beiden aangezien het DNA-profiel van een persoon steeds de combinatie

van de DNA-profielen van beide (biologische) ouders is. Hierdoor zullen (biologisch) verwante individuen onderling meer genetische gelijkenissen vertonen dan niet-verwanten. Bij een familiale DNA-zoeking wordt van dit type verwantschapsanalyse gebruik gemaakt om doelbewust te zoeken naar een gedeeltelijke overeenkomst tussen een (niet-geïdentificeerd) DNA-sporenprofiel en reeds geregistreerde DNA-referentieprofielen van verdachten en/of veroordeelden en zo mogelijke (bloed)verwanten van de donor van het DNA-sporenprofiel aan te duiden (SWGAM 2013; Niedzwiecki et al., 2016; Debus-Sherrill & Field, 2019).

In navolging van andere Europese landen, zoals het Verenigd Koninkrijk, Nederland, Frankrijk en Zweden en wereldwijd Nieuw-Zeeland, Australië en (bepaalde staten van) de Verenigde Staten (Maguire et al., 2014; Pham-Hoai et al., 2014; Ge & Budowle, 2020) wordt het uitvoeren van een familiale zoeking expliciet voorzien in de nieuwe Belgische DNA-wet. Om rekening te houden met ethische en privacy-gerelateerde bezorgdheden (cf. Granja & Machado, 2019; Machado & Granja, 2020; Mateen et al., 2021; Oosthuizen & Howes, 2022), wordt gespecificeerd in welke uitzonderlijke gevallen een familiale zoeking toegelaten is. Zo kan een familiale zoeking in België enkel uitgevoerd worden na een beslissing van een procureur des Konings of onderzoeksrechter, en uitsluitend in het kader van dossiers met betrekking tot strafbare feiten zoals bedoeld in Art. 5 van de DNA-wet, waarin andere onderzoeksmiddelen niet hebben geleid tot of bijgedragen hebben aan de waarheidsvinding (Parlementair document 55K3620/001). Bovendien is het zo dat de resultaten van een familiale zoeking enkel gebruikt mogen worden als een onderzoeksinstrument in een strafonderzoek. Uiteindelijk dient het DNA-profiel van de mogelijke verdachte steeds 1:1 vergeleken te worden met het DNA-sporenprofiel om na te gaan of hij/zij effectief de donor is van het niet-geïdentificeerde sporenprofiel.

Het uitbreiden van de technische mogelijkheid van uitsluitend directe (1:1) zoekingen met ook indirecte familiale zoekingen doet de reikwijdte van de DNA-databank toenemen. Op basis van een gesimuleerde dataset werd namelijk aangetoond dat in het hypothetische geval van een 10% succesgraad voor onopgeloste dossiers waarin geen onderzoeksdaden meer worden verricht, deze wordt verhoogd tot 14% indien ook familiale zoekingen worden toegevoegd. Met andere woorden de effectiviteit van de DNA-databank neemt, theoretisch gezien, met 40% toe indien ook familiale zoekingen worden toegelaten (Bieber et al., 2006). Een concreet voorbeeld van een zwaarwichtig dossier dat werd opgehelderd door middel van een familiale zoeking is dat van de zogenaamde 'Grim Sleeper', een seriemoordenaar verantwoordelijk voor de dood van op zijn minst 10 jonge vrouwen in de jaren '80 in de Verenigde Staten (Miller 2010). Uit een analyse van de succesgraad voor het uitvoeren van familiale zoekingen in strafrechtelijke dossiers in Nederland en het Verenigd Koninkrijk blijkt dat in 20% van de Nederlandse dossiers waarin een familiale zoeking werd uitgevoerd een mogelijke verwant werd gevonden (Winter et al., 2019); in 22% van de dossiers leidde een familiale zoeking tot de identificatie van de effectieve verdachte in het Verenigd Koninkrijk (Maguire et al., 2014).

Technisch-wetenschappelijk gezien omvat een familiale zoeking het lopen van een computer algoritme waarbij voor alle geregistreerde DNA-referentieprofielen van verdachten en/of veroordeelden wordt nagegaan in hoeverre deze mogelijks (biologisch) verwant zouden kunnen zijn aan de donor van het niet-geïdentificeerd DNA-sporenprofiel. Dit gebeurt aan de hand van het berekenen van de *likelihood ratio* (LR), waarbij de hypothese van een (biologische) verwantschap tussen het DNA-sporenprofiel en elk DNA-referentieprofiel wordt afgewogen tegenover de hypothese van geen verwantschap tussen de twee DNA-profielen.

In de context van familiale zoeking worden enkel verwantschappen in de (genetische) eerste graad (ouder-kind en broer/zus relaties) geëvalueerd. Vervolgens worden op basis van deze statistische evaluatie alle kandidaat DNA-referentieprofielen opgelijst, geordend van meest (grootste LR) naar minst (kleinste LR) waarschijnlijke kandidaat-verwant (bv. Cowen et al., 2008; Ge et al., 2011; Myers et al., 2011; SWGDAM 2013). Afhankelijk van de grootte van de DNA-databank (range van 19 300 tot 2 130 000 DNA-profielen) en op voorwaarde dat de echte biologische verwant geregistreerd is in de DNA-databank, wordt deze teruggevonden bij de eerste 100 opgelijste kandidaten in 100% tot respectievelijk 80% van de gevallen als het een ouder-kind relatie betreft en in 95% tot respectievelijk 61% als het om een broer/zus relatie gaat (SWGDAM 2013). De Belgische DNA-databank bevat momenteel ongeveer 70 000 referentieprofielen van verdachten en veroordeelden. Extrapolatie van de bovenvermelde resultaten en de schatting in Bieber et al. (2006), leert dat wat betreft de Belgische DNA-databank in ongeveer 99% en respectievelijk iets meer dan 80% van de gevallen, de echte (biologische) ouder/kind of respectievelijk broer/zus van de donor van het niet-geïdentificeerde sporenprofiel bij de eerste 100 kandidaten kan teruggevonden worden op voorwaarde dat het DNA-profiel van de eerstegraadsverwant effectief geregistreerd is in de Belgische DNA-databank.

Bovendien is het gebruikelijk om aan de hand van een aantal filters de bekomen lijst met kandidaat-verwanten te prioriteren en/of vals-positieve kandidaat-verwanten uit te sluiten. Dit om zowel tijd- en dus kostenbesparend te werken voor politie en magistratuur, als om nodeloze inbreuken op de privacy van de kandidaat-verwanten zoveel mogelijk te vermijden. Deze zogenaamde filters hebben enerzijds betrekking op het uitvoeren van bijkomende (genetische) analyses, anderzijds kan het ook gaan om het gebruik van metadata verzameld in het kader van het gerechtelijk dossier (bv. Reid et al., 2008; Ge et al., 2011; Gregory & Rainbow, 2011; SWGDAM 2013; Maguire et al., 2014). In het eerste geval gaat het typisch om de analyse van de zogenaamde afstammingsmerkers, namelijk de analyse van het Y-chromosoom bij een mannelijke donor en analyse van het mitochondriaal DNA bij een vrouwelijke donor. Indien de afstammingsmerkers niet overeenstemmen tussen het niet-geïdentificeerd sporenprofiel en het referentieprofiel van de kandidaat-verwant, wijst dit op de afwezigheid van een eerstegraads verwantschap tussen beiden en kan de kandidaat verwijderd worden als zijnde verwant in de eerste graad (cf. Winters et al., 2019). Wat betreft het gebruik van metadata zijn vooral leeftijd en geografische locatie zeer relevant gebleken. Door deze te incorporeren in de berekening van de *likelihood ratio* worden kandidaat-verwanten hoger of lager op de prioriteitenlijst gerangschikt (Gregory & Rainbow, 2011).

Zowel het toevoegen van Y-STR profielen aan de bestaande DNA-databank, als het verlengen van de bewaartermijnen van referentiestalen van geregistreerde verdachten en veroordeelden, zoals voorzien in de nieuwe DNA-wet (zie punten 2.3 en 2.5), zullen dan ook bijdragen aan de efficiëntie van het uitvoeren van familiale zoekingen in het kader van zwaarwichtige Belgische gerechtelijke dossiers waarin geen andere onderzoeksmogelijkheden meer mogelijk zijn.

Om het mogelijke potentieel van dit onderzoeksinstrument op Belgisch niveau te kunnen schatten werden 52 zedendossiers met onbekende dader van het Parket Antwerpen (Afdeling Antwerpen) voor de periode 2020-2021 tegen het licht gehouden. In een 10-tal van deze dossiers werd er een enkelvoudig delict-gerelateerd DNA-profiel opgesteld maar bleef dit ook na de nationale en internationale vergelijking niet-geïdentificeerd. Op basis van de slaagkans van een familiale zoeking in Nederland en het Verenigd Koninkrijk zou dit

betekenen dat 2 tot 3 van deze tot op heden onopgeloste dossiers wel zouden opgehelderd kunnen worden door gebruik te maken van een familiale zoeking (pers. comm. Karolien Van Dijck, Forensisch adviseur, NICC).

2.3 Systematisch opstellen en registreren van Y-STR profielen in kader van zedenfeiten

Onder de huidige DNA-wet worden in de DNA-databanken uitsluitend autosomale STR-profielen geregistreerd. Deze DNA-profielen zijn gebaseerd op de analyse van het kern DNA, gelokaliseerd op de autosomale, niet-geslachtsgebonden chromosomen. Op basis van autosomale STR-profielen is een identificatie op individueel niveau mogelijk (bv. Butler, 2005; Goodwin et al., 2011). Bijkomend aan de gebruikelijke autosomale kern DNA typering, kan ook gebruik gemaakt worden van een analyse van het Y-chromosoom. Het Y-chromosoom is het mannelijk geslachtschromosoom en wordt (quasi) identiek doorgegeven van vader op zoon. Waar een autosomaal STR-profiel uniek is per individu, is een Y-STR profiel dan ook (quasi) identiek bij alle mannelijke individuen uit eenzelfde vaderlijn (bv. Ge et al., 2009; Ballantyne et al., 2012; Claerhout et al., 2018, maar zie ook Bredemeyer et al., 2022; Ralf et al., 2023). Ook al is het eerste streefdoel in een forensische context met betrekking tot DNA-analyses het verkrijgen van een enkelvoudig autosomaal STR-profiel (cf. Ge & Budowle, 2020), blijkt dit in de praktijk niet altijd mogelijk te zijn. Vooral in gevallen waarbij het mengsels betreft met een overvloed aan vrouwelijk materiaal en een klein aandeel aan mannelijk materiaal (bv. seksuele delicten met een vrouwelijk slachtoffer en een mannelijke dader) is het een hele uitdaging om een bruikbaar autosomaal STR profiel van de mannelijke bijdrager op te stellen. Het typeren van het Y-STR profiel kan hier een oplossing bieden (Gill et al., 2001; Purps et al., 2015; Kayser, 2017; Roewer et al., 2020; SWGDAM 2022). Deze techniek wordt dan ook reeds decennialang gebruikt in forensische DNA-laboratoria wereldwijd. Dit is niet anders in België: de analyse van het Y-chromosoom in het kader van een specifiek strafdossier is wettelijk toegelaten en wordt toegepast.

De zaak Marianne Vaatstra in Nederland is een schoolvoorbeeld van de kracht van Y-STR typering en vergelijking op grote schaal, i.e. met Y-STR-profielen van een grote groep mannen. Het 16-jarige meisje werd in 1999 verkracht en vermoord teruggevonden maar het duurde 14 jaar eer een verdachte kon gearresteerd worden naar aanleiding van een overeenkomst tussen het Y-STR sporenprofiel opgesteld op basis van het spermastaal gevrijwaard op de plaats delict en het Y-STR profiel van een persoon uit deze grote groep mannen (Kayser, 2017; Winter et al., 2019; Ge & Budowle, 2020).

Het centraliseren van opgestelde Y-STR profielen in een DNA-databank en het standaard vergelijken ervan is echter (nog) niet gebruikelijk. Enkele Europese landen, zoals Zwitserland, Oostenrijk en Italië beschikken over een dergelijke Y-STR DNA-databank alsook China, Singapore, Nieuw-Zeeland en Australië. In de meeste gevallen gaat het om Y-STR-profielen van sporen (cf. Ge & Budowle, 2020, pers. comm. Dr. Arwin Ralf en Prof. Dr. Manfred Kayser, Erasmus MC, Rotterdam). Uit dezelfde dataset die werd geïnventariseerd met betrekking tot het mogelijk uitvoeren van familiale zoekingen, blijkt dat er in 47% van deze zedendossiers met onbekende dader stalen met voldoende mannelijk DNA zouden beschikbaar zijn voor het opstellen van een Y-STR-profiel (pers. comm. Karolien Van Dijck, Forensisch adviseur, NICC). Aangezien er geen DNA-databank beschikbaar is om Y-STR profielen mee te vergelijken, werd deze onderzoekspiste tot op heden echter niet benut.

De nieuwe Belgische DNA-wet voorziet in het *systematisch* opstellen, registreren en vergelijken van Y-STR-profielen van sporen, verdachten en veroordeelden in gevallen van seksueel geweld. Ook het opstellen van Y-STR-profielen in het kader van andere strafdossiers blijft uiteraard mogelijk. De overdracht en registratie in de DNA-databank gebeurt dan echter geval per geval en op specifieke vraag van de procureur des Konings, belast met het dossier. Bovendien zullen de (openstaande) Y-STR sporenprofielen die reeds werden opgesteld in het kader van een strafdossier en voorhanden zijn op het niveau van een Belgisch (forensisch) DNA-labo, retroactief worden overgemaakt en geregistreerd in de DNA-databank. Deze wetwijziging zorgt ervoor dat België een belangrijke voortrekkersrol inneemt in vergelijking met onze buurlanden en andere Europese lidstaten.

Op een gelijkaardige manier zal ook het mitochondriaal DNA, dat volledig wordt doorgegeven van een moeder op al haar kinderen en (quasi) identiek is voor alle personen uit eenzelfde moederlijn, kunnen geregistreerd en vergeleken worden op het niveau van de Belgische DNA-databank. Analyse van het mitochondriaal DNA kan nuttig zijn voor stalen waarin te weinig kern DNA (i.e. autosomaal en/of Y) voorhanden is, zoals bv. in haar, beenderen, tanden of andere sterk gedegenererde stalen (Parson et al., 2014; Carracedo, et al. 2000). De registratie en vergelijking van dit type DNA-profielen zal echter niet systematisch gebeuren maar geval per geval en op specifieke vraag van de procureur des Konings.

Een bijkomende meerwaarde aan het registreren van Y-STR-profielen en (in mindere mate) mitochondriaal DNA-profielen van verdachten en veroordeelden in de DNA-databank is het feit dat deze ook automatisch zullen kunnen gebruikt worden als filter na het uitvoeren van een familiale zoeking (zie punt 2.2). Indien een (autosomaal) DNA-referentieprofiel van een verdachte of veroordeelde geregistreerd in de DNA-databank deel uitmaakt van de lijst van mogelijke kandidaat-verwanten aan de donor van een tot nader order niet-geïdentificeerd sporenprofiel, kan vervolgens op basis van de vergelijking van de betreffende Y-STR-profielen van de persoon en het spoor uitsluitel gegeven worden over de mogelijke (eerste-graads) verwantschap met de donor van het sporenprofiel. Op deze manier wordt de lijst van potentiële kandidaten op voorhand reeds gereduceerd wat tijd- en kostenbesparend werkt én nodeloze inbreuken op de privacy van de betreffende families vermindert. Op een soortgelijke manier kunnen geregistreerde mitochondriaal DNA-profielen gebruikt worden in de uitzonderlijke gevallen dat het gaat om vrouwelijke verdachten/veroordeelden en/of donor van het niet-geïdentificeerd spoor.

2.4 Forensische DNA-fenotypering

Indien de gebruikelijke directe en eventueel indirecte (i.e. familiale zoeking) vergelijkingen voor dossiers met onbekende daders van autosomale STR sporenprofielen met de referentieprofielen geregistreerd in de DNA-databanken geen overeenkomst opleveren, kunnen bijkomende genetische analyses van het niet-geïdentificeerde spoor aanwijzingen geven over de (mogelijke) uiterlijk waarneembare kenmerken van de donor van het achtergelaten spoor (bv. Kayser & Schneider, 2009; Kayser, 2015; Marano & Fridman, 2019). Aangezien het gaat om een voorspelling aan de hand van statistische probabiliteitsberekeningen dient forensische DNA-fenotypering als een onderzoeksinstrument gebruikt te worden. Het dient geplaatst te worden in een groter geheel van gestelde onderzoeksdaden en kan bijdragen aan het prioriteren voor navolgend onderzoek van personen met bepaalde uiterlijke kenmerken uit een grote groep van individuen. In ieder geval dient ook hier een eventuele link

tussen een persoon en een spoor bevestigd te worden door een standaard (autosomale) STR typering en 1:1 vergelijking (Samuel & Prainsack, 2020).

Momenteel zijn gevalideerde DNA analysetechnieken beschikbaar met betrekking tot het voorspellen van (categoriën van) oog-, haar-, huidskleur en biogeografische afkomst. De accuraatheid van deze testen is wisselend en afhankelijk van het gebruikte statistische model en de verschillende kleur categoriën. Zo kan bv. de accuraatheid van de voorspelling wat betreft haarkleur variëren tussen 0.72 voor bruin haar tot 0.92 voor rood haar (Schneider et al., 2019). Ook een schatting van de leeftijd van de donor van het spoor is mogelijk (Bekaert et al., 2015; Schneider et al., 2019; Fokias et al., 2023). De foutenmarge van deze schatting is doorgaans 10 jaar of meer (pers. comm. Prof. Dr. Bram Bekaert, Forensische Geneeskunde, KULeuven).

Omwille van het voorspellende, op probabiliteitsberekeningen gebaseerde, karakter van deze techniek dient zeer zorgvuldig omgesprongen te worden met het gebruik ervan, als ook met de interpretatie en verslaggeving van de resultaten. Door het VISAGE consortium¹¹ dat in het kader van het door de EU gefinancierde VISAGE project een studie uitvoerde naar de implementatie van forensische DNA-fenotypering in strafonderzoeken wordt er onder andere aanbevolen deze technologie uitsluitend aan te wenden in uitzonderlijke gevallen, met betrekking tot zwaarwichtige feiten en de geanalyseerde kenmerken te beperken tot oog-, haar-, huidskleur, leeftijd en biogeografische afkomst. De resultaten dienen ook enkel aangewend te worden in het kader van een specifiek dossier en mogen niet openbaar gemaakt worden (Samuel & Prainsack, 2020).

Op Europees niveau is het gebruik van forensische DNA fenotypering expliciet voorzien in de wet in Nederland, Duitsland, Slowakije en Zwitserland (Zieger 2022, maar zie ook Samuel & Prainsack 2018). In alle gevallen gaat het uitsluitend om extern waarneembare kenmerken zoals hierboven beschreven en niet om informatie omtrent fysieke of mentale gezondheid of persoonlijkheidskenmerken (Zieger 2022). Ook in de nieuwe Belgische DNA-wet wordt forensische DNA-fenotypering met betrekking tot oog- en haarkleur, biogeografische afkomst en leeftijd voorzien. Het kan echter enkel aangewend worden als onderzoeksinstrument en 'last resort' in dossiers met betrekking tot zwaarwichtige feiten of ter identificatie van onbekende lichamen (Parlementair document 55K3620/001). Dit is in volledige overeenstemming met de Europese aanbevelingen gepubliceerd in Samuel & Prainsack, 2020.

2.5 Bewaartermijn referentiestalen verdachten en veroordeelden

Onder de huidige DNA wet worden de opgestelde DNA-referentieprofielen van verdachten¹² en veroordeelden in de DNA-databank geregistreerd voor een periode van 30 jaar; voor de

11 Het Visible Attributes through GENomics (VISAGE) consortium bestaat uit 13 partners van academische, politie en rechtsinstellingen uit 8 Europese landen. Het doel van het project, dat gefinancierd werd door de Europes Unie (Horzion 2020 Research and Innovation Programme), was om wetenschappelijke kennis te bundelen, nieuwe DNA-analyses *tools* te ontwikkelen en (ethische) aanbevelingen te formuleren. Meer informatie is te vinden op de website VISAGE Consortium (visage-h2020.eu).

12 Een DNA-referentieprofiel van een verdachte wordt uitsluitend voor een periode van 30 jaar geregistreerd in de DNA-databank Criminalistiek op voorwaarde dat het een overeenkomst vertoont met een DNA-sprofiel opgesteld in het kader van hetzelfde gerechtelijk dossier of met een DNA-profiel geregistreerd in één van de 3 Belgische DNA-databanken.

DNA-referentieprofielen van verwanten is dit onbeperkt¹³. De staalnames en de extracten die DNA bevatten daarentegen dienen maximaal 6 maanden na analyse vernietigd worden. Gezien de snelle evolutie van de DNA-technieken is het echter aangewezen de staalnames en/of DNA-extracten langer te bewaren om op een later tijdstip alsnog bijkomende analyses te kunnen uitvoeren en de DNA-profielen te updaten volgens de laatste wetenschappelijke standaard. Dit kan bv. ook nuttig zijn in het kader van het uitvoeren van Y-STR of mitochondriaal analyses na een familiale zoeking (zie ook punten 2.2 en 2.3). Bijkomend biedt een heranalyse van de staalnames en/of DNA-extracten ook de mogelijkheid om de kwaliteit van de reeds opgestelde DNA-profielen te controleren. Ook al heeft deze zienswijze een breed draagvlak bij de Europese forensische wetenschappers en beheerders van de Nationale DNA-databanken, toch is dit niet expliciet voorzien in elke nationale wetgeving. Bovendien wordt er in vele gevallen een onderscheid gemaakt tussen de hoedanigheid (verdachte vs. veroordeelde) van de persoon en/of het misdrijf waarvan/waarvoor de persoon verdacht of veroordeeld wordt. De bewaartermijn van staalnames en/of DNA extracten varieert dan ook aanzienlijk binnen Europa en omvat het volledige scala aan mogelijkheden, gaande van onmiddellijke/relatief snelle vernietiging na analyse (bv. Frankrijk, Zweden), bewaartermijn gekoppeld aan de verjaring van het dossier (bv. Spanje) of type misdrijf (bv. Nederland, Zwitserland) tot een gelijke bewaartermijn van staalnames en registratieperiode van het DNA-profiel in de DNA-databank (bv. Finland, Denemarken).

In de nieuwe Belgische DNA-wet werd geopteerd om de bewaartermijn van de staalnames en/of DNA extracten van (geregistreerde) verdachten, veroordeelden en verwanten van een vermiste persoon gelijk te schakelen aan de registratieperiode van het DNA-profiel in de respectievelijke DNA-databanken (Parlementair document 55K3620/001). Concreet wil dit zeggen dat staalnames en/of DNA-extracten van in de DNA-databank geregistreerde verdachten en veroordeelden standaard zullen bewaard worden voor een termijn van 30 jaar; voor verwanten van een vermiste persoon is dit onbeperkt (tenzij de verwant zijn/haar toestemming intrekt). De bewaartermijnen van staalnames van niet-geregistreerde verdachten en niet-verdachten (bv. getuigen, slachtoffers) blijven onveranderd. Een magistraat kan steeds een andere bewaartermijn bevelen, maar deze kan niet langer zijn dan 40 jaar voor geregistreerde verdachten en veroordeelden, en niet langer dan 5 jaar voor een niet-verdachte. Hierbij dient opgemerkt te worden dat de DNA-profielen van niet-verdachten in geen geval geregistreerd worden in de DNA-databanken (noch in de huidige als in de nieuwe DNA-wet).

3. CONCLUSIE

Vijfentwintig jaar na haar publicatie krijgt de Belgische DNA-wet haar eerste grondige technisch-wetenschappelijke update. Door het uitbreiden van de automatische internationale uitwisseling van DNA-profielen, het toelaten van familiale zoekingen en fenotypering als onderzoeksinstrument in uitzonderlijke gevallen, het systematisch opstellen en registreren van Y-STR-profielen in het kader van dossiers van seksueel geweld en het gelijkschakelen van de bewaartermijn voor staalnames en/of DNA extracten van personen met de registratieperiode van het DNA-profiel in de DNA-databanken wordt de DNA-wet up to date wat betreft de moderne toepassingen binnen het forensisch DNA-onderzoek. Meer nog, de aan-

13 DNA-referentieprofielen van verwanten van een vermiste persoon worden opgesteld op vrijwillige basis. Deze kunnen ten allen tijde en op vraag van de verwante zelf gewist worden uit de DNA-databank Vermiste Personen.

passing met betrekking tot de Y-STR-profielen kan revolutionair genoemd worden: België neemt hierin een voortrekkersrol op Europees niveau.

Er kan verwacht worden dat de aanpassingen die werden doorgevoerd in de huidige wet een impact zullen hebben op de effectiviteit van DNA-analyses in strafonderzoeken. Hoe groot deze zal zijn, zal pas op een termijn van enkele jaren duidelijk worden.

Bovendien suggereerde de DNA-evaluatiecommissie in hetzelfde memorandum dat als basis diende voor dit wetsontwerp, nog bijkomende technisch-wetenschappelijke mogelijkheden om het DNA-onderzoek verder te optimaliseren. Zo wordt bijvoorbeeld ook het nut van forensische investigatieve genetische genealogie aan de hand van commerciële databanken aangekaart, waarbij verre familieleden van de donor van een niet-geïdentificeerd sporenprofiel getraceerd worden. Dit type van onderzoek heeft in de Verenigde Staten reeds meermaals voor een doorbraak gezorgd in vastgelopen zaken. In Europa staat dit echter nog in de kinderschoenen (zie bv. Fagerholm et al. 2021). Ook wordt er gepleit voor het oprichten van een DNA-databank Inverdenkinggesteld in zaken van seksueel geweld en worden er een aantal procedurele aanpassingen voorgesteld. Deze voorstellen kunnen eventueel als basis dienen voor een volgende wetswijziging.

REFERENTIES

- Ballantyne, K. N., Keerl, V., Wollstein, A., Choi, Y., Zuniga, S. B., Ralf, A., Vermeulen, M., de Knijff, P., & Kayser, M. (2012). A new future of forensic Y-chromosome analysis: rapidly mutating Y-STRs for differentiating male relatives and paternal lineages. *Forensic Science International: Genetics*, 6(2), 208-218. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2011.04.017>
- Bekaert, B., Kamalandua, A., Zapico, S. C., Van de Voorde, W., & Decorte, R. (2015). Improved age determination of blood and teeth samples using a selected set of DNA methylation markers. *Epigenetics*, 10(10), 922-930. <https://doi.org/10.1080/15592294.2015.1080413>
- Bieber, F. R. (2006). Turning base hits into earned runs: improving the effectiveness of forensic DNA data bank programs. *Journal of law, medicine & ethics*, 34(2), 222-233. <https://doi.org/10.1111/j.1748-720X.2006.00029.x>
- Bieber, F. R., Brenner, C. H., & Lazer, D. (2006). Finding criminals through DNA of their relatives. *Science* 312(5778), 1315-1316. <https://doi.org/10.1126/science.1122655>
- Bredemeyer, S., Roewer, L., & Willuweit, S. (2022). Next generation sequencing of Y-STRs in father-son pairs and comparison with traditional capillary electrophoresis. *Forensic sciences research*, 7(3), 484-489. <https://doi.org/10.1080/20961790.2021.1898078>
- Butler, J. M. (2005). *Forensic DNA typing. Biology, technology, and genetics of STR markers*. Elsevier Academic Press.
- Carracedo, A., Bär, W., Lincoln, P. J., Mayr, W., Morling, N., Olaisen, B., Schneider, P., Budowle, B., Brinkmann, B., Gill, P., & Holland, M. (2000). DNA commission of the international society for forensic genetics: guidelines for mitochondrial DNA typing. *Forensic Science International*, 110(2), 79-85. [https://doi.org/10.1016/S0379-0738\(00\)00161-4](https://doi.org/10.1016/S0379-0738(00)00161-4)
- Claerhout, S., Vandenbosch, M., Nivelle, K., Gruyters, L., Peeters, A., Larmuseau, M. H., & Decorte, R. (2018). Determining Y-STR mutation rates in deep-rooting genealogies: Identification of haplogroup differences. *Forensic Science International: Genetics*, 34, 1-10. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.01.005>
- Cohen, D. (2022). General designs reveal distinct codes in protein-coding and non-coding human DNA. *Genes*, 13(11), 1970. <https://doi.org/10.3390/genes13111970>

- Cowen, S., & Thomson, J. (2008). A likelihood ratio approach to familial searching of large DNA databases. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 1(1), 643-645. <https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2007.10.196>
- Debus-Sherrill, S., & Field, M. B. (2019). Familial DNA searching – an emerging forensic investigative tool. *Science & Justice*, 59(1), 20-28. <https://doi.org/10.1016/j.scijus.2018.07.006>
- Fagerholm, S. A., Tilmær, A., Staaf, J., Rying, M., & Ansell, R. (2021). *Forensic DNA traces and genealogy. Use of investigative genetic genealogy in criminal investigations*. The Swedish Police Authority, National Forensic Centre.
- Fokias, K., Dierckx, L., Van de Voorde, W., & Bekaert, B. (2023). Age determination through DNA methylation patterns in fingernails and toenails. *Forensic Science International: Genetics*, 64, 102846. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2023.102846>
- Ge, J., & Budowle, B. (2020). Forensic investigation approaches of searching relatives in DNA databases. *Journal of forensic sciences*, 66(2), 430-443. <https://doi.org/10.1111/1556-4029.14615>
- Ge, J., Budowle, B., Aranda, X. G., Planz, J. V., Eisenberg, A. J., & Chakraborty, R. (2009). Mutation rates at Y chromosome short tandem repeats in Texas populations. *Forensic Science International: Genetics*, 3(3), 179-184. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2009.01.007>
- Ge, J., Chakraborty, R., Eisenberg, A., & Budowle, B. (2011). Comparisons of familial DNA database searching strategies. *Journal of forensic sciences*, 56(6), 1448-1456. <https://doi.org/10.1111/j.1556-4029.2011.01867.x>
- Gershaw, C. J., Schweighardt, A. J., Rourke, L. C., & Wallace, M. M. (2011). Forensic utilization of familial searches in DNA databases. *Forensic Science International: Genetics*, 5(1), 16-20. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2010.07.005>
- Gill, P., Brenner, C., Brinkmann, B., Budowle, B., Carracedo, A., Jobling, M. A., de Knijff, P., Kayser, M., Krawczak, M., Mayr, W. R., Morling, N., Olaisen, B., Pascali, V., Prinz, M., Roewer, L., Schneider, P. M., Sajantila, A., & Tyler-Smith, C. (2001). DNA Commission of the International Society of Forensic Genetics: recommendations on forensic analysis using Y-chromosome STRs. *International journal of legal medicine*, 114, 305-309. <https://doi.org/10.1007/s004140100232>
- Goodwin, W., Linacre, A., & Hadi, S. (2011). *An introduction to forensic genetics*. Wiley-Blackwell.
- Granja, R., & Machado, H. (2019). Ethical controversies of familial searching: The views of stakeholders in the United Kingdom and in Poland. *Science, Technology, & Human Values*, 44(6), 1068-1092. <https://doi.org/10.1177/0162243919828219>
- Gregory, A., & Rainbow, L. (2011). Enhanced prioritisation of familial DNA searches. *Journal of homicide and major incident investigation* 7, 75-88.
- Gymrek, M., Willems, T., Guilmatre, A., Zeng, H., Markus, B., Georgiev, S., Daly, M. J., Price, A.L., Pritchard, J. K., Sharp, A. J., & Erlich, Y. (2016). Abundant contribution of short tandem repeats to gene expression variation in humans. *Nature Genetics*, 48(1), 22-28. <https://doi.org/10.1038/ng.3461>
- Kayser, M., & Schneider, P. M. (2009). DNA-based prediction of human externally visible characteristics in forensics: motivations, scientific challenges, and ethical considerations. *Forensic Science International: Genetics*, 3(3), 154-161. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2009.01.012>
- Kayser, M. (2015). Forensic DNA phenotyping: predicting human appearance from crime scene material for investigative purposes. *Forensic Science International: Genetics*, 18, 33-48. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.02.003>
- Kayser, M. (2017). Forensic use of Y-chromosome DNA: a general overview. *Human Genetics*, 136(5), 621-635. <https://doi.org/10.1007/s00439-017-1776-9>

- Laurent, F. X., Fischer, A., Oldt, R. F., Kanthaswamy, S., Buckleton, J. S., & Hitchin, S. (2022). Streamlining the decision-making process for international DNA kinship matching using Worldwide allele frequencies and tailored cutoff log₁₀LR thresholds. *Forensic Science International: Genetics*, 57, 102634. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2021.102634>
- Machado, H., Granja, R., (2020). Emerging DNA technologies and stigmatization. *Forensic genetics in the governance of crime*, 85-104. https://doi.org/10.1007/978-981-15-2429-5_7
- Maguire, C. N., McCallum, L. A., Storey, C., & Whitaker, J.P. (2014). Familial Searching: a specialist forensic DNA profiling service utilising the National DNA database to identify unknown offenders via their relatives – The UK experience. *Forensic Science International: Genetics*, 8(1), 1-9. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.07.004>
- Marano, L. A., & Fridman, C. (2019). DNA phenotyping: current application in forensic science. *Research and Reports in Forensic Medical Science*, 1-8. <https://doi.org/10.2147/RRFMS.S164090>
- Mateen, R. M., Sabar, M. F., Hussain, S., Parveen, R., & Hussain, M. (2021). Familial DNA analysis and criminal investigation: usage, downsides and privacy concerns. *Forensic Science International*, 318, 110576. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2020.110576>
- Miller, G. (2010). Familial DNA testing scores a win in serial killer case. *Science*, 329(5989), 262. <https://doi.org/10.1126/science.329.5989.262>
- Myers, S. P., Timken, M. D., Piucci, M. L., Sims, G. A., Greenwald, M. A., Weigand, J. J., Konzak, K. C., & Buoncristiani, M.R. (2011). Searching for first-degree familial relationships in California's offender DNA database: validation of a likelihood ratio-based approach. *Forensic Science International: Genetics*, 5(5), 493-500. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2010.10.010>
- Niedzwiecki, E., Debus-Sherrill, S., & Field, M. B. (2016). *Understanding Familial DNA Searching: coming to a consensus on terminology*. ICF International.
- Oosthuizen, T., & Howes, L. M. (2022). The development of forensic DNA analysis: New debates on the issue of fundamental human rights. *Forensic Science International: Genetics*, 56, 102606. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2021.102606>
- Parson, W., Gusmão, L., Hares, D. R., Irwin, J. A., Mayr, W. R., Morling, N., Pokorak, E., Prinz, M., Salas, A., Schneider, P. M., & Parsons, T. J. (2014). DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: revised and extended guidelines for mitochondrial DNA typing. *Forensic Science International: Genetics*, 13, 134-142. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2014.07.010>
- Pham-Hoai, E., Crispino, F., & Hampikian G. (2014). The first successful use of a low stringency familial match in a French criminal investigation. *Journal of forensic sciences*, 59(3), 816-819. <https://doi.org/10.1111/1556-4029.12372>
- Purps, J., Geppert, M., Nagy, M., & Roewer, L. (2015). Validation of a combined autosomal/Y-chromosomal STR approach for analyzing typical biological stains in sexual-assault cases. *Forensic science international: Genetics*, 19, 238-242. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.08.002>
- Ralf, A., Lubach, D., Kousouri, N., Winkler, C., Schulz, I., Roewer, L., Purps, J., Lessig, R., Krajewski, P., Ploski, R., & Dobosz, T. (2020). Identification and characterization of novel rapidly mutating Y-chromosomal short tandem repeat markers. *Human Mutation*, 41(9), 1680-1696. <https://doi.org/10.1002/humu.24068>
- Reid, T. M., Baird, M. L., Reid, J. P., Lee, S.C., & Lee, R. F. (2008). Use of sibling pairs to determine the familial searching efficiency of forensic databases. *Forensic Science International: Genetics*, 2(4), 340-342. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2008.04.008>

- Roewer, L., Andersen, M. M., Ballantyne, J., Butler, J. M., Caliebe, A., Corach, D., D'Amato, M. E., Gusmão, L., Hou, Y., de Knijff, P., Parson, W., Prinz, M., Schneider, P. M., Talyor, D., Vennemann, M., & Willuweit, S. (2020). DNA commission of the International Society of Forensic Genetics (ISFG): Recommendations on the interpretation of Y-STR results in forensic analysis. *Forensic Science International: Genetics*, 48, 102308. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2020.102308>
- Samuel, G., & Prainsack B. (2018). *The regulatory landscape of forensic DNA phenotyping in Europe*. VISAGE. (https://www.visage-h2020.eu/PDF/Deliverable_5.1_for_posting_online_DECEMBER_2018.pdf)
- Samuel, G., & Prainsack B. (2020). *Report on recommendations to address the ethical and societal changes of FDP*. VISAGE. (https://www.visage-h2020.eu/PDF/Recommendations_for_website.pdf)
- Santos, F., Machado, H., & Silva, S. (2013). Forensic DNA databases in European countries: is size linked to performance. *Life sciences, society and Policy*, 9, 1-13. <https://doi.org/10.1186/2195-7819-9-12>
- Schneider, P. M., Prainsack, B., & Kayser, M. (2019). The use of forensic DNA phenotyping in predicting appearance and biogeographic ancestry. *Deutsches Ärzteblatt International*, 116(51-52), 873-880. <https://doi.org/10.3238/arztebl.2019.0873>
- SWGAM Scientific Working Group on DNA Analysis Methods – Ad Hoc Working Group on Familial Searching (2013). *Recommendations from the SWGDAM Ad Hoc Working Group on Familial Searching*. (https://media.wix.com/ugd/4344bo_46b5263cab-994f16aeedbo1419f964f6.pdf)
- SWGAM Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (2022). SWGDAM Interpretation Guidelines for Y-Chromosome STR typing by forensic DNA laboratories. (https://www.swgdam.org/_files/ugd/4344bo_bc90bcfef52c43559aa28618ef87c424.pdf)
- Winter, H., Hoving, R., Boxum, C., & Veen, C. (2019). *Evaluatie regeling DNA-verwantschapsonderzoek. Rapport. Pro Facto – in opdracht van Wetenschappelijk Onderzoek- en Documentatiecentrum van het ministerie van Veiligheid en Justitie*. (www.pro-facto.nl)
- Zieger, M. (2022). Forensic DNA phenotyping in Europe: how far may it go? *Journal of Law and the Biosciences*, 9(2), 1-22. <https://doi.org/10.1093/jlb/lisaco24>