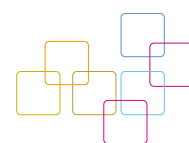


# Genetyka

+prawo

KWARTALNIK NAUKOWY ZAKŁADU GENETYKI MOLEKULARNEJ I SĄDOWEJ  
Uniwersytet Mikołaja Kopernika ■ Collegium Medicum ■ Katedra Medycyny Sądowej



ZAKŁAD GENETYKI  
MOLEKULARNEJ I SĄDOWEJ  
Uniwersytet Mikołaja Kopernika  
Collegium Medicum – Katedra Medycyny Sądowej

## Twarzą w twarz

**Przestępcy, wiedząc, jak ważnym materiałem dowodowym jest wizerunek, bardzo chętnie kryją się za ścianą anonimowości. Na szczęście dzięki medycynie sądowej ściana ta coraz częściej staje się... przeźroczysta**

# BLUESTAR FORENSIC

Latent bloodstain reagent

CRIME

## NOWATORSKIE ROZWIĄZANIA DO ZASTOSOWAŃ W KRYMINALISTYCE

### BLUESTAR® FORENSIC:

- wykazuje wyższą stabilność i czułość niż luminol,
- posiada intensywniejszą i dłuższą emisję niebieskiej chemiluminescencji (430 nm) niż luminol,
- nie niszczy DNA, zatem pozwala na jego genotypowanie w dalszej procedurze kryminalistycznej,
- działa zarówno z krwią świeżą jak i z zaschniętą,
- ma łatwą do rozróżnienia, fałszywie pozytywną emisję luminescencji,
- posiada rekomendację Saint Louis Metropolitan Police Department, USA,
- jest nietoksyczny dla użytkowników.

Nr katalogowy		Opakowanie
BL-FOR-TAB4	BLUESTAR® FORENSIC (tabletki)	4 aplikacje
BL-FOR-TAB8	BLUESTAR® FORENSIC (tabletki)	8 aplikacji
BL-FOR-125	BLUESTAR® FORENSIC (roztwór)	2x125 ml
BL-FOR-BLUEST	BLUESTAR® FORENSIC (roztwór)	500 ml

### BLUESTAR® FORENSIC MAGNUM:

- wysoce skoncentrowany do mikroskopijnych śladów,
- 3x wyższa czułość,
- polecany do wykorzystania w laboratoriach oraz na miejscu zbrodni.

Nr katalogowy		Opakowanie
BL-FOR-MAG	BLUESTAR® Forensic Magnum	125 ml

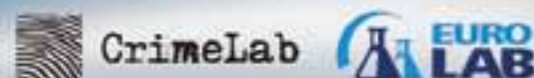
### HEXAGON OBTI:

- immunochromatograficzny test na obecność ludzkiej krwi - wykorzystuje znakowane monoklonalne przeciwciała przeciwko ludzkiej hemoglobinie,
- szybki i łatwy w użyciu - wystarczą 2-3 minuty.

Nr katalogowy		Opakowanie
HU-830	Hexagon OBTi	6 testów
HU-829	Hexagon OBTi	24 testy

Będziemy na targach CrimeLab oraz EuroLab w dniach 28-30.03.2012 w Warszawie. Zapraszamy do odwiedzenia stoiska firmy i rozmowy z przedstawicielem firmy BLUESTAR FORENSIC®.

Więcej informacji o produktach Bluestar Forensic® znajdą Państwo na stronie [www.bluestar-forensic.com](http://www.bluestar-forensic.com)



Zapraszamy do odwiedzenia stoiska firmy

Dystrybutor



abo Grażyna Tarnowska Boreysza, 80-255 Gdańsk, ul. Podleśna 6A,  
Adres biura: ul. Wichrowe Wzgórze 123, 80-293 Gdańsk  
Tel.: 58 341 21 43, Fax: 58 520 33 80,  
[abo@abo.com.pl](mailto:abo@abo.com.pl), [www.abo.com.pl](http://www.abo.com.pl)

## Drodzy Czytelnicy!

Od pewnego czasu można odnieść wrażenie, że z pozoru hermetyczny warsztat genetyki sądowej jest poddawany krytycznej analizie. Jedni zwracają uwagę na możliwe błędy typowania podczas identyfikacji śladów biologicznych, inni z kolei wskazują na ograniczenia związane z przewidywaniem wyglądu i pochodzenia dzięki DNA. Ze względu na fakt, że wątpliwości dotyczące szeroko pojętych analiz genetycznych, a rodzące się głównie w środowiskach akademickich przedostały się do mediów i opinii publicznej, poprosiliśmy o komentarz prof. Manfreda Kaysera, kierownika Katedry Molekularnej Biologii Sądowej w Centrum Medycznym Uniwersytetu Erazma w Rotterdamie. Z udzielonego wywiadu dowiadujemy się m.in., w jakim kierunku zmierza dzisiejsza genetyka sądowa i czy faktycznie jest się czego obawiać.

Drugi z naszych rozmówców, dr Roland van Oorschot z policji stanu Wiktorii (Australia), jest pionierem badań nad tzw. śladowym DNA, czyli materiałem genetycznym dostępnym w minimalnych ilościach. Roland van Oorschot nie tylko przybliżył definicję tego rodzaju analiz, ale także przekonuje o ich ogromnym potencjale. Przypomina jednak, że kluczowym elementem jest właściwe postępowanie z próbką w początkowych fazach badań, tj. od momentu ujawnienia śladu do jego zabezpieczenia. Nasz Zakład od kilku lat oferuje badania śladowego DNA, które notabene cieszą się zaskakująco dużym zainteresowaniem. Czasem jednak sami się przekonujemy, że jeśli próbka zostanie źle zabezpieczona, bezpowrotnie traci wartość i nawet najlepszy warsztat już tego nie zmieni.

Wydaje się, że w rozważaniach nad współczesnym obrazem badań genetycznych nie można pominąć refleksji o charakterze prawnym i bioetycznym. Jednym z interesujących zagadnień jest kwestia zgody osób poddawanych badaniom na przechowywanie i upublicznianie ich profili genetycznych. Ten i inne problemy podejmujemy w artykule „Genetyka w wersji 2.0 beta”, aktualnym w obliczu coraz większej popularności serwisów oferujących badania genealogiczne czy medyczne.

Na łamach tego numeru nie mogło oczywiście zabraknąć materiałów, w których uchyłamy rąbka tajemnicy dotyczącej naszej pracy. Tym razem zdecydowaliśmy się zamieścić dwa artykuły o charakterze kazuistycznym autorstwa naszych biegłych. Pierwszy tekst stanowi przegląd aktualnych metod antropologicznych szczególnie użytecznych w identyfikacji osób na podstawie wizerunku – utrwalonego w jakiegokolwiek formie. W drugim tekście wracamy do genetyki – artykuł „Kłusownik czy nie” zawiera odpowiedzi na pytania dotyczące użyteczności metod analizy zwierzęcego DNA w medycynie sądowej. Opisujemy interesujący przypadek badania zawartości pewnej łodówki...

**Prof. dr hab. Tomasz Grzybowski**  
Kierownik Katedry Medycyny Sądowej  
oraz Zakładu Genetyki Molekularnej i Sądowej  
Collegium Medicum UMK

## \* Spis treści

4-5

### NOWOŚCI W GENETYCE SĄDOWEJ

Jeśli nie STR, to co?

Genetyka w służbie... zwierząt

Problem rodzaju męskiego

Promile błędu

6-7

### TECHNOLOGIA NA SŁUŻBIE

Genetyka w wersji 2.0 beta

Najnowsze technologie na dobre zadomowiły się w naszym codziennym życiu. Coraz chętniej korzystamy z serwisów społecznościowych czy usług bazujących na technologii chmury, jak Gmail czy iCloud. Nowoczesne technologie z powodzeniem znalazły zastosowanie w wielu dziedzinach, nie dziwi więc, że korzysta z nich także... genetyka.

8-9

### CIEKAWY PRZYPADKI

Kłusownik czy nie?

Czy metody analizy zwierzęcego DNA mogą być pomocne w „ludzkiej” medycynie sądowej? Pewien przypadek, z którym spotkali się biegli z naszego Zakładu, udowadnia, że jak najbardziej!

10-13

### METODY BADAWCZE

Twarzą w twarz

Badania w zakresie identyfikacji człowieka nie ograniczają się wyłącznie do śladów biologicznych. Rozwój technik audiowizualnych sprawił, że coraz częściej konieczna jest również identyfikacja osób utrwalonych na fotografiach i filmach.

14-15

### 5 PYTAŃ DO...

Niewidoczny ślad

Aby ustalić sprawcę przestępstwa, czasem wystarczy jeden mały, ale za to niezwykle cenny i niepodważalny dowód. Takim może być śladowy DNA, o którym rozmawiamy z dr. Rolandem van Oorschotem, kierownikiem ds. badań, rozwoju i innowacji na Wydziale Biologii w policji stanu Wiktorii (Australia).

16-19

### WYWIAD NUMERU

Coraz więcej odpowiedzi dzięki DNA

O kontrowersjach związanych z wykorzystaniem badań DNA w medycynie sądowej oraz o potencjalnych kierunkach rozwoju tej dziedziny rozmawiamy z prof. Manfredem Kayserem, szefem Wydziału Molekularnej Biologii Sądowej w Centrum Medycznym Uniwersytetu Erazma w Rotterdamie.

**WYDAWCA:**  
Zakład Genetyki Molekularnej i Sądowej  
Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Collegium Medicum

**REDAKTOR WYDANIA:**  
Tomasz Grzybowski

**ZESPÓŁ REDAKCYJNY**  
Urszula Rogalla, Jarosław Bednarek,  
Bogusław Wieczorek, Marcin Woźniak

Foto na okładce: Shutterstock  
Zostały podjęte wszelkie środki, aby zawarte w publikacji informacje były dokładne i aktualne w dniu oddania do druku. Rozpowszechnianie materiałów redakcyjnych bez pisemnej zgody wydawcy jest zabronione.  
Copyright © 2012 ZGMŚ, wszelkie prawa zastrzeżone.

**REDAKCJA, PROJEKT GRAFICZNY, REKLAMA, PRODUKCJA:**  
Novimedia Sp. z o.o. (Novimedia jest częścią  
Wydawnictwa Zwierciadło) [www.novimedia.pl](http://www.novimedia.pl)  
[Zespół – Dyrektor Wydawniczy: Leszek MIELCZAREK, Szef Studia  
Graficznego: Diana BOROŃSKA, Senior Art Graphic: Paweł RY-  
GOL, Wydawca: Piotr KOWALSKI, Korekta: Elżbieta WOŹNIAK,  
Fotoedycja: Piotr BARTOSZEK, Produkcja: Michał SEREDINI].

**NOVIMEDIA**

Copyright © 2012 Novimedia CP, wszelkie prawa zastrzeżone.

## \* Jeśli nie STR, to co?

Stale rosnące wymagania wobec laboratoriów genetyczno-sądowych zmusiły genetyków do szukania dodatkowych markerów przewyższających w różnych aspektach wykorzystywane od kilkunastu lat w identyfikacji układy STR.

Od jakiegoś czasu, poza wielokrotnie wspomnianymi na łamach naszego magazynu markerami SNP, uwagę badaczy przykuwają polimorfizmy typu INDEL (insercja/delekcja). Ich powstanie jest wynikiem zaistnienia pojedynczej mutacji polegającej na dodaniu lub usunięciu zazwyczaj jednego nukleotydu. Niskie tempo mutacji gwarantuje ich praktyczną niezmienną w kolejnych pokoleniach. Ponadto do analizy polimorfizmów INDEL potrzebne są krótsze niż dla STR fragmenty DNA, co może okazać się użyteczne przy analizie próbek zdegradowanych. Tym bar-

dziej że w przeciwieństwie do markerów SNP badanie markerów INDEL może zostać przeprowadzone na sprzęcie wykorzystywanym dotychczas do analizy STR, co czyni je bardziej dostępnym dla większości laboratoriów. Dotychczas udowodniono wysoką przydatność komercyjnie dostępnych zestawów do analizy markerów INDEL w ustalaniu spornego ojcostwa, kiedy w jednej z próbek ujawniona zostaje mutacja i zachodzi konieczność poszerzenia zakresu badań. Wiele jednak wskazuje na to, że przy zastosowaniu odpowiedniego aparatu statystycznego loci INDEL mogą znaleźć szerokie zastosowanie również w identyfikacji osobniczej. ■

Opracowano na podstawie: Zidkova A. i wsp. 2011. Application of the new insertion-deletion polymorphism kit for forensic identification and parentage testing on the Czech population. Int J Legal Med DOI 10.1007/s00414-011-0649-3.



## \* Genetyka w służbie... zwierząt



W jednym z ostatnich numerów „Forensic Science International: Genetics” znalazł się artykuł poświęcony problemowi identyfikacji dzikich zwierząt, nieco po macoszemu traktowanemu również w Polsce.

Autorzy opisali swoje doświadczenia związane z analizą DNA wyekstrahowanego z sierści niedźwiedzia, który zaatakował i śmiertelnie zranił 65-letniego mężczyznę. Trzy dni po zajściu w okolicy feralnego miejsca za zgodą bułgarskiego Ministerstwa

Środowiska i Zasobów Wodnych zastrzelono niedźwiedzia, który jednak w toku analiz genetycznych został wykluczony jako „sprawca” wspomnianego ataku. Kilkanaście tygodni później w tym samym rejonie niedźwiedź zaatakował dwie dziewczynki. Jedna z nich została bardzo poważnie okaleczona. Po tym wypadku niestety nie zabezpieczono próbek do analiz DNA, nie można więc było stwierdzić, czy za oba ataki odpowiedzialny jest ten sam nieuchwytny osobnik. Autorzy pracy wskazują, że gdyby wyniki przeprowadzonych przez nich analiz zostały wykorzystane faktycznie dla

celów identyfikacyjnych, możliwe byłoby znalezienie właściwego niebezpiecznego osobnika i jego eliminacja bez konieczności zabijania dodatkowego zwierzęcia. Być może i u nas należałoby rozważyć stosowanie metod genetyki sądowej w podobnych sprawach, co pozwoliłoby racjonalnie gospodarować nierzadko dostatecznie już przetrzebionymi populacjami dzikich zwierząt. ■

Frosch C. i wsp. 2011. Case report of a fatal bear attack documented by forensics wildlife genetics. Forensic Sci Int: Genet 5: 342-344.



## \* Problem rodzaju męskiego

Testy Y-STR wykorzystywane są powszechnie przez genetyków sądowych w sytuacjach, kiedy istotne jest wyodrębnienie komponentu męskiego z potencjalnej mieszaniny DNA, np. w przypadku gwałtu. Mają jednak poważną wadę...

Badania loci Y-STR mają istotny wpływ na wyniki badań genealogicznych bądź mających na celu ustalenie pokrewieństwa. Niestety, pozwalają one ustalić profil nie pojedynczego mężczyzny, ale całej linii męskiej, do jakiej on należy, stąd trudności w ustaleniu, czy na miejscu zdarzenia pojawił się podejrzan, czy – jak może argumentować obrońca – jego brat, ojciec lub nawet daleki kuzyn. Ostatnie doniesienia zespołu kierowanego przez prof. Manfreda Kaysera wskazują na istnienie innych loci Y-STR o wysokiej użyteczności dla celów identyfikacyjnych. „Nowe” układy Y-STR mutują znacznie szybciej niż wspomniane

powyższe „standardowe”, co sprawia, że różnice między nimi, jak zresztą ustalono empirycznie, mogą pojawiać się nawet z pokolenia na pokolenie! Takie „szybko mutujące” układy są zatem bardzo użytecznymi markerami pozwalającymi na rozróżnianie pomiędzy bliskimi krewnymi w linii męskiej. Wprowadzie wspomniane loci Y-STR nie mają szans zdetrionizować markerów zlokalizowanych na chromosomach autosomalnych w przypadku klasycznej identyfikacji osobniczej, to jednak trudno będzie przecenić ich przewagę w sytuacjach, kiedy konieczne jest ustalenie jednoznacznego profilu pochodzącego wyłącznie od mężczyzny. ■

Ballantyne K.N. i wsp. 2010. Mutability of Y-Chromosomal Microsatellites: Rates, Characteristics, Molecular Bases and Forensic Implications. Am J Hum Genet 87:341-353. Ballantyne K.N. i wsp. 2011. A new future of forensic Y-chromosome analysis: Rapidly mutating Y-STRs for differentiating male relatives and paternal lineages. Forensic Sci Int: Genet DOI:10.1016/j.fsigen.2011.04.017.

## \* Promile błędu



Bezpośrednie metabolity etanolu, jak etylglukuronid (EtG) i estry etylowe kwasów tłuszczowych (FAEE), są idealnymi markerami nadużywania alkoholu wykorzystywanymi do badania próbek biologicznych, w tym włosów. Okazuje się jednak, że ta metoda może nie być do końca wiarygodna.

Niedawno wskazano na możliwość uzyskania wyników fałszywie dodatnich w analizach poziomu FAEE w przypadku osób stosujących odżywkę do włosów zawierającą wysokie stężenia alkoholu etylowego. Stało się to przyczynkiem do przeprowadzenia dodatkowych eksperymentów mających na celu ustalenie, czy stosowanie takich odżywek ma wpływ również na stężenie mniejszościowego metabolitu etanolu – EtG. Badana próbka liczyła zaledwie siedem osób, z których część spożywała alkohol okazjonalnie, a część znacznie go nadużywała. Osoby badane przez miesiąc lub dwa codziennie stosowały odżywkę zawierającą aż 44 proc. alkoholu etylowego (i 0 proc. wolnego EtG) na włosy jednej połowy głowy. Co pewien czas pobierano włosy z obu części głowy i poddawano je standardowym analizom na zawartość EtG. Po dwóch miesiącach okazało się, że w przeciwieństwie do wyników FAEE poziom EtG praktycznie nie zmienia się po zastosowaniu odżyvky zawierającej alkohol, co wskazuje na konieczność jednoczesnego badania obu markerów. ■

Ferreira L.M. i wsp. 2011. The influence of ethanol containing cosmetics on ethyl glucuronide concentration in hair. Forensic Sci Int DOI:10.1016/j.fsigen.2011.10.015.

# Genetyka w wersji 2.0 beta

Najnowsze technologie na dobre zadomowiły się w naszym codziennym życiu. Coraz chętniej korzystamy z serwisów społecznościowych czy usług bazujących na technologii chmury, jak Gmail czy iCloud. Nowoczesne technologie z powodzeniem znalazły zastosowanie w wielu dziedzinach, nie dziwi więc, że korzysta z nich także... genetyka.

Od pierwszych trzydziestotonowych komputerów, przez załóżki sieci komputerowych na uniwersytetach, po dynamiczny rozwój internetu i włączanie do niego milionów użytkowników – globalna wioska stanęła przed kolejnym krokiem definiującym jej kształt. Coraz wyraźniej rysuje się tendencja użytkowania zasobów internetowych w tzw. chmurze, na której bazują również technologie wykorzystywane podczas badań genetycznych. Cloud computing to nic innego niż przeniesienie danych oraz oprogramowania do serwerów zewnętrznych i umożliwienie użytkownikowi ciągłego dostępu do nich, a także bieżącego wprowadzania i zapisywania zmian z dowolnego komputera podłączonego do sieci.

## Sześciu znajomych polubiło Twój DNA

Wszechobecność usług opartych na technologii chmury stała się faktem. Do najpopularniejszych sposobów wykorzystania oprogramowania w chmurze można zaliczyć przechowywanie zdjęć, muzyki czy filmów na „dyskach wirtualnych”, jak również tworzenie dostępnych dla wielu osób dokumentów, tabeli, kalendarzy czy baz kontaktów. Pojawiają się jednakże bardziej nietypowe zastosowania. Amerykańskie serwisy internetowe 23andMe i Navigenics w 2007 r., a więc na samym początku swojej działalności, oferowały możliwość przeprowadzenia testów genetycznych w cenie około 1000 dolarów. Idea tych portali nie ograniczała się jedynie do weryfikowania ojcostwa swoich klientów, jak działa większość podobnych serwisów. Odsyłając próbkę śliny do wskazanego laboratorium, zakładamy własne konto w serwisie, za którego pośrednictwem mamy dostęp do informacji o prawdopodobnym pochodzeniu geograficznym naszych przodków, współczesnym miejscu zamieszkania osób o zbliżonym genotypie, a przede wszystkim – za 9 dolarów miesięcznie

– będziemy otrzymywać zindywidualizowane wyniki aktualnych badań genetycznych, które są związane z wariantami genów występującymi u nas. Co więcej, zarówno dane genetyczne, jak i dane przekazywane przez użytkownika mogą zostać upublicznione w serwisie, przez co staną się dostępne dla wszystkich jego użytkowników i utworzą swego rodzaju portal społecznościowy. „Przyjaciół” nie szuka się tutaj w szkołach, do których uczęszczaliśmy, czy według zainteresowań. Kontakty nawiązuje się z użytkownikami o najbardziej zbliżonym profilu DNA lub u których występują te same mutacje.

„normalne” portale społecznościowe, mogą być wykorzystywane przez owe serwisy w obrocie handlowym. Z jednej strony przyjmują one wymierną wartość dopiero po ich agregacji, a tym samym anonimizacji, z drugiej – z uwagi na stopień zaawansowania badań naukowych zakres przekazywanych dobrowolnie danych jest w zasadzie nieznanym. Kontrowersje w amerykańskiej opinii publicznej wywołał również fakt, że jednym z założycieli serwisu 23andMe jest Anne Wojcicki, żona Sergeya Brina, założyciela Google, a sam serwis pozyskał 3,9 mln dolarów od Google na dalszy rozwój. Właściciele niegdyś prostej wyszukiwarki internetowej, a dziś

**ODSYŁAJĄC PRÓBKĘ ŚLINY DO WSKAZANEGO LABORATORIUM, ZAKŁADAMY WŁASNE KONTO W SERWISIE, W KTÓRYM MAMY DOSTĘP DO INFORMACJI O PRAWDOPODOBNYM POCHODZENIU GEOGRAFICZNYM NASZYCH PRZODKÓW [...]. DANE GENETYCZNE MOGĄ ZOSTAĆ UPUBLICZNIONE W SERWISIE [...] I UTWORZĄ SWEGO RODZAJU PORTAL SPOŁECZNOŚCIOWY.**

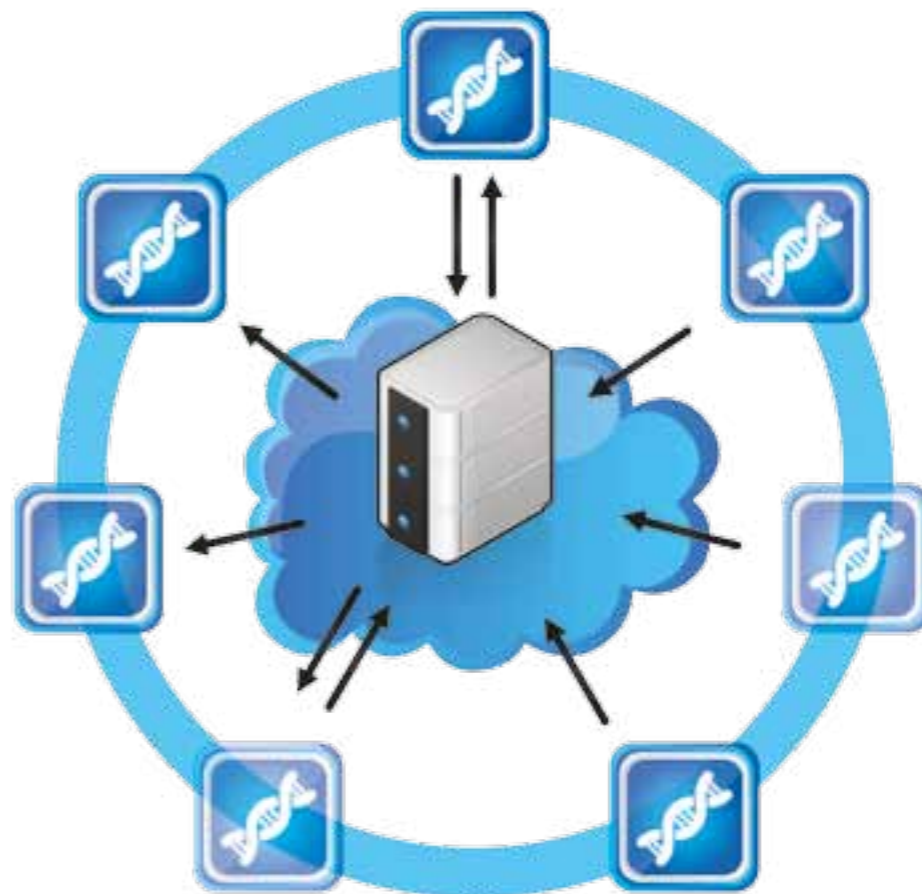
## Geny sprzedam – okazja!

Doniesienia medialne obfitują w przypadki, gdy przestępców (ale też choćby policjantów mających pracować pod przykryciem) zdradzały informacje zamieszczane przez nich lub ich znajomych na portalach społecznościowych. Skoro oferta „genetycznych portali społecznościowych” staje się coraz bardziej przystępna, czy w niedługiej przyszłości nasze dane genetyczne będą krążyć w internecie, podobnie jak dziś inne, nierzadko osobiste informacje? Być może. Na razie dane te, tak jak dane przetwarzane przez

konglomeratu usług bazujących na cloud computingu nie ukrywają, że ich celem jest „uporządkowanie światowych zasobów informacji, tak aby stały się powszechnie dostępne i użyteczne”.

## Informacja z przyszłości

W zakresie pojęcia światowych zasobów informacji mieści się z pewnością informacja genetyczna. Czy motto Google również się do niej odnosi? Według stanowiska swoich przedstawicieli Google inwestuje w cały sektor, także bezpośrednią konkurencję – Navigenics, a ich



podstawowym zainteresowaniem ma być sposób indeksowania potężnych ilości danych. Nie ma jednak wątpliwości, że rynek usług przetwarzania danych genetycznych rozwija się. W Europie przykładem może być islandzki deCODE genetics, a także rozpoczynający działalność polski serwis MójGenotyp.pl. Takie wykorzystywanie danych genetycznych rodzi również wątpliwości natury prawnej. Informacje genetyczne należą do kategorii danych osobowych, choć przedstawiane są także propozycje odmiennego ich traktowania. Przede wszystkim dlatego, że informacja taka niesie za sobą wiedzę nie tylko o osobie, od której pochodzi, ale również o członkach jej rodziny. Co więcej, opisuje ona stan przeszły, teraźniejszy i – co rodzi szczególne problemy – przyszły. Ponadto, o ile serwisy prowadzone w Europejskim Obszarze Gospodarczym podlegają unijnym przepisom dotyczącym ochrony danych osobowych, o tyle serwisy amerykańskie pozostają pod jurysdykcją odpowiednich stanów. Sprawę dodatkowo komplikuje wykorzystanie techniki przetwarzania w chmurze.

## Problem online, dyskusje offline

Rozwiązania prawne dotyczące ochrony danych osobowych opierają się w dużej mierze na geograficznym położeniu poszczególnych podmiotów procesu przetwarzania danych. Ponadnarodowy charakter usług cloud computing powoduje, że ich stosowanie staje się niemożliwe lub bardzo

utrudnione. Dyskusyjne staje się nawet samo zindywidualizowanie podmiotów, na które prawo nakłada określone obowiązki – administratora danych, czyli osobę decydującą o celach i środkach przetwarzania danych osobowych oraz osobę przetwarzającą dane. Podczas VI kadencji Sejmu RP złożono cztery projekty ustaw pośrednio odnoszących się do danych genetycznych. I choć jeden z nich posługiwał się pojęciem „testów prognozujących choroby genetyczne”, które miałyby być przeprowadzane tylko „dla celów zdrowotnych albo dla badań naukowych związanych z celami zdrowotnymi”, żaden z projektów nie został ostatecznie uchwalony. Pokazuje to, że debata dotycząca danych genetycznych w Polsce, choć burzliwa, znajduje się na początkowym etapie. Wspomniane projekty, prawdopodobnie z uwagi na to, że skupiały się na drażliwym społecznie temacie zapłodnienia in vitro, nie odnosiły się w żaden konkretny sposób do ochrony danych genetycznych i ich przetwarzania w ogóle, nie tylko przy wykorzystaniu zaawansowanych usług informatycznych. Oznacza to, że ochrona danych genetycznych musi się opierać na uregulowaniach ogólnych dotyczących danych osobowych, które jednak ze względu na swój terytorialny charakter, nie znajdują zastosowania w większości przypadków przetwarzania ich za pomocą usług cloud computing.

**Bogusław Wiczorek**

## \* Czy polskie prawo chroni DNA?

W rozumieniu polskiej ustawy z dnia 29 sierpnia 1997 r. o ochronie danych osobowych danymi osobowymi są „wszelkie informacje dotyczące zidentyfikowanej lub możliwej do zidentyfikowania osoby fizycznej” (art. 6). Istotne jest przy tym zastrzeżenie interpretacyjne, zgodnie z którym danymi osobowymi nie będą takie informacje, które mogą prowadzić do określenia tożsamości konkretnej osoby, ale wymagałoby to nadmiernych kosztów, czasu lub działań. Ustawa o ochronie danych osobowych w art. 27 zabrania, co do zasady, przetwarzania m.in. danych o stanie zdrowia i danych o kodzie genetycznym, uznając je za tzw. dane sensytywne. Ich przetwarzanie jest możliwe jedynie po spełnieniu dodatkowych przesłanek wymienionych w ustawie, przy czym wystarczająca jest pisemna zgoda, która „nie może być domniemana lub dorozumiana z oświadczenia woli o innej treści”, ponadto może być odwołana w każdym czasie. Zgoda musi zatem w każdym przypadku odnosić się do konkretnie wskazanych danych. Tymczasem zakres danych zawartych w informacji genetycznej nie jest jeszcze znany. Z jednej strony uznanie, że zgoda dotyczy wyłącznie stanu wiedzy z chwili wyrażenia zgody wiązałoby się z licznymi problemami praktycznymi i koniecznością okresowego uzyskiwania zgody. Z drugiej – oparcie się wyłącznie na możliwości cofnięcia zgody w miarę postępu badań naukowych naraża osoby, od których dane pochodzą, na niemożliwe do określenia ryzyko.



# Kłusownik czy nie?



**Czy metody analizy zwierzęcego DNA mogą być pomocne w „ludzkiej” medycynie sądowej? Pewien przypadek, z którym spotkali się biegli z naszego Zakładu, udowadnia, że jak najbardziej!**

Identyfikacja pochodzenia śladów biologicznych opiera się przede wszystkim na namnżaniu DNA obecnego w śladach za pomocą reakcji biochemicznej określanej skrótowo jako PCR. Zastosowanie tej reakcji niesie ze sobą dwie podstawowe korzyści. Po pierwsze, umożliwia powielenie materiału genetycznego dostępnego do badań, co w praktyce oznacza, że do otrzymania profilu genetycznego badanego śladu wystarczą minimalne ilości DNA odpowiadające zawartości kilkunastu komórek ciała. Po drugie, prawidłowo zaprojektowana reakcja PCR cechuje się wysoką specyficznością, co oznacza, że umożliwia namnożenie wyłącznie DNA wybranego gatunku. W przypadku śladów biologicznych często zdarza się, że oprócz ludzkiego materiału genetycznego zawierają one liczne cząsteczki DNA pochodzące z innych organizmów, np. bakterii czy roztoczy. Metody analizy DNA stosowane w badaniu śladów pochodzących od człowieka nie mogą być jednak zastosowane bezpośrednio do analizy DNA innych gatunków.

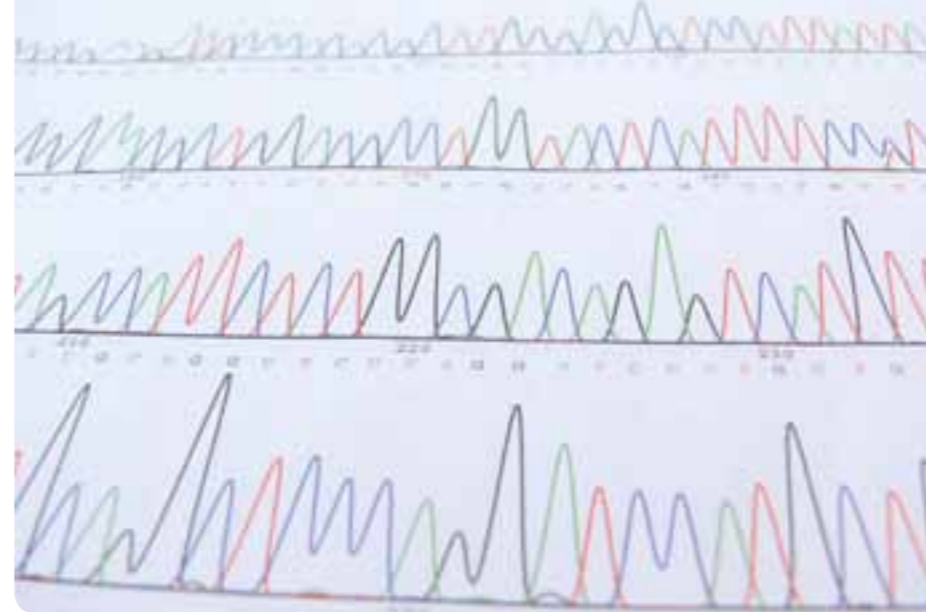
Również metody wykrywania śladów biologicznych, takich jak krew czy nasienie, stosowane standardowo w laboratoriach zajmujących się genetyką sądową, są ukierunkowane przede wszystkim na wykrywanie śladów pochodzenia ludzkiego. W większości przypadków ograniczenie metod badawczych do możliwości wykrycia i analizy wyłącznie materiału pochodzenia ludzkiego nie ma żadnego znaczenia lub jest nawet korzystne dla dochodzeń obejmujących analizę śladów biologicznych. Zdarzają się jednak takie sytuacje, w których możliwość analizy DNA pochodzenia innego niż ludzki ma kluczowe znaczenie.

## Znalezisko w lesie

Pewnego zimowego poranka w jednym z podbydgoskich lasów pracownik nadleśnictwa natknął się na ślady polowania. Na jednym z drzew zauważył odłupany zakrwawiony fragment kory, wokół którego przyklejone były fragmenty sierści. W pobliżu sąsiedniego drzewa znalazł

jeszcze jedną kępę sierści. Leśnik podejrzewał, że jest to sierść dzika. Ponieważ w okresie, w którym dokonano znaleziska, w tym lesie nie odbywały się żadne legalne polowania, zachodziło podejrzenie, że doszło do nielegalnego odstrzału zwierzyny. Pracownicy nadleśnictwa zawiadomili policję, która zabezpieczyła zakrwawione fragmenty drewna i sierść oraz rozpoczęła poszukiwania osób, które mogły mieć związek ze znaleziskiem. W dość krótkim czasie wytypowano dwóch mężczyzn, Adama i Pawła\*, których widziano kilka dni wcześniej w lesie, w pobliżu miejsca, gdzie znaleziono ślady. W wytypowaniu tych mężczyzn pomógł fakt, że obaj byli członkami koła łowieckiego, byli więc znani pracownikom nadleśnictwa. W czasie rewizji w domach obu mężczyzn nie odnaleziono śladów wskazujących jednoznacznie na ich uczestnictwo w procederze nielegalnego odstrzału zwierząt. Zainteresowanie śledczych wzbudziła jednak zawartość lodówek w przeszukiwanych domach. U jednego z mężczyzn znaleziono podroby, a u drugiego – kawałek mięsa. Tego typu produkty w lodówce wydają się czymś całkowicie normalnym, co zresztą podkreślali podejrzani mężczyźni, jednak

## Podobieństwo genów cytochromu b między gatunkami ssaków określa się na podstawie porównania wyników tzw. sekwencjonowania DNA



śledczy postanowili sprawdzić, czy fragmenty tkanek mogą pochodzić od zwierzęcia, którego sierść znaleziono w lesie.

## A to świnia właśnie

Zdecydowana większość placówek wykonujących badania genetyczne dla potrzeb wymiaru sprawiedliwości analizuje materiał pochodzenia ludzkiego. Znalezienie instytucji gotowej podjąć się analizy materiału zwierzęcego może okazać się trudnym zadaniem, gdyż badania takie wymagają zastosowania niestandardowych metod i posiadania warsztatu naukowego wykraczającego poza ramy genetyki sądowej. Z zapytaniem o możliwość wykonania badań zabezpieczonego mięsa i sierści prokuratura zwróciła się do Zakładu Genetyki Molekularnej i Sądowej CM UMK w Bydgoszczy. Nasz zakład w przeszłości zajmował się analizą DNA zwierząt, a ponadto jako jeden z niewielu w Polsce ma warsztat pozwalający na określenie pochodzenia gatunkowego materiału biologicznego. Przeprowadziliśmy więc analizę genu cytochromu b w DNA uzyskanym z sierści znalezionej na miejscu przypuszczalnego nielegalnego odstrzału, przebadaliśmy również – pod tym samym kątem – mięso i podroby znalezione u podejrzanych. We wszystkich badanych próbkach stwierdziliśmy obecność genu cytochromu b w wersji charakterystycznej dla gatunku *Sus scrofa*, czyli świni. Niestety, zróżnicowanie tego genu nie pozwala na wiarygodne rozróżnienie, czy badany materiał pochodzi od dzika (*Sus scrofa*), czy od świni domowej (*Sus scrofa domestica*). Na podstawie całokształtu zgromadzonych dowodów można było jednak stwierdzić, że znaleziona w lesie sierść faktycznie pochodziła od dzika (świnie domowe nie mają długiej sierści).

## As z... lodówki

Kolejnym wyzwaniem, przed którym stanęli biegli z naszego zakładu, była odpowiedź na pytanie, czy mięso i podroby z lodówek oraz sierść znaleziona w lesie pochodziły od jednego osobnika. Ze względu na omawianą na początku tego artykułu specyfikę metod identyfikacji osobniczej, stosowanych w genetyce sądowej w stosunku do

ludzkiego DNA, konieczne było wykorzystanie innych narzędzi. Przypominają one w swej istocie metody analizy genetycznej stosowane w genetyce sądowej, stąd możliwa była adaptacja jednej z takich metod dla celów omawianej sprawy. Biegli zastosowali strategię analizy wielu tzw. mikrosatelitów DNA, która pozwala na uzyskanie profilu genetycznego praktycznie unikalnego dla badanego zwierzęcia. Przeprowadzone analizy wykazały, że mięso znalezione w lodówce Pawła ma profil genetyczny całkowicie zgodny z profilem genetycznym sierści ujawnionej na miejscu przypuszczalnego odstrzału, podczas gdy podroby w lodówce Adama miały profil całkowicie odmienny. Uzyskany wynik w połączeniu z innymi okolicznościami sprawy wskazywał zatem, że Paweł trzymał w swojej lodówce mięso dzika odstrzelonego bez wymaganego zezwolenia. Adam nie miał co prawda mięsa tego zwierzęcia, ale świadkowie wskazywali na jego obecność w towarzystwie Pawła w pobliżu miejsca polowania w okresie, kiedy doszło do zdarzenia. Ostatecznie obaj mężczyźni w obliczu przedstawionych dowodów przyznali się do uczestnictwa w nielegalnym polowaniu i zostali postawieni przed sądem. ■

**Marcin Woźniak**

\* Imiona podejrzanych oraz niektóre okoliczności sprawy zostały zmienione.

## \* Identyfikacja gatunku

Metody genetycznego określenia pochodzenia gatunkowego opierają się na analizie tych fragmentów DNA, które są stosunkowo niezmiennie w obrębie danego gatunku, a jednocześnie wysoce zmienne pomiędzy gatunkami. W genomach organizmów żywych jest wiele takich fragmentów, jednak dla potrzeb genetyki sądowej najczęściej stosuje się analizę genu cytochromu b. Cytochrom b to białko występujące w komórkowych „elektrowniach”, czyli mitochondriach, niezbędne w produkcji energii zasilającej procesy zachodzące w żywych komórkach. Praktycznie wszystkie organizmy posiadające mitochondria mają również gen kodujący białko cytochromu b. Gen ten, zlokalizowany na cząsteczce DNA mitochondrialnego (mtDNA), jest bardzo zachowawczy ewolucyjnie, gdyż każda jego mutacja grozi poważnymi konsekwencjami dla równowagi energetycznej komórek. Badania populacyjne wykazały jednak, że drobne zmiany w DNA, tzw. mutacje punktowe, nie zawsze uszkadzają gen cytochromu b i mogą się w nim od czasu do czasu pojawiać. W ten sposób omawiany gen gromadzi w swoim obrębie drobne różnice, które występują na tyle rzadko, że kopie tego genu u osobników jednego gatunku są praktycznie identyczne, ale również na tyle często, że geny cytochromu b u różnych gatunków różnią się między sobą (rys. wyżej). Ponieważ omawiany gen występuje w mtDNA, jest stosunkowo odporny na procesy degradacji występujące w śladach biologicznych. Z omówionych wyżej względów gen cytochromu b stał się markerem pochodzenia gatunkowego chętnie wykorzystywanym dla potrzeb badania śladów biologicznych.





# Twarzą w twarz

Badania w zakresie identyfikacji człowieka nie ograniczają się wyłącznie do śladów biologicznych. Rozwój technik audiowizualnych sprawił, że coraz częściej konieczna jest również identyfikacja osób utrwalonych na fotografiach i filmach.

**A**naliza utrwalonego wizerunku dotyczy w dużej mierze materiałów zgromadzonych za pośrednictwem kamer nadzoru, telewizji przemysłowej, monitoringu miejskiego czy zarejestrowanych przez dziennikarzy lub organizatorów podczas różnego rodzaju wydarzeń i imprez masowych. Identyfikowane osoby to głównie sprawcy wykroczeń i przestępstw, ale też świadkowie tych zdarzeń oraz poszkodowani.

## Podobny do nikogo

Dotychczas opracowano szereg skomplikowanych systemów do automatycznego rozpoznawania twarzy. Wykorzystują one algorytmy porównawcze oparte na matematycznej i komputerowej analizie podobieństwa wyodrębnionych z kadru cech twarzy z materiałem wzorcowym przechowywanym w bazie danych. Bez względu na wykorzystywany system proces rozpoznawania twarzy obejmuje taką samą lub bardzo podobną sekwencję czynności. W pierwszej kolejności oprogramowanie dokonuje lokalizacji kształtów mogących być twarzami. Następnie obszar ten jest wyodrębniany i lokalizowane są punkty, których układ stanowi swoistą mapę wyznaczającą specyfikę danej twarzy. Liczba informacji uzyskanych w ten sposób jest następnie zredukowana do zestawu, który najlepiej charakteryzuje twarz identyfikowanej osoby i ułatwia procedurę porównywania. Do tego celu wykorzystywane są takie metody matematyczne jak analiza składowych głównych, liniowa analiza dyskryminacyjna, liniowy dyskryminator Fishera oraz tzw. metody korelacyjne. Wynikowy zbiór danych jest porównywany z zestawami reprezentującymi twarze znajdującymi się w bazie. Ostatnim etapem jest weryfikacja poprawności całego procesu. Podstawowy problem związany z identyfikacją twarzy to niezgodność cech materiału dowodowego z porównawczym. Obraz osoby utrwalonej na zdjęciu lub tzw. stopklatce może różnić się względem obrazu porównawczego rodzajem oświetlenia i wielkością. Twarz widniejąca na materiale dowodowym może być względem twarzy referencyjnej przesunięta, obrócona lub charakteryzować się innym układem cech z uwagi na odmienną mimikę. Kolejne różnice mogą wynikać z faktu noszenia okularów, posiadania lub braku zarostu czy makijażu. W efekcie możliwe jest nierozpoznanie twarzy mimo jej figurowania w bazie danych lub przypisanie twarzy niewłaściwej osobie.

## Znamy się tylko z widzenia

Choć automatyzacja tego procesu może znacznie usprawnić czynności śledcze, nie

zastąpi w pełni pracy biegłego sądowego. Dlatego prac eksperckich w zakresie podobieństwa twarzy czy nawet całej sylwetki podejmują się biegli z dziedziny antropologii. Jako specjaliści z zakresu biologii człowieka posiadają oni ogromną wiedzę na temat ludzkiej budowy morfologicznej ze wszelkimi jej odmianami. Ponadto doskonale orientują się w zasadach wykonywania pomiarów ludzkiego organizmu oraz porównywania cech jakościowych (niemetrycznych). Jednak podobnie jak badania z wykorzystaniem systemów komputerowych, ekspertyza antropologiczna nie ma wartości dowodowej na poziomie badań DNA czy badań daktyloskopowych. W obu przypadkach nie ma podstaw do precyzyjnego, niekwestionowanego stwierdzenia albo zaprzeczenia, że na obrazie znajduje się konkretna osoba. Możliwe jest natomiast wskazanie całkowitej zbieżności cech, znacznego podobieństwa lub ewentualnie jego braku. Może to stanowić istotną wskazówkę dla prowadzącego śledztwo lub ważny dowód pośredni w sprawie sądowej. Ekspertyza antropologiczna w zakresie oceny stopnia podobieństwa odbywa się poprzez porównanie proporcji twarzy, proporcji ciała i znaków szczególnych osoby utrwalonej na materiale dowodowym z analogicznymi cechami osób podejrzanych lub poszukiwanych. Jest to oczywiście możliwe tylko wtedy, kiedy istnieje przypuszczenie co do tożsamości danej osoby i dostępny jest odpowiedni materiał porównawczy. Materiałem tym powinny być wysokiej rozdzielczości zdjęcia wykonane z uwzględnieniem pozycji i perspektywy,



## \* Czy wizerunek jest poddawany identyfikacji?

- osób zarejestrowanych przez kamerę nadzoru podczas podejmowania z bankomatu pieniędzy za pomocą skradzionej karty płatniczej;
- kibiców uczestniczących w zamieszkach przed imprezami sportowymi, w ich trakcie lub po ich zakończeniu;
- łamiących prawo, agresywnych uczestników demonstracji;
- sprawców zabójstw, rozbojów, gwałtów lub kradzieży utrwalonych przez kamery monitoringu;
- osób poszukiwanych lub osób, które miały kontakt z osobami poszukiwanymi, mogących wnieść istotne informacje dla śledztwa lub świadków zdarzeń widocznych w zapisie z kamer nadzoru.

w jakich identyfikowana postać jest widoczna na ujęciach z materiału dowodowego. Brak tej zgodności wyklucza możliwość wykonania rzetelnej analizy porównawczej.

## Oblicza nauki

Dziedziną wiedzy, która stanowi podstawę dla technik porównawczych, jest biometria, czyli nauka o pomiarach organizmów żywych. W odniesieniu do człowieka

dyscyplinę tę określa się mianem antropometrii i definiuje jako dział antropologii fizycznej zajmujący się pomiarami ludzkiego ciała. Antropometry opracowali system pomiarów pomiędzy ściśle określonymi punktami na ludzkim ciele. Pomiaru te pozwalają określić proporcje zarówno

poszczególnych elementów twarzy, jak i całej sylwetki i porównać je, nawet gdy obrazy dowodowe i porównawcze różnią się rozmiarami. Inną metodą porównawczą wykorzystywaną do identyfikacji osób ze zdjęć i filmów jest superprojekcja. To jedna z podstawowych technik badań kryminali-

ciała; zwłaszcza gdy zawierają jakiś element charakterystyczny lub znaki szczególne.

#### Sprawa monitorowana

Przykładami ekspertyz wykonanych na podstawie wymienionych wyżej technik są przeprowadzone w Katedrze Medycyny Sądowej Collegium Medicum UMK w Bydgoszczy badania identyfikacyjne kibica podejrzanego o udział w zamieszkach podczas meczu piłkarskiego oraz mężczyzny podejrzanego o udział w bójce podczas dyskoteki. Obaj podejrzeni nie przyznawali się do popełnionych czynów. W przypadku kibica dysponowano dobrej jakości zdjęciami wykonanymi podczas zdarzenia przez funkcjonariuszy policji. Podejrzan miał twarz zasłoniętą szalikiem oraz częściowo kapturem. Widoczny był jedynie fragment lewej części twarzy wokół oka. Jako materiał dowodowy wykorzystano wykonane przez fotografa policyjnego wysokiej rozdzielczości zdjęcia podejrzanego. Twarz została na nich ustawiona w pozycji maksymalnie zbliżonej do widocznej na zdjęciu dowodowym. Pierwszym etapem badań było dopasowanie skali zdjęć względem wspólnych punktów odniesienia. Następnie za pomocą programu do analizy obrazu nałożono półprzezroczysty fragment fotografii porównawczej na fotografię dowodową. Uzyskano pełną zgodność kształtu oczu, oczodołów i nosa oraz częściową zgodność zarysu brwi. Rozbieżność wynikała z odmiennej mimiki. Wnioski z badań wskazywały na bardzo wysokie prawdopodobieństwo, że na obydwu fotografiach jest ta sama osoba. Z kolei w przypadku domniemanego uczestnika bójki porównywano rysunek tatuażu na plecach podejrzanego, widoczny na obrazie z kamery monitoringu. Uzyskano niemal całkowitą zgodność wzorów. Nieznaczne różnice wynikały z odmiennego układu i tonusu mięśni, których nie dało się odtworzyć podczas wykonywania fotografii porównawczej. Również w tym przypadku wnioskowano o wysokim prawdopodobieństwie, że jest to ta sama osoba. Niestety, w obydwu sytuacjach nie było możliwe precyzyjne obliczenie tego prawdopodobieństwa, jak czyni się to np. w opiniach z badań DNA. Podstawą do oszacowania prawdopodobieństwa są częstości występowania poszczególnych układów cech morfologicznych czy znaków szczególnych w populacji. Z uwagi na nieskończoną możliwość dostępnych wariantów zebranie takich danych wydaje się niemożliwe.

Pomimo opisanych trudności badania w zakresie rozpoznawania twarzy mogą być bardzo

**PODEJRZANY MIAŁ TWARZ ZASŁONIĘTĄ SZALIKIEM ORAZ CZĘŚCIOWO KAPTUREM. WIDOCZNY BYŁ JEDY- NIE FRAGMENT LEWEJ CZĘŚCI TWARZY WOKÓŁ OKA. JAKO MATERIAŁ DOWODOWY WYKORZYSTANO WYKO- NANE PRZEZ FOTOGRAFA POLICYJNEGO WYSOKIEJ ROZDZIELCZOŚCI ZDJĘCIA PODEJRZANEGO.**



stycznych o charakterze identyfikacyjnym. Polega na nakładaniu półprzezroczystego obrazu porównawczego na obraz dowodowy w celu oceny ich zgodności. Najbardziej znanym zastosowaniem tej metody jest identyfikacja poprzez zestawienie obrazu czaszki osoby zmarłej o nieznaną tożsamość ze zdjęciem osoby zaginionej, co do której istnieje przypuszczenie, że jest tą, od której czaszka pochodzi. W przypadku identyfikacji osób ze zdjęć lub filmów możliwe jest nie tylko dopasowywanie obrazu twarzy lub jej fragmentów, ale też innych części

Pracę antropologa sądowego znacznie ułatwia obecność znaków szczególnych u podejrzanych, w tym np. tatuaży



pomocnym narzędziem w poszukiwaniu osób winnych przestępstw albo świadków tych wydarzeń czy odtwarzaniu zdarzeń dotyczących osób zaginionych. Można się spodziewać, że dalszy rozwój cyfrowych metod rejestracji obrazu, technik jego analizy i algorytmów porównywania cech morfologicznych w połączeniu z wiedzą antropologiczną pozwoli w przyszłości dokonywać identyfikacji w sposób precyzyjny i mający znaczną wartość dowodową. ■

JB

#### \* System „wielolicowy”

Opisana technika automatycznego rozpoznawania twarzy jest wykorzystywana w systemach autoryzacji dostępu, w których zamiast kluczy, karty kodów czy zamków szyfrowych skanuje się wizerunek osoby ubiegającej się o wejście na teren zamknięty lub dostęp do urządzeń (np. komputerów). Podobne zastosowanie znajduje się w placówkach i punktach kontroli straży granicznej lub instytucjach o podobnym zakresie działań. Używa się jej tam do weryfikacji tożsamości osoby i autentyczności posiadanych przez nią dokumentów. Z punktu widzenia wymiaru sprawiedliwości najbardziej przydatnym aspektem funkcjonowania takich systemów jest rozpoznawanie osób zaginionych lub tych, które popełniły czyn zabroniony czy miały z nim jakiś związek.

# Niewidoczny ślad

Aby ustalić sprawcę przestępstwa, czasem wystarczy jeden mały, ale za to niezwykle cenny i niepodważalny dowód. Takim może być śladowy DNA, o którym rozmawiamy z dr. Rolandem van Oorschotem, kierownikiem ds. badań, rozwoju i innowacji na Wydziale Biologii w policji stanu Wiktorja (Australia).



## \* BIOGRAM

### DR ROLAND VAN OORSCHOT

Po ukończeniu studiów w Holandii i uzyskaniu stopnia doktora w Australii spędził dwa lata na Southwest Foundation for Biomedical Research w San Antonio w Teksasie (USA), gdzie zajmował się mapowaniem genów, a następnie pracował przez rok w Centre for Animal Biotechnology w Melbourne (Australia). W 1992 r. rozpoczął pracę w policji stanu Wiktorja (Australia), gdzie aktualnie zajmuje stanowisko kierownika ds. badań, rozwoju i innowacji na Wydziale Biologii. Dr van Oorschot opublikował ponad 100 artykułów w recenzowanych czasopismach naukowych i podręcznikach. Jest pracownikiem naukowym Uniwersytetu La Trobe w Melbourne, opracowywał recenzje artykułów zamieszczanych w czasopiśmie o zasięgu międzynarodowym. Jego aktualne zainteresowania badawcze dotyczą zbierania, typowania i transportu próbek śladowego DNA oraz uzyskiwania bardziej użytecznych informacji z dostępnego DNA dla celów dochodzeniowych.

#### Urszula Rogalla

**Pański artykuł zatytułowany „DNA fingerprints from fingerprints”, opublikowany w „Nature” w 1997 r., był pierwszym opisującym ideę analizy śladowego DNA. Czy mógłby Pan wyjaśnić, dlaczego był to moment przełomowy dla genetyki sądowej?**

#### dr Roland van Oorschot

Wówczas profile DNA udawało się pozyskiwać jedynie ze śladów biologicznych, których obecność można było stwierdzić gołym okiem, takich jak krew czy nasienie. Oczywistym jednak było, że wyniki badań DNA wnoszą bardzo wiele do śledztw i walki z przestępczością w ogóle. Odkrycie, że profil DNA można wyodrębnić także z przedmiotu jedynie dotkniętego przez człowieka, znacznie zwiększyło liczbę rodzajów powierzchni i dowodów rzeczowych potencjalnie użytecznych w śledztwach. Nie tylko otworzyło to nowe możliwości ujawniania DNA przestępcy na miejscu ciężkich przestępstw, jak zabójstwa czy poważne napaści, ale również pozwoliło wykorzystać badania DNA w sprawach, w których zazwyczaj nie było to możliwe, jak włamanie, kradzież samochodów, handel narkotykami i ich produkcja czy inne typy napadów (kiedy nie znajdowano krwi, ale napastnik dotykał jakichś przedmiotów). Nasze odkrycia z 1997 r. doprowadziły zatem do znaczącego wzrostu liczby spraw, w których uzyskane profile DNA miały istotny wkład w pomyślnie

zakończenie śledztwa czy przynajmniej sprowadzenie go na właściwe tory. W tym samym czasie zaczęto tworzyć bazy profili DNA przestępców z myślą o pomocy w identyfikacji recydywistów. Możliwość pozyskiwania profili DNA z szerszego spektrum dowodów rzeczowych przyczyniła się do sukcesu, jaki odniosły wspomniane bazy w obszarze powiązania spraw i szybkiej identyfikacji recydywistów. Badania śladowego DNA pozwalają również wyjaśnić stare, nierozwiązane sprawy i dają szersze możliwości pozyskiwania profili ante mortem.

#### Urszula Rogalla

**Czy mógłby Pan podać jakieś wskazówki dotyczące odpowiedniego pobierania próbek ze śladów potencjalnie zawierających minimalne ilości DNA?**

**ODKRYCIE, ŻE PROFIL DNA MOŻNA WYODRĘBNIĆ TAKŻE Z PRZEDMIOTU JEDYNIIE DOTKNIĘTEGO PRZEZ CZŁOWIEKA [...] POZWOLIŁO WYKORZYSTAĆ BADANIA DNA W SPRAWACH, W KTÓRYCH ZAZWYCZAJ NIE BYŁO TO MOŻLIWE, JAK WŁAMANIA, KRADZIEŻE SAMOCHODÓW, HANDEL NARKOTYKAMI I ICH PRODUKCJA.**

#### dr Roland van Oorschot

Po pierwsze, trzeba ustalić, gdzie dokładnie znajduje się interesujący nas materiał. Próbkę należy pobrać z całej wybranej strefy, unikając przy tym zabezpieczania obszarów okalających, na których nie spodziewamy się obecności DNA. Zawsze należy rozważnie dobierać technikę pobierania próbek. Dla przykładu na twardych powierzchniach najlepiej sprawdzą się waciki, podczas gdy materiał biologiczny z odzieży lepiej jest zabezpieczać z użyciem taśm. Podczas pobierania próbki wacikiem trzeba pamiętać, aby go zwilżyć i przecierać całą powierzchnię, lekko dociskając i obracając wacik. Doskonale wiemy, że pojedyncze przecieranie nie pozwoli zebrać całego obecnego w śladzie DNA, stąd zaleca się użycie przynajmniej jeszcze jednego wacika i poddanie obu wspólnej izolacji. Warto zauważyć, że po zebraniu materiału z użyciem wacików na przecieranej powierzchni nie powinno być już żadnej wilgoci.

#### Urszula Rogalla

**Czy uważa Pan, że wiarygodna analiza mieszanin DNA z takiego rodzaju śladów jest możliwa?**

#### dr Roland van Oorschot

Wszystko zależy od okoliczności. Wśród nich można wymienić liczbę osób, od których ma pochodzić mieszanina DNA, ilość bezwzględnej DNA i jego proporcje pomiędzy poszczególnymi dawcami. Ważne jest także to, czy poszukiwany profil jest komponentem większościowym i czy dysponujemy materiałem referencyjnym. Wykorzystanie zestawów do amplifikacji wielu loci STR o większej sile dyskryminacji, jak również markerów chromosomu Y czasem pomaga w analizie mieszanin i zwiększa możliwości wyciągnięcia najcenniejszych informacji. Zastosowanie mikrodysekcji laserowej (LCM, ang. Laser Capture Microdissection) i innych technik pozwalających rozdzielić komórki przed izolacją DNA umożliwia uniknięcie kłopotliwej analizy mieszanin DNA.

#### Urszula Rogalla

**Czy mógłby Pan krótko scharakteryzować pułapki związane z typowaniem śladowego DNA? Jakie obszary wymagają udoskonalenia?**

#### dr Roland van Oorschot

Istnieje szereg kierunków wprowadzania zmian, w tym projektowanie lepiej dopasowanych starterów, amplifikacja pełnych genomów i innych z nimi powiązanych. Po więcej szczegółów technicznych odsyłam do pracy przeglądowej na ten temat, zamieszczonej w czasopiśmie „Investigative Genetics” (van Oorschot i wsp., Investigative Genetics 2010, 1:14 doi:10.1186/2041-2223-1-14).

#### Urszula Rogalla

**Niektórzy naukowcy podają w wątpliwość słuszność badania śladowego DNA dla celów sądowych, wskazując na problemy związane z zanieczyszczeniami, transferem pośrednim i wynikami fałszywie dodatnimi. Czy te zagrożenia można zniwelować?**

#### dr Roland van Oorschot

Obowiązkiem genetyka sądowego jest podjąć każdy wysiłek mający na celu uzyskanie profilu DNA z dowodu rzeczowego, którego jakość na to pozwala, dla celów dochodzeniowo-śledczych. W przypadku wielu próbek wymienione problemy pozostają bez znaczenia. Jednak dla niektórych są istotne i dlatego genetyk sądowy sam powinien umieć ocenić ich wpływ. Ryzyko zanieczyszczenia próbek DNA zostało znacznie obniżone za sprawą wdrożenia dobrych programów szkoleń i stosowania się do procedur dotyczących odpowiedniego zabezpieczania materiału oraz wytycznych związanych z dobrymi praktykami laboratoryjnymi. Wprowadzenie badań środowiskowych i ustanowienie szerszych baz profili DNA może nadal zmniejszać ryzyko kontaminacji i jej negatywny wpływ na przebieg śledztwa. Dzięki ostatnim badaniom skoncentrowanym na poznaniu mechanizmów

transferu DNA będzie można w większym stopniu unikać zanieczyszczeń. Badania te dostarczają również cennych informacji pozwalających wysuwać wnioski o tym, jak DNA znalazł się na miejscu zdarzenia, co samo w sobie doskonale uzupełnia dane dotyczące dawcy śladu. Śladowy DNA nadal pozostanie cennym źródłem informacji, wysoce użytecznym dla organów ścigania. Na koniec chciałbym zwrócić uwagę, że badania, jakie przeprowadziłem w zakresie analizy śladowego DNA, odbyły się przy udziale wielu współpracowników.

Osoby, które zasługują na szczególne podziękowania, to Maxwell Jones, John Mitchell, Kaye Ballantyne, Jennifer Raymond i Mariya Goray.

## \* Ślady ze śladów



Śladowy DNA może pochodzić z różnych źródeł, jednak często pojęcie to jest związane z DNA pozostawionym po kontakcie dotykowym. Dotykowy DNA nie musi jednak powstawać wyłącznie w wyniku kontaktu dłoni z bronią, narzędziami, butelkami, przedmiotami codziennego użytku czy powierzchnią okna, drzwi, kierownicy, przełączników itd., ale również w wyniku kontaktu innych części ciała z przedmiotami, takimi jak okulary, odzież czy biżuteria. Tego rodzaju ślady często dostarczają o wiele więcej DNA, niż potrzebujemy do uzyskania profilu dobrej jakości. Śladowy DNA może być rozumiany rozmaicie. Roland van Oorschot definiuje go jako „każdą próbkę, której ilość pasuje się poniżej rekomendowanych granic na jakimkolwiek etapie analizy, od jej wykrycia aż do interpretacji uzyskanego profilu”.



# Coraz więcej odpowiedzi dzięki DNA

O kontrowersjach związanych z wykorzystaniem badań DNA w medycynie sądowej oraz o potencjalnych kierunkach rozwoju tej dziedziny rozmawiamy z prof. Manfredem Kayserem, szefem Wydziału Molekularnej Biologii Sądowej w Centrum Medycznym Uniwersytetu Erazma w Rotterdamie.



Obecnie wydział kierowany przez prof. Manfreda Kaysera pracuje m.in. nad metodami określania pochodzenia biogeograficznego człowieka na podstawie analizy DNA

krytyka skierowana w stronę sądowej analizy DNA w ogóle, tymczasem nie w tym rzecz. Opracowano pewne rekomendacje dotyczące analizy DNA o niskiej liczbie kopii, jednak poszczególni eksperci stosują własne zasady i stąd trudności w ujednoliceniu wytycznych. Nie ulega wątpliwości, że społeczność genetyków sądowych powinna opracować wspólne i obowiązujące we wszystkich laboratoriach wytyczne praktycznego wykorzystania niewielkich ilości DNA w analizie STR (jak miało to miejsce dla innego rodzaju badań). Mówiąc najkrócej, wspomniane wątpliwości dotyczą tylko części spraw analizowanych w laboratoriach genetyczno-sądowych; w większości przypadków dostępna do badań ilość DNA znacznie przekracza wartości krytyczne, zatem pozostaje bez związku z problemami typowania LCN DNA.

Tomasz Grzybowski

„Tradycyjne” metody typowania DNA oparte na autosomalnych loci STR wydają się mieć silną pozycję za sprawą zakrojonej na szeroką skalę walidacji i przede wszystkim wykorzystywania przez środowisko genetyków sądowych w ostatnim dwudziestoleciu. Nie spodziewanie jeden z komentarzy zamieszczonych w 2010 r. w czasopiśmie „Nature” został zatytułowany „Kryzys tożsamości DNA” (ang. „DNA’s identity crisis”). Czy w analizach DNA stosowanych dzisiaj dla celów sądowych jest coś niewłaściwego?

prof. Manfred Kayser

W sądowych badaniach STR nie ma niczego niewłaściwego; tak naprawdę stają się one coraz bardziej użyteczne w rozumieniu ogólnym. Jednak pytanie dotyczy raczej okoliczności, w których badania loci STR nie powinny być stosowane lub jeśli miałyby być wykorzystywane, to ze szczególną uwagą. Tym, czego dotyczyła w głównej mierze niedawna dyskusja w „Nature”, było raczej przesuwanie limitu technicznych ograniczeń typowania STR poprzez używanie coraz mniejszych ilości DNA z coraz mniejszych plam znajdujących na miejscu przestępstwa. Oczywiście, oczekiwania związane z uzyskiwaniem przez laboratoria genetyczno-sądowe użytecznych profili STR z minimalnych ilości DNA stale wzrastają. Nadal jednak toczy się akademicka dyskusja dotycząca tzw. typowania DNA z jego minimalnych ilości (LCN DNA), która, jak wskazuje wspomniana publikacja w „Nature”, przeniosła się do szerszych środowisk naukowych, a nawet mediów. Jest to trochę niefortunne, ponieważ typowy odbiorca tego rodzaju informacji nie posiada dostatecznej wiedzy, aby w konsekwencji nie uznać, że jest to

Tomasz Grzybowski

Współczesne porównawcze badania DNA rozwijają się niezwykle prężnie, możliwe są analizy coraz mniejszych próbek czy próbek zbyt zdegradowanych. Co Pańskim zdaniem można uznać za największy postęp w tej dziedzinie?

prof. Manfred Kayser

Przemysł wspiera genetyków sądowych poprzez opracowywanie i sprzedaż coraz bardziej czułych zestawów do analizy STR zawierających coraz więcej układów. Ostatnio zdecydowano o zwiększeniu liczby loci STR wykorzystywanych dla celów sądowych w Europie, a odpowiadające tym potrzebom komercyjne zestawy do analizy STR stały się dostępne niemal natychmiast. Podobnie w Stanach Zjednoczonych toczy się dyskusja dotycząca zwiększenia liczby loci w ramach systemu CODIS, a producenci opracowują już nowe zestawy, które obejmą zarówno loci systemu CODIS, jak i systemu europejskiego. Co więcej, dostępne są obecnie także zestawy do analizy tzw. loci miniSTR, pozwalające typować DNA z próbek zbyt zdegradowanych dla konwencjonalnej analizy STR. Innym przykładem współczesnych postępów genetyki sądowej w zakresie analizy STR jest wdrożenie procedur tzw. przeszukiwania rodzinnego (ang. familial searching) jako standardu w rosnącej liczbie krajów. Dzięki niemu możliwa jest identyfikacja nieznanego dawcy próbki z wykorzystaniem konwencjonalnego profilowania STR/miniSTR, nawet jeśli ich profile nie są zdeponowane w bazie DNA (ani nie są znane organom ścigania z innych



**Dzięki biomarkerom coraz częściej możliwe jest ustalenie wieku śladów zabezpieczonych na miejscu zdarzenia**

źródeł), jednak znajdują się w niej profile ich biologicznych krewnych. Oczywiście, blisko spokrewnione osoby mają więcej wspólnych alleli STR niż niespokrewnione, co – z pomocą statystycznej analizy podobieństw profili STR – pomaga identyfikować nieznaną przestępców. Metoda ta nie sprawdza się oczywiście w stosunku do wielu nieznaną przestępców, których bliscy nie byli dotąd notowani przez policję i ludzie ci pozostają niezidentyfikowani (mogą być jednak znalezieni dzięki tzw. sądowemu fenotypowaniu DNA, ang. Forensic DNA Phenotyping, FDP).

**Tomasz Grzybowski**

**Bezsprzecznie jesteśmy świadkami postępu w przewidywaniu pochodzenia i fenotypu dzięki badaniom DNA. Jednocześnie słyszymy głosy przeciwników takich badań, zwłaszcza z kręgów bioetycznych i prawniczych. Skąd bierze się ta krytyka i czy Pańskim zdaniem jest uzasadniona?**

**prof. Manfred Kayser**

To naprawdę zależy od kraju. Na przykład ustalenie fenotypu dla celów sądowych, w tym analiza DNA w kierunku widocznych cech zewnętrznych i pochodzenia biogeograficznego, jest regulowane, ale i prawnie dozwolone w Holandii. FDP jest również dopuszczalna w niektórych stanach USA, takich jak Teksas, przy czym właśnie tam dozwolone jest

także poszukiwanie cech związanych z chorobami poprzez analizę DNA (co w Holandii z kolei jest zabronione). Co więcej, w krajach funkcjonujących w systemie prawnym uznającym za dozwolone wszystko, co nie zostało zakazane, takich jak Wielka Brytania, badania DNA dla celów sądowych nakierowane na ustalenie cech fizycznych i pochodzenia są dozwolone z zasady (kwestia ta nie podlega szczególnym regulacjom prawnym). W niektórych państwach, np. w Niemczech, sądowa analiza DNA ograniczona jest w tej chwili do markerów znajdujących się w regionach niekodujących. Krótko mówiąc, nie wyklucza to badania DNA pod kątem ustalania wyglądu czy pochodzenia per se, ponieważ większość informatywnych markerów w tym zakresie znajduje się właśnie w regionach niekodujących DNA. Niemniej te niekodujące markery dostarczają informacji dotyczącej fenotypu za sprawą bezpośrednich powiązań z markerami kodującymi. Należy jednak mieć na uwadze, że w większości krajów ustawy dotyczące DNA opracowywano w czasach, kiedy sądowa analiza DNA ograniczona była jedynie do loci STR. Dziś wygląda to już zupełnie inaczej – niedawne postępy, jak przewidywanie niektórych cech ludzkiego wyglądu zewnętrznego, w tym najbardziej oczywistych: barwy tęczywki czy włosów, dostarczyły nowych możliwości wykorzystania dowodu z badań DNA dla celów śledczych. Potencjał ten, wnoszący wiele do medycyny sądowej, w tym choćby do

identyfikowania nieznaną sprawców, musi zostać odpowiednio przedstawiony społeczeństwu i przedstawicielom władzy ustawodawczej, aby sami zdecydowali, czy chcą go wykorzystać, czy nie. Bardzo istotnym aspektem są różnice w wykorzystaniu wiedzy pochodzącej z profilowania DNA w kierunku wyglądu czy pochodzenia i tradycyjnie ustalania profilu STR. Wyniki badań pozwalające określać niektóre cechy wyglądu zewnętrznego nie miałyby być przywoływane na sali sądowej, a jedynie służyć organom ścigania do zawężenia zazwyczaj obszernego kręgu osób podejrzanych. Różnica ta, przynajmniej w moim odczuciu, podważa sens tworzenia regulacji prawnych dla badań DNA ukierunkowanych na ustalenie pochodzenia czy cech zewnętrznych (w przeciwieństwie do badań mających na celu identyfikację osobniczą, których wynik ma bezpośrednie konsekwencje dla wytypowanej osoby). Ujmując to inaczej – czy istnieje jakieś prawo zezwalające policji przesłuchiwać świadków przestępstw w celu uzyskania informacji istotnych dla śledztwa? Nie wydaje mi się, a jednak tego rodzaju przesłuchania są rutynowymi czynnościami śledczymi. Profilowanie DNA w kierunku ustalenia wyglądu czy pochodzenia od spisywania zeznań świadków różni się jedynie znacznie większą dokładnością i możliwością statystycznego oszacowania niepewności. Szczepnie mówiąc, nie mogę zrozumieć etycznej dyskusji związanej z określeniem fenotypu na podstawie

DNA, ponieważ wygląd zewnętrzny nie jest sprawą poufną. Każdy, kto nas widział, jest w stanie opisać nasz wygląd, z policją włącznie (zwłaszcza że ta ma dostęp do bazy ze zdjęciami z dowodów osobistych). Stąd często podnoszony argument „prawa do niewiedzy” nie ma zastosowania w tym przypadku, ponieważ nie tylko my sami, ale także wielu innych ludzi ma wiedzę dotyczącą naszego

rodzajów tkanek poddawanych badaniom w toku śledztwa. Wiedza dotycząca rodzaju komórki, z której pozyskano profil STR odpowiadający profilowi osoby podejrzanej, ma kluczowe znaczenie przy ustalaniu, czy dana osoba faktycznie miała związek z danym przestępstwem. Dla tych celów opracowano analizy markerów mRNA, a ostatnio nawet mikroRNA i związanych z metylacją DNA,

w tym nawet opisanie kondycji psychicznej ofiary czy przestępcy w momencie zdarzenia. Mówiąc szczerze, sam spodziewam się podobnego rozkwitu na polu wykorzystywania DNA i innych markerów biologicznych dla celów śledczych, jakiego świadkami byliśmy w przypadku identyfikacji osobniczej w ciągu ostatnich dziesięcioleci.

**W KRAJACH FUNKCJONUJĄCYCH W SYSTEMIE PRAWNYM UZNAJĄCYM ZA DOZWOLONE WSZYSTKO, CO NIE ZOSTAŁO ZAKAZANE, TAKICH JAK WIELKA BRYTANIA, BADANIA DNA DLA CELÓW SĄDOWYCH NAKIEROWANE NA USTALENIE CECH FIZYCZNYCH I POCHODZENIA SĄ DOZWOLONE Z ZASADY. W NIEKTÓRYCH PAŃSTWACH, NP. W NIEMCZECH, SĄDOWA ANALIZA DNA OGRANICZONA JEST OBECNIE DO MARKERÓW ZNAJDUJĄCYCH SIĘ W REGIONACH NIEKODUJĄCYCH.**

wyglądu. Niemniej sytuacja może, ale nie musi, wyglądać inaczej przy badaniu pochodzenia. W szczególnych przypadkach mieszanego pochodzenia, np. kiedy domieszka innej grupy etnicznej nastąpiła wiele pokoleń temu, żadne cechy z nią związane mogą już nie być widoczne; stąd określenie pochodzenia na podstawie DNA może czasem ujawnić coś, o czym osoba badana mogła nie wiedzieć, co trudniej jest obronić w obliczu przywołanego już „prawa do niewiedzy”. Większość ludzi nie ma jednak mieszanego pochodzenia, jeśli brać pod uwagę główne grupy etniczne odmienne pod względem wyglądu zewnętrznego. Stąd, jeśli nasi przodkowie pochodzą z tego samego szeroko pojętego regionu geograficznego, genetyczne ustalanie pochodzenia nie dostarczy niespodzianek, które mogłyby spowodować wspomniane problemy natury etycznej.

**Tomasz Grzybowski**

**Tym, co jest szczególnie interesujące dla osób związanych ze śledztwem, jest rekonstrukcja wydarzeń na miejscu przestępstwa bezpośrednio na podstawie znalezionych biomarkerów. Jakie są główne osiągnięcia i drogi rozwoju tej dziedziny?**

**prof. Manfred Kayser**

Jedną z dróg rozwoju medycyny sądowej jest zwiększanie dokładności i rzetelności identyfikacji

które aktualnie poddawane są kolejnym procedurom walidacyjnym. Innym istotnym zagadnieniem jest możliwość ustalania wieku śladów zabezpieczonych na miejscu zdarzenia. Ostatnie badania wskazują, że różne właściwości związane z degradacją rozmaitych markerów biologicznych (takich jak różne typy RNA) mogą mieć zastosowanie w szacowaniu wieku próbek biologicznych, dając informację o liczbie dni, tygodni i miesięcy, które próbka „spędziła” w danym miejscu. Niemniej jest to wciąż dalekie od praktycznej implementacji w rutynowych działaniach, choćby ze względu na konieczność udokumentowania degradacji różnego rodzaju próbek przy zmiennych warunkach środowiskowych typowych dla miejsc przestępstw, jak temperatura czy wilgotność. Bardziej obiecująco wyglądają inne techniki mające na celu wskazywanie czasu – w odniesieniu do 24-godzinnego cyklu dobowego – w którym ślad biologiczny miałby powstać. Niedawne badania prognostyczne wskazały na użyteczność hormonów, których stężenie zmienia się w cyklu okołodobowym (jak melatonina) dla określenia czasu powstania śladu. Trwają prace nad oszacowaniem przydatności innych substancji, które mogłyby pomóc w zawężaniu szacunków dotyczących ram czasowych powstawania śladów. Można oczekiwać, że w przyszłości opracowane zostaną nowe biomarkery pomagające w dokładniejszym ustaleniu okoliczności popełnienia przestępstwa,

## \* BIOGRAM

PROF. MANFRED KAYSER



Kieruje obecnie Wydziałem Molekularnej Biologii Sądowej w Centrum Medycznym Uniwersytetu Erazma w Rotterdamie (Holandia). Jest autorem lub współautorem ponad 120 artykułów opublikowanych w recenzowanych czasopiśmie naukowych poświęconych biologii molekularnej, genetyce lub medycynie sądowej. Wygłosił 145 wykładów na zaproszenie organizatorów konferencji i kursów w instytucjach naukowych w wielu krajach. Był recenzentem prac i projektów nadsyłanych do redakcji ponad 25 periodyków naukowych, a także dla organizacji naukowych różnych państw. Obecnie jego wydział pracuje nad aktualnymi zagadnieniami z zakresu genetyki sądowej, takimi jak określenie pochodzenia biogeograficznego i predykcja cech fizycznych człowieka na podstawie analizy DNA. Zajmuje się również badaniami z zakresu molekularnej biologii sądowej, takimi jak wyznaczanie czasu pozostawienia próbek biologicznych na miejscu zbrodni przy użyciu biomarkerów związanych z cyklem dobowym oraz określenie pochodzenia tkankowego próbek z miejsca zbrodni za pomocą markerów RNA.

## KONTAKT:

**prof. dr hab. Tomasz Grzybowski**  
kierownik Katedry Medycyny Sądowej  
oraz Zakładu Genetyki Molekularnej i Sądowej  
genetyczne badania ojcostwa i inne badania  
pokrewieństwa, identyfikacja szczątków ludzkich,  
badania pokrewieństwa w linii żeńskiej (mtDNA),  
badania pochodzenia ewolucyjnego linii żeńskiej

> [tgrzyb@cm.umk.pl](mailto:tgrzyb@cm.umk.pl)

**prof. dr hab. Karol Śliwka**  
kierownik Zakładu Medycyny Sądowej  
tanatologia, orzecznictwo, toksykologia sądowa

> [kizmedsad@cm.umk.pl](mailto:kizmedsad@cm.umk.pl)

**dr Marcin Woźniak**  
genetyczna identyfikacja śladów biologicznych,  
badania pokrewieństwa w linii męskiej (chromosom Y),  
badania pochodzenia ewolucyjnego linii męskiej

> [marcinw@cm.umk.pl](mailto:marcinw@cm.umk.pl)

**dr Jarosław Bednarek**  
badania morfologiczno-porównawcze włosów,  
antropologia sądowa

> [bednarek@cm.umk.pl](mailto:bednarek@cm.umk.pl)



**ZAKŁAD GENETYKI  
MOLEKULARNEJ I SĄDOWEJ**  
Uniwersytet Mikołaja Kopernika  
Collegium Medicum – Katedra Medycyny Sądowej

**Katedra Medycyny Sądowej Collegium Medicum UMK**  
Zakład Genetyki Molekularnej i Sądowej  
ul. Marii Skłodowskiej-Curie 9, 85-094 Bydgoszcz  
tel. 52. 585.35.52  
fax 52. 585.35.53

> [kizmedsad@cm.umk.pl](mailto:kizmedsad@cm.umk.pl)