

**w**orking**papers**

spring/2024-5

ISSN: 2956-9591

# **GENETYKA W SŁUŻBIE TEMIDY – DNA, JAKO MATERIAŁ DOWODOWY**

**LESZEK MALKIEWICZ**

Jelenia Góra / 2024

Karkonoska Akademia Nauk Stosowanych  
Riesengebirgsakademie der Angewandten Wissenschaften  
Krkonošská Akademie Aplikovaných Věd  
Karkonosze University of Applied Sciences



KARKONOSKA AKADEMIA NAUK STOSOWANYCH  
w Jeleniej Górze

Centrum Badań Interdyscyplinarnych i Wydawnictw

WORKING PAPERS

5/2024

**GENETYKA W SŁUŻBIE TEMIDY  
- DNA, JAKO MATERIAŁ DOWODOWY**

---

LESZEK MALKIEWICZ



**Working Papers, spring/2024-5**

**Centrum Badań Interdyscyplinarnych i Wydawnictw**

**Karkonoska Akademia Nauk Stosowanych**

**Redakcja naukowa serii: Aleksander Żołnierski**

**Projekt serii: CBLiW**

**©Karkonoska Akademia Nauk Stosowanych**

**Wydawca:**

Karkonoska Akademia Nauk Stosowanych w Jeleniej Górze  
ul. Lwówecka 18  
58-506 Jelenia Góra

**Jelenia Góra, maj 2024**

**ISSN: 2956-9591**

Materiały do druku prosimy składać pod adresem Karkonoskiej Akademii Nauk Stosowanych w Jeleniej Górze. Redakcja nie zwraca materiałów niezamówionych i zastrzega sobie prawo redagowania tekstów. Wszystkie prace nadesłane do redakcji są poddawane anonimowej procedurze recenzyjnej. Prace należy opracować zgodnie z *Zasadami przygotowania tekstów do druku* umieszczonymi na stronie internetowej KANS. Nadsyłając prace do czasopisma, autorzy wyrażają zgodę na ich publikację w formie papierowej i elektronicznej (PDF) oraz na ujawnienie adresu poczty elektronicznej.

**Leszek Malkiewicz**- autor jest pracownikiem dydaktycznym Karkonoskiej Akademii Nauk Stosowanych. Zajmuje się dydaktyką na kierunkach Pielęgniarstwa, Dietetyki i Fizjoterapii w dziedzinie prawa i zagadnień związanych z chorobami wewnętrznymi.

### **Streszczenie:**

Odkrycia w zakresie genetyki, jakie miały miejsce w XX wieku pozwalają na wykorzystanie badań DNA w szeregu czynności związanych z postępowaniem sądowym. Zgodnie z treścią odpowiednich przepisów Kodeksu postępowania karnego, jeżeli stwierdzenie okoliczności mających istotne znaczenie dla rozstrzygnięcia postępowania, wymaga wiadomości specjalnych, zasięga się opinii biegłego, także w dziedzinie genetyki. Nie sposób bowiem uciec od osiągnięć genetyki w zakresie identyfikacji i wykluczenia pochodzenia określonego śladu biologicznego. Nie umniejszając jednak roli nauki, należy odróżnić ekspertyzę materiału genetycznego rozumianą jako proces badania czy analizy śladu biologicznego od wprzęgnięcia jej wyników do procesu karnego lub cywilnego.

**Słowa kluczowe:** Genetyka, DNA, genetyka sądowa

### **Abstract:**

The big breakthrough in genetics that took place in the 20th century allow the use of DNA testing in a number of activities related to forensic genetics. Pursuant to the relevant provisions of the Code of Criminal Procedure, if the determination of circumstances that are important for the resolution of the proceedings requires special information, an expert opinion is sought, also in the field of genetics. It is impossible to escape the achievements of genetics in identifying and excluding the origin of a specific biological trace. However, without diminishing the role of science, it is necessary to distinguish between the expertise of genetic material understood as the process of research or analysis of a biological trace and the implementation of its results in a criminal or civil trial.

**Keywords:** Genetics, DNA, forensic genetics



# Genetyka w służbie Temidy

## – DNA, jako materiał dowodowy

---

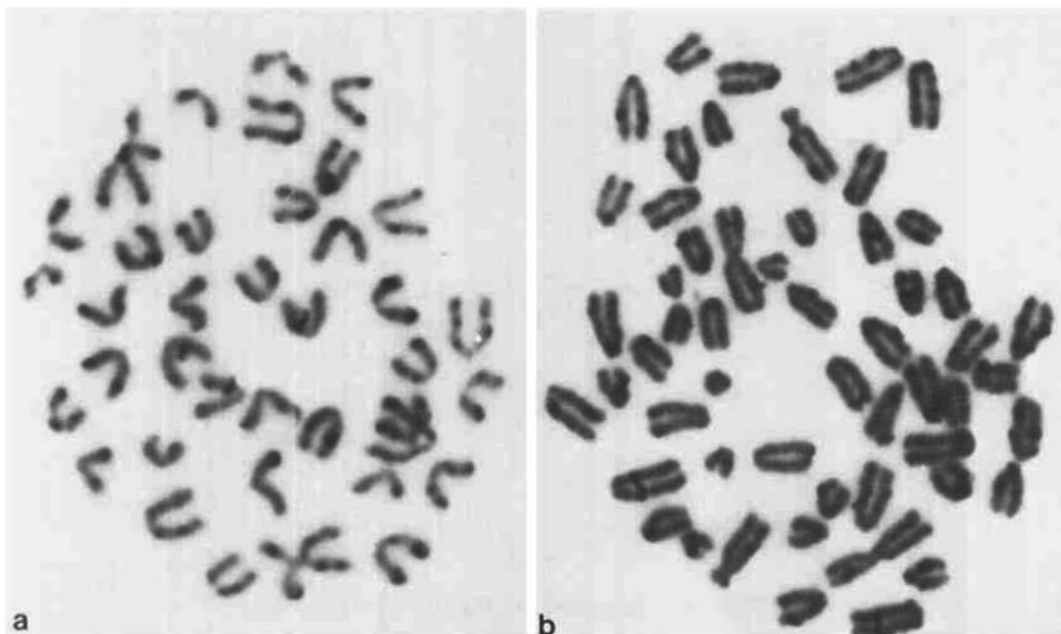
### Słowem wstępu – nieco historii genetyki

Burzliwy rozwój nauk, a w szczególności biologii, patologii, histologii, anatomii stał się możliwy dzięki odkryciom i zastosowaniu w tych dziedzinach nauk technicznych w XIX wieku oraz – w XX wieku – genetyki. Za prekursora tej ostatniej uznawany jest Grzegorz Mendel urodzony w 1822 roku na Czeskim Śląsku przyrodnik, zakonnik i opat zakonu augustianów w Brnie, gdzie prowadził swoje badania. Okrył on, że cechy, takie jak kolor kwiatów, są przekazywane z pokolenia na pokolenie. Zjawisko to przypisał obecności jakiegoś czynnika dziedzicznego, opisał też zasady dziedziczenia cech dominujących i recesywnych. Głównym błędem badaczy i hodowców, który uniemożliwił zrozumienia mechanizmów dziedziczenia, było to, że śledzili oni rozwój jedynie wybranych cech, wszelkie inne ignorując. Mendel nie popełnił tego błędu - obserwował wszystkie indywidualne cechy poprzez kolejne pokolenia. Wybrał rośliny, u których widoczne były cechy takie jak: długie lub krótkie strąki, kwiaty koloru białego lub czerwonego, nasiona gładkie lub pomarszczone i kolor nasion albo żółty albo zielony. Skrzyżował ze sobą dwie odmiany, a cechy, jakie otrzymał w pierwszym pokoleniu nazwał dominującymi. Zauważył ona także, że cechy recesywne również się ujawniają, w odpowiednich warunkach w drugim pokoleniu (u wnuków).

Jakkolwiek prace Mendla nie zdobyły uznania u jego współczesnych, to zostały w 1900 r. ponownie „odkryte” przez De Vriesa i E. Tschermaka. W roku tym także Karol Leidsteiner wraz z Ludwikiem Hirszfoldem odkryli zjawisko polimorfizmu krwi (grupy A, B, 0). Kierunek ten został nazwany mendlizmem opierającym się na założeniu, że każda cecha organizmu jest uzależniona od odrębnego czynnika dziedzicznego

blżej nieokreślonych zawiązków nazwanych genami, a poszczególne cechy są dziedziczone niezależnie od siebie. Twórcą nowoczesnej, chromosomowej teorii dziedziczności był T. Morgan, który twierdził, że w jądrach komórek płciowych skupiona jest substancja dziedziczna w postaci materialnych cech organizmu. Przekazywanie cech odbywa się liniowo przechodząc w chromosomach z pokolenia na pokolenie. Teoria morganizmu upatruje źródło zmienności organizmów w jedynie przypadkowej mutacji genów zakładając ich niezmienność. Niezmienność dziedziczenia cech nabytych przez organizm. Odrębnym kierunkiem była teoria upatrująca istotę dziedziczności w procesach biochemicznych i przypisująca decydującą rolę w zjawiskach dziedziczności kwasom nukleinowym. Kierunek ten zapoczątkował genetykę molekularną, której podstawy stanowi współczesna ekspertyza genetyczna.<sup>1</sup>

Rys. 1. Wygląd chromosomów metafazowych linii komórkowej.



Źródło: Bregula, U. and Levan, A. (1985), Double minutes in a cell line from mouse fibroblasts grown under nonselective conditions. Suppression of a double minute-free sideline by in vivo environment. *Hereditas*, 102: 259-276. <https://doi.org/10.1111/j.1601-5223.1985.tb00625.x>

Pierwsze odkrycie cząsteczki DNA i jej struktury zawdzięczamy szwajcarskiemu biochemikowi Friedrichowi. Dokonał on tego w 1869 roku. To Friedrich wyodrębnił cząsteczkę kwasu dezoksyrybonukleinowego z roplia – *nucleus* – stąd nazwa -

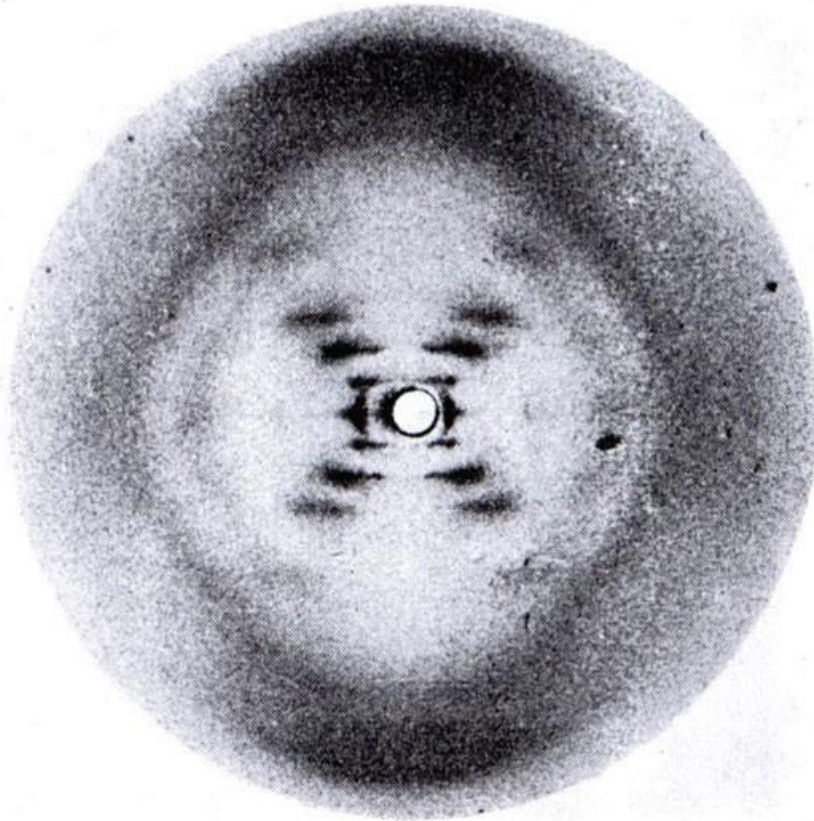
<sup>1</sup> Seyda B., *Dzieje medycyny w zarysie*, PZWL Warszawa 1973, s. 228-231.

nukleina. Kolejne badania ujawniły, że w/w nukleina ma charakter kwasowy, co doprowadziło do zmiany jej nazwy na kwas nukleinowy i nazwa ta utrzymała się do dzisiaj. Ponad pół wieku świat czekał na odkrycie struktury i funkcji DNA. Miescher, pracujący w laboratorium chemicznym Feliksa Hoppe-Seylera, kontynuował badania nad tymi cząsteczkami i udało mu się wyodrębnić także kwas nukleinowy z drożdży. Inny spośród następców Hoppe-Seylera, Albert Kossel, miał dokonać w kolejnych latach analizy chemicznej kwasu nukleinowego. Jego badania wykazały, że kwas ten budują cztery zasady azotowe, nadał im on nazwy: adenina, cytozyna, guanina i tymina. Innym badaczem oddanym poszukiwaniom prawdziwej natury DNA był Phoebus Levene, który przez ponad 20 lat dokonywał dokładnych analiz kwasów nukleinowych. W 1911 roku wykazał, że drożdżowy kwas nukleinowy zawiera cukier z pięcioma atomami węgla - rybozę. Doprowadziło to do odkrycia dwóch odmian kwasów nukleinowych: kwasu rybonukleinowego (RNA) i dezoksyrybonukleinowego (DNA). Kontynuując eksperymenty do 1934 roku, ustalił, że oba rodzaje kwasów zbudowane są z nukleotydów, które zawierają rybozę, albo dezoksyrybozę, a także grupę fosforanową i jedną z czterech zasad azotowych. Cytolog Walter S. Sutton w 1904 roku zasugerował, że może istnieje jakiś związek między parami alleli z teorii Mendla i łączeniem się chromosomów w pary. Wówczas zaistniała już możliwość założenia cytologicznej teorii dziedziczenia. Mniej więcej w tym samym okresie chemik Robert Feulgen odkrył specyficzną substancję barwiącą kwasy nukleinowe na czerwono. Okazało się, że barwnik ten działa w podobny sposób na chromosomy, co doprowadziło do wykształcenia poglądu, że to właśnie chromosomy przenoszą informację genetyczną. W 1928 roku Frederic Griffith podczas eksperymentów z ze szczepem bakterii niebędących przyczyną zapalenie płuc (*Pneumococcus species*) odkrył, że może dokonać się w nich zmiana w kierunku zaistnienia jakiś czynników patologicznych wywołujących u zakażonego poważne, zagrażające życiu objawy chorobowe. Wpływ na to miała substancja otaczająca martwe bakterie, którą po identyfikacji (dokonano tego odkrycia dopiero w 1944 roku) okazał się być kwas dezoksyrybonukleinowy. Kolejnych odkryć dokonał amerykański biochemik Erwin Chargaff, który analizował kwasy DNA wyodrębnione z komórek różnych gatunków. Okazało się, że zawierały one tyle samo adeniny, co tyminy, a guaniny tyle co cytozyny. Ale prawdziwa i właściwa era genetyki rozpoczęła się od dwóch badaczy – Amerykanina Jamesa Watsona i Brytyjczyka Francisa Cricka, którzy prowadzili na początku lat 50-tych XX wieku, na Uniwersytecie w Cambridge badania dotyczące struktury DNA. Rozwiązanie problemu struktury cząsteczki DNA znaleźli wraz z Brytyjką Rosalind



Franklin. Prowadziła ona badania nad dyfrakcją promieni rentgenowskich w Laboratorium Biofizycznym College'u w Cambridge. Okazało się, że ta metoda umożliwia zobrazowanie struktury związków chemicznych. Franklin zastosowała tę metodę w pracach nad DNA, co sprawiło, że udało się odkryć, jaki kształt mają cząsteczki kwasu dezoksyrybonukleinowego.

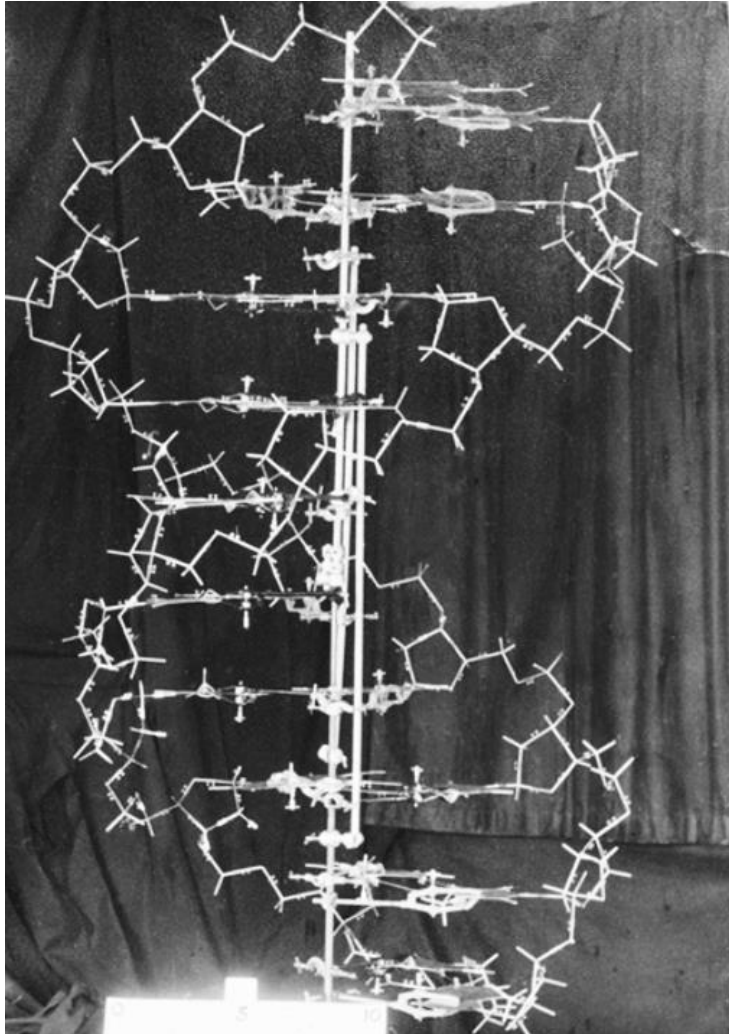
Rys. 2. Zdjęcie DNA metodą dyfrakcji rentgenowskiej wykonane przez Rosalind Franklin, które posłużyło jako kluczowy dowód w ustaleniu struktury DNA.



źródło: Maddox, B. The double helix and the 'wronged heroine'. Nature 421, 407–408 (2003). <https://doi.org/10.1038/nature01399>

Informacje uzyskane z różnych eksperymentów, Watson i Crick połączyli w całość i stworzyli pierwszy model cząsteczki DNA. Przedstawili swoje osiągnięcie w 1953 roku. W prezentacji udało się wykazać, że cząsteczka kwasu dezoksyrybonukleinowego ma kształt drabinki, skręconej jednak śrubowo wokół własnej osi, co profesjonaliści do dzisiaj nazywają podwójną helisą.

Rys. 3. Oryginalny model struktury DNA autorstwa Watsona i Cricka.



źródło: Watson, J.D., and F.H.C. Crick. 1953. A structure for deoxyribose nucleic acid. *Nature* 171:737-738; Wilkins, M.H.F., A.R. Stokes, and H.R. Wilson. 1953. Molecular structure of deoxyribose nucleic acids. *Nature* 171:738-740; Franklin, R., and R.G. Gosling. 1953. Molecular configuration in sodium thymonucleate. *Nature* 171:740-741. za: [undsci.berkeley.edu/the-science-checklist-applied-solving-dnas-double-helix/](http://undsci.berkeley.edu/the-science-checklist-applied-solving-dnas-double-helix/)

Adenina i guanina okazały się być związkami dwupierścieniowymi (purynami), natomiast cytozyna i tymina wykazywały obecność tylko jednego pierścienia (należą więc do pirymidyn). Za swoje odkrycie w 1964 roku otrzymali nagrodę Nobla z dziedziny medycyny.

## Materiał genetyczny, jako materiał dowodowy

Ekspertyza materiału genetycznego, tak jak każda inna ekspertyza zlecana w toku procesu karnego, jest wynikiem ustalenia i przekonania, że okoliczności mające istotne znaczenie dla rozstrzygnięcia sprawy wymagają wiadomości specjalnych. Zarówno w toku postępowania przygotowawczego - prokurator, jak też już w postępowaniu jurysdykcyjnym – sądy, w sytuacji takiej muszą wydać stosowne postanowienie o powołaniu biegłego i sporządzeniu niezbędnej ekspertyzy. Zgodnie z treścią odpowiednich przepisów Kodeksu postępowania karnego, jeżeli stwierdzenie okoliczności mających istotne znaczenie dla rozstrzygnięcia, wymaga wiadomości specjalnych, zasięga się opinii biegłego albo biegłych. Interpretacja tego przepisu, tak w judykaturze, jak i doktrynie, nie pozostawia raczej żadnych wątpliwości, co do tego, że powołanie biegłego w sytuacji, o jakiej mowa w § 1 tego przepisu nie jest prawem, a obowiązkiem sądu. Jeśli więc w sprawie koniecznym było zasięgnięcie opinii biegłego, to dowodu z biegłego nie można zastąpić innym dowodem.<sup>2</sup> Samo pojęcie wiadomości specjalnych jest bardzo szerokie. Obejmuje swoim zakresem wiadomości z zakresu szczegółowych dyscyplin naukowych, a także wiedzę praktyczną, nabytą w czasie wykonywania chociażby określonego zawodu. Nie można uregulować zwłaszcza w ustawie ani przewidzieć w praktyce różnorodnych okoliczności, które mogą wymagać wiadomości specjalnych<sup>3</sup>. Przez wiadomości specjalne rozumie się tutaj informacje nieznanne przeciętnemu człowiekowi, zdobyte w trakcie nauki przez pewne osoby w drodze uzyskania formalnego, odpowiedniego wykształcenia bądź przez wykonywanie określonego zawodu pozwalające na zdobycie wykształcenia w danej dziedzinie powyżej przeciętnego poziomu. Samo posiadanie wiadomości specjalnych nie wystarcza by być dostarczycielem dowodu w postaci opinii, najpierw bowiem trzeba uzyskać procesowy status biegłego, do czego potrzebna jest decyzja organu procesowego. Innymi słowy warunkiem *sine qua non*, aby ekspertyza miała przymiot wartości dowodowej niezbędnym jest fakt uprzedniego postanowienia organu procesowego o powołaniu biegłego<sup>4</sup>. Dodatkowo niezbędny jest tu nienaganny status moralny osoby powoływanej do sporządzania ekspertyz sadowych.

---

<sup>2</sup> II KK 331/2006 Krakowskie Zeszyty Sądowe 2007/10 poz. 35.

<sup>3</sup> Zob. III KK 228/2007, Biuletyn Sądu Najwyższego 2008/10.

<sup>4</sup> Zob. V KK 137/2008, Biuletyn Prawa Karnego 2009/1.

Z uwagi na swą rolę oceniającą i rozstrzygającą zbliża się biegły poniekąd do funkcji sędziego. Podobnie jak sędzia, musi on rozstrzygnąć przedstawione mu kwestie na podstawie swej wiedzy specjalnej i zgodnie z jej zasadami; podobnie również jak sędzia, musi on w tym celu przeprowadzić w zasadzie odpowiednie badanie, połączone niejednokrotnie z dokonywaniem własnych ustaleń na podstawie prowadzonych czasem przez biegłych *sui generis* postępowań dowodowych<sup>5</sup>. Stąd też jego świadectwo ma podobną strukturę logiczną jak orzeczenie sądowe (stwierdzenie faktów). Biegły także musi ten materiał skonfrontować z odpowiednimi zasadami naukowymi oraz wyciągnąć stąd właściwe wnioski, będące rozstrzygnięciem kwestii specjalnej stanowiącej przedmiot postępowania. Dlatego też, podobnie jak od sędziego, wymaga się od biegłego określonej wiedzy i odpowiedniego przygotowania. Nie ma żadnych wątpliwości, że we wszelkich sprawach rozstrzyganych procesowo, jeśli istnieje konieczność zaangażowania dowodu genetycznego, musi być powoływany ekspert z zakresu genetyki, który sporządzi na użytek procesu stosowną opinię.

Coraz częściej, ekspertyzy, w tym materiału genetycznego, zleca się dzisiaj także na potrzeby prywatne. Związane to jest niewątpliwie z łatwiejszym dostępem do ośrodków wykonujących takie badania. Stosunkowo niskie koszty tych badań zachęcają zainteresowane osoby do używania tego środka w różnych sferach życia codziennego. Nie można tu nie wspomnieć chociażby o kwestiach ustalania pokrewieństwa, czy wręcz prywatnych śledztw w sprawach zdrad małżeńskich i rozmaitych tajemnic rodzinnych. Zauważa się nawet próby wykorzystania analizy materiału genetycznego w sprawach drobnych kradzieży międzysąsiedzkich, w których z różnych powodów poszkodowani i pokrzywdzeni nie zawiadamiają organów ścigania i prowadzą śledztwa na własną rękę.

Popularność badań materiału genetycznego nierozzerwalnie wiąże się z doniesieniami medialnymi i sztuki filmowej o niezawodności tych ekspertyz. Rodzi to wiele problemów, z których niektóre mogą ocierać się o granicę prawa karnego.

Różne badania prywatne (z powodów komercyjnych) o charakterze ekspertyz nie mają waloru dowodowego. W rozumieniu procesowym dokumenty takie choćby sporządzone przez wiarygodne podmioty badawcze, instytuty, autorytety naukowe nie staną się dowodem, jeżeli zostaną wprowadzone do procesu przez innego uczestnika postępowania niż organ orzekający. Same opinie prywatne, czyli

---

<sup>5</sup> Ibidem.

pisemne opracowania zlecone przez innych uczestników postępowania aniżeli uprawnione do powołania biegłego organy procesowe, nie są opiniami w rozumieniu art. 193 k.p.k. w zw. z art. 200 § 1 k.p.k. i nie mogą stanowić dowodu w sprawie. Pozaprocessowymi opiniami są także te, które zostały sporządzone na użytek procesu, jednakże nie zlecone przez organ procesowy, jak i te całkiem prywatne nie mające żadnego znaczenia w procesie karnym, czy cywilnym. Przykładowo wskazać można badania genetyczne związane z przetwórstwem rolno-spożywczym.<sup>67</sup>

Podobny charakter mają też ekspertyzy materiału genetycznego sporządzane w szeroko rozumianej epidemiologii, a także w diagnostyce lekarskiej. Obecnie lekarz może sporządzić taką ekspertyzę nieomalże przy łóżku chorego ustalając szybko i perfekcyjnie rodzaj patogenu, który spowodował dany obraz chorobowy. Ustalenie także koniecznego leczenia, a zwłaszcza oporności bakterii na antybiotyki jest możliwe w niektórych sytuacjach dzięki ekspertyzie materiału genetycznego. Modyfikuje to leczenie i umożliwiając niekiedy niezwłoczne zastosowanie celowanej antybiotykoterapii. Takie podejście do stanów chorobowych i możliwości wyśledzenia pochodzenia patogenu chorobotwórczego daje aktualnie nie tylko teoretycznie możliwość *in statu nascendi*, przy łóżku chorego natychmiastowe i bezwzględne zastosowanie odpowiedniej terapii, chociażby chemioterapeutycznej lub antybiotykowej.

Państwowe służby sanitarne posługują się już obecnie metodami ekspertyzy materiału genetycznego do określania rodzaju bakterii ewentualnie wirusów znajdujących się w obszarze badania. W taki sposób można wykryć zarówno czynnik chorobotwórczy związany z zakażeniami wewnątrzszpitalnymi, jak i coraz częściej zdarzającymi się zakażeniami w miejscach pobytu ludzi takich jak restauracje, hotele, baseny, parki, kina, szkoły, przedszkola, żłobki, kościoły, schroniska dla zwierząt itp.<sup>8</sup>

Istotnym zagadnieniem obejmującym swym zakresem pozaprocessową ekspertyzę genetyczną jest problem ustalenia przy pomocy materiału biologicznego tożsamości ofiar masowych wypadków zdarzających się np. w górnictwie, w ruchu lądowym, morskim i powietrznym. Zwłaszcza w sytuacji, kiedy jednocześnie giną setki,

---

<sup>6</sup> Zob. E. Walczak i in., RAPD with microsatellite as a tool differentiation of *Candida* genus yeasts isolated in brewing, *Food Microbiology*, Nr 24, 2007, s. 305-312.

<sup>7</sup> Zob. też Ustawa z dnia 22 czerwca 2001 r. - o organizmach genetycznie zmodyfikowanych (Dz.U. 2001 r., Nr 76 poz. 811)

<sup>8</sup> Zob. N. Patterson, D. J. Richter, S. Gnerre, E. S. Lander, D. Reich, Genetic evidence for complex speciation of humans and chimpanzees, *Nature* 441, 2006, s. 1103-1108.

a niekiedy i tysiące ludzi. Zdarza się, że identyfikacji za pomocą ekspertyzy DNA wymagają ofiary kataklizmów i aktów terroru<sup>9</sup>. Cechą wspólną dla takich sytuacji jest duża liczba ofiar, z reguły na niewielkim obszarze, gdzie prosta identyfikacja jest niemożliwa ze względu na zmasakrowanie ciał. Szacuje się, że już obecnie ok. 25% wszystkich identyfikacji opisanych wyżej zdarzeń dokonuje się na podstawie ekspertyzy materiału genetycznego. Według R. Pawłowskiego – z Zakładu Medycyny Sądowej w Gdańsku – stopień pewności, że identyfikowana osoba jest tą, której materiałem porównawczym biegły dysponuje jest wysoki, ale nigdy w 100% pewny. Wszystko opiera się na większym lub mniejszym prawdopodobieństwie, które zależy między innymi od stanu ciał ofiar, działania lub nie wysokich temperatur oraz sposobu i możliwości wyizolowania materiału DNA. Jednak w każdym przypadku musi istnieć materiał porównawczy, bowiem jego brak powodować może wątpliwą skuteczność identyfikacyjną tej metody. Zdaniem R. Pawłowskiego ze 100% pewnością nauka obecnie może wykluczyć, iż ofiara była spokrewniona z osobą, od której pobrano materiał DNA.<sup>10</sup> Jako źródło ewentualnych pomyłek, wskazuje się także, na możliwość pomieszczenia materiału genetycznego wskutek przenikania się zmasakrowanych ciał. Pomimo tych wszystkich trudności trzeba przyjąć, że badania genetyczne, a zwłaszcza ekspertyza DNA mogą być niekiedy ostatnią próbą faktycznego zidentyfikowania i przypisania danych szczątków konkretnej osobie przy nawet najbardziej tragicznych zdarzeniach<sup>11</sup>.

## Problematyka profilowania DNA

Jak do niedawna ekspertyza daktyloskopijna, tak obecnie profilowanie DNA stanowi istotną metodę identyfikacyjną. Rozwój badań genetycznych, a w szczególności badania nad polimorfizmem DNA dotyczącym sekwencji mikrosatelitarnych STRP (*Short Tandem Repeat Polymorphism*) i minisatelitarnych VNTR (*Variable Number of Tandem Repeats*) pozwolił na wprowadzenie do kryminalistyki nowych w zasadzie pewnych narzędzi identyfikacyjnych. Zmienność sekwencji VNTR, polega

---

<sup>9</sup> C.H. Brenner, B.S. Weir, Issues and strategies in the DNA identification of World Trade Center victims, *Theoretical Population Biology*, 2003, Nr 63, s. 173 i n.

<sup>10</sup> Zob. D. Abramowicz, Pawłowski: Badanie DNA nigdy nie daje stuprocentowej pewności, <http://www.polskatimes.pl/opinie/243758,pawlowski-badanie-dna-nigdy-nie-daje-stuprocentowej-pewnosci,id,t.html>

<sup>11</sup> Ibidem.

głównie na różnej liczbie powtórzeń danego motywu w określonym *locus*. Analiza kilku takich *loci* w przypadku danego osobnika pozwala uzyskać charakterystyczny dla niego wzór fragmentu DNA – profil DNA zwany „genetycznym odciskiem palca” (*fingerprint*). Obraz ten jest tak charakterystyczny jak odcisk palca niepowtarzalny, nieusuwalny, niezmienny i podobnie unikatowy oraz jednoznaczny i charakterystyczny jak indywidualny wzór linii papilarnych. Obliczono, że teoretyczna, przypadkowa powtarzalność konkretnego wzoru sekwencji we fragmentach DNA może wystąpić z częstością od dwóch na sto milionów do dwóch na sto bilionów osób. Im osoby są bardziej obce, tym bardziej odbiega ich profil. Inaczej mówiąc im osoby są bliżej spokrewnione, tym profil DNA jest bardziej podobny, ale w zasadzie nigdy identyczny, za wyjątkiem bliźniąt jednojajowych<sup>12</sup>.

Badania pozostawionych śladów DNA obejmują najczęściej analizę markerów minisatelitarnych<sup>13</sup>. Markery te można stosunkowo łatwo identyfikować, ponieważ zawierają one miejsca specyficzne, które są rozpoznawane przez enzymy restrykcyjne. W badaniach tego typu bierze się pod uwagę nie tylko zmienną liczbę określonych kopii, ale również nieznaczne, charakterystyczne osobniczo różnice w sekwencji nukleotydów. Sekwencje VNTR są najczęściej wykrywane metodą Southerna po namnożeniu metodą PCR, której odkrycie w 1985 r. przez K. Mullis’a u honorowano nagrodą Nobla stało się przełomem w możliwości uzyskiwania profili DNA z mikrośladów biologicznych. Metodę Polymerase Chain Reaction legendarnie rzekomo wymyślono podczas podróży samochodem przez Góry Skaliste. Diagnostyka tego rodzaju opiera się głównie na sekwencjonowaniu DNA, cięciu produktów PCR enzymem restrykcyjnym lub wykrywania polimorfizmu drogą hybrydyzacji na mikrochipach DNA. Analizę tych sekwencji wykorzystuje się powszechnie w medycynie sądowej w badaniach identyfikacyjnych oraz w ustalaniu stopnia pokrewieństwa. Wyniki badań dotyczące identyfikacji lub pokrewieństwa konkretnych osób w sprawach o ustalenie ojcostwa formułowane są najczęściej na podstawie wielkości fragmentów DNA występujących u tych osób<sup>1415</sup>.

Zanim DNA zostanie wykorzystany do rozmaitych analiz technikami biologii molekularnej należy go najpierw wyizolować. Jego wyodrębnienie polega na oddzieleniu

---

<sup>12</sup> Zob. T. Tomaszewski Genetyczne badania identyfikacyjne – przełom i wyzwanie dla kryminalistyki, Problemy Współczesnej Kryminalistyki, Tom I, 1996, s. 127-141.

<sup>13</sup> Zob. M. Spólnicka, J. Drabik, Markery miniSTR jako nowa technologia badania śladów biologicznych w kryminalistyce, Problemy kryminalistyki, Nr 258, 2007 s. 55.

<sup>14</sup> G. Drewy, T. Ferenc (red.), Podstawy genetyki, Urban & Partner, Wrocław 2007, s. 421-423.

<sup>15</sup> J. Koniczny, M. Szostak (red.), Profilowanie kryminalne, Warszawa 2011, s. 99 i n.

DNA od innych struktur komórkowych oraz od cząsteczek RNA i białek związanych z DNA. Istnieje kilka metod izolacji DNA. O ich wyborze decyduje rodzaj materiału biologicznego oraz przeznaczenie uzyskanego DNA. Z większości materiałów pochodzenia biologicznego takich jak: krew, tkanki, kości, nasienie oraz odchody i inne pozostawionych na miejscu zdarzenia teoretycznie można otrzymać DNA.

Obecnie zwiększona czułość technologii analizy DNA umożliwia otrzymanie jego profilu nawet za śladów powstałych na skutek minimalnego dotyku. Przykładami takich śladów kontaktowych mogą być odciski palców, ślady maźłowiny usznej, pozostałości śliny na puszkach po napojach, czy materiał wydalony z organizmu na skutek kaszlu czy kichnięcia<sup>16</sup>. Innym przykładem niech będzie możliwość ujawnienia mikroskopijnych śladów krwi ofiary na broni palnej, które mogą tam się znaleźć z powodu zjawiska rozrzutu krwi. Teoretycznie pozostawienie już jednej komórki jądrowej stwarza możliwość identyfikacji kodu genetycznego. Przyjmuje się, że najmniejsze stężenie DNA, jego próg wykrywalności wnosi 78 pg DNA.

Każda procedura izolacji DNA powinna zakończyć się oceną jego ilości i jakości przy pomocy pomiaru spektrofotometrycznego przy długości fali 260 i 280 nm. Czystość wyizolowanego DNA podawana jest w % i jest wyliczona ze stosunku wartości absorpcji: 260 nm/280 nm. Wartości od 1,8 do 1,6 uznaje się za poprawne. Wyizolowany DNA przechowuje się w specjalnych probówkach w lodówce w temperaturze 4-8 stopni C do jednego miesiąca lub w zamrażarce w temperaturze -20 stopni C przez wiele miesięcy. Zauważyć należy, że wyizolowany już DNA nie ma cechy trwałości i na skutek jego złego przechowywania można go nawet bezpowrotnie utracić jako przydatnego do dalszych analiz. Nie poddany żadnym obróbkom laboratoryjnym przechowuje się w naturze relatywnie długo, a na jego degradację wpływ mają warunki atmosferyczne i naturalnie lub sztucznie występujące w środowisku substancje chemiczne. Zwłaszcza DNA poza jądrowy, czyli mitochondrialny przechowuje się długo w stanie umożliwiającym wyizolowanie go ze szczątków organicznych – np. z kości ludzkich, włosów, zębów<sup>17</sup> nawet po kilkuset latach. Znane są skuteczne badania o charakterze identyfikacyjno-diagnostycznym np. mumii egipskich czy też historia śmierci i pochówku carskiej rodziny Romanowów<sup>18</sup>.

---

<sup>16</sup> Zob. R. Włodarczyk, T. Marcinkowski, Możliwości identyfikacji sprawców przestępstw na podstawie włosów ludzkich znalezionych na miejscu zdarzenia, *Problemy Kryminalistyki*, Nr 219, 1998, s. 56.

<sup>17</sup> M. Żołędziowska i in., Izolacja i badanie DNA z pozostałości zębiny tkwiącej w metalowej koronce, *Postępy Medycyny Sądowej i Kryminologii*, VI, 2001, s. 243-245.

<sup>18</sup> P. Gill, P.L. Ivanov et al., Identification of the remains of the Romanov family by DNA analysis, *Nature Genetics* 6 (2) (1994) s. 130-135.



Dopiero wyizolowany DNA jest materiałem, który można poddać dalszym analizom. Do najbardziej znanych metod badawczych stosowanych obecnie w genetyce molekularnej zalicza się: wspomniana już wyżej metoda reakcji łańcuchowej polimerazy – *Polymerase Chain Reaction* (PCR) i klonowanie DNA<sup>19</sup>. Uzyskany tymi metodami DNA może być następnie analizowany za pomocą różnych technik biologii molekularnej takich jak: hybrydyzacja, sekwencjonowanie, SSCP i RFLP, metoda Southern, Maxama, Gilberta<sup>20</sup>, F. Sangera oraz metoda ASO -analizie genu za pomocą oligonukleotydów specyficznych dla allele. Wskazuje się na możliwość izolacji i skutecznego otrzymania materiału genetycznego także z ciał ofiar pożarów, czy katastrof lotniczych, w których nastąpił wybuch paliwa. Przy pomocy uprzedniego zamrażania ciekłym azotem do temperatury –200 stopni Celsjusza. Metoda ta ma na celu umożliwić jednak uzyskanie materiału genetycznego ze spopielonych kości.

Czułość i siła dyskryminacji metod związanych z analizą DNA jest jedną z największych zalet dowodu biologicznego. Właściwość ta niestety jest także równocześnie jej największą wadą mogącą stanowić przyczynę błędów. Ujawnienie DNA może nastęrczać wiele trudności, zwłaszcza technicznych, przy śladowych, submikroskopowych ilościach, które mogą zostać przeoczone już na etapie oględzin miejsca zdarzenia.

W praktyce przedmiotem analizy genetycznej jest albo materiał pochodzący z komórek jądrowych, które są i mają delikatną naturę albo pochodzący z mitochondriów będący naturalnie mniej delikatny od jądrowego znajdujący się nie w jądrze komórkowym lecz w cytoplazmie komórkowej. Inaczej mówiąc wyróżnia się DNA jądrowy i poza jądrowy, czyli mitochondrialny. To rozróżnienie, z punktu widzenia kryminalistyki, wydaje się mieć największe znaczenie praktyczne. Chodzi o to, że nie z każdego śladu biologicznego udaje się wyizolować DNA, zwłaszcza jądrowy, który ma bardziej idealne właściwości dyskryminacyjne. Dużo większą szansę w praktyce na skuteczne wyodrębnienie, ujawnienie ma mitochondrialny DNA (mtDNA). Jak się wydaje DNA jądrowy, jako znacznie bardziej podatny na degradację ulega szybszemu, nieodwracalnemu zniszczeniu od (mtDNA) mitochondrialnego DNA. Jakkolwiek w DNA pochodzenia jądrowego znajduje się informacja genetyczna bardziej

---

<sup>19</sup> Por. J. W. Szostak, DNA ends: Just the beginning, Nobel lecture, 2009, s. 333-357.

<sup>20</sup> W. Gilbert, The RNA World, Nature 319, 1986, s. 618.

różnicująca indywiduum danego osobnika, co sprawia, że przydatność diagnostyczna tego rodzaju nośnika informacji genetycznej jest wielokrotnie większa od informacji zawartej w mtDNA, to jednak ten ostatni jest przedmiotem częstszych analiz, co głównie wynika z praktycznych możliwości jego uzyskania. Przyczyna tego tkwi w tym, że przeciętna komórka ma kilkaset do kilku tysięcy kopii mtDNA w porównaniu do dwóch kopii DNA jądrowego w komórce. Izolacja mtDNA będzie zatem występować znacznie częściej w przypadkach małych lub zdegradowanych próbek biologicznych, w tych sytuacjach, gdzie wyodrębnienie DNA jądrowego okaże się niemożliwe.<sup>21</sup>

Istotą mtDNA jest to, że prawie wyłącznie pochodzi z linii matczynej. Nie jest zatem wyjątkowy. W komórce jajowej (oocycie) znajdują się dziesiątki tysięcy mitochondriów, natomiast u plemników jest ich tylko ok. 20. W przeciętnej zaś somatycznej komórce człowieka średnio znajduje się ok. 1000 mitochondriów. Fakt ten ma o tyle istotne znaczenie, że przeciętna komórka posiada tylko jedno jądro z gęsto upakowanym wewnątrz DNA jądrowym o delikatnej strukturze. Ten ostatni jest specyficzny osobniczo w przeciwieństwie do mtDNA, ponieważ osobnicy w linii matczynej mają ten sam profil mitochondrialnego DNA. Stąd nie można mówić o unikalności profilu mtDNA bowiem nawet pozornie nie spokrewnieni osobnicy mogą mieć wspólnego przodka z linii żeńskiej<sup>22</sup>.

Genom mitochondrialny<sup>23</sup>, człowieka jest zbudowany z dwu niciowej kolistej cząsteczki DNA zawierającej 16569 par zasad<sup>24</sup>, co stanowi mniej niż 1 % całkowitego DNA w komórce. Liczba mutacji w mtDNA jest ok. dziesięć razy większa niż w DNA jądrowym. Jest to głównie związane z tym, że w mitochondriach odbywa się proces tlenowego oddychania wewnątrzkomórkowego, podczas którego ok. 3% tlenu ulega przemianie w wolne rodniki tlenowe. Te ostatnie zalicza się do czynników rakotwórczych, a także mutagennych. Uważa się obecnie, że mutacje mtDNA są odpowiedzialne za szereg chorób oraz za proces starzenia się. Jest to związane z tym, że mtDNA w miarę upływu lat podlega kumulującym się mutacjom, co może mieć związek z ujawnieniem się chorób dopiero w późniejszym wieku. Dla kryminalistyki istotne w tym przypadku jest to, że na skutek wspomnianych wyżej kumulacyjnych

---

<sup>21</sup> J. Wójcikiewicz, Ekspertyza sądowa, Warszawa 2002, s. 353.

<sup>22</sup> Ibidem.

<sup>23</sup> B. Alberts :Molecular biology of the cell, the genomes of mitochondria and chloroplasts, New York 1994, s. 704-717.

<sup>24</sup> S. Anderson i inni, Sequence and organization of the human mitochondria genome „Nature” 1981, nr 290, s. 457-465.

mutacji profil genetyczny mtDNA wraz z długością życia może ulec większym lub mniejszym zmianom.

Odrębnym problemem występującym przy dokładnych analizach mtDNA jest zjawisko heteroplazmii polegającej na różnej długości fragmentów mtDNA u tego samego osobnika. Mówiąc prościej różnice genetyczne mogą dotyczyć tego samego osobnika w zależności od rodzaju tkanek. Okazuje się, że co dziesiąty człowiek ma nie tylko jeden garnitur mitochondrialnego DNA. Obok zjawiska heteroplazmii obserwuje się także zjawisko pseudoheteroplazmii polegającej na tym, że badany materiał może być zanieczyszczony obcym materiałem biologicznym, co prowadzi do nałożenia się obu sekwencji mtDNA.

Innym zagadnieniem nastrożającym poważne trudności interpretacyjne na etapie analizy DNA jest fakt coraz częstszego stosowania w medycynie przeszczepów organów, transfuzji krwi itp. Efektem tych zabiegów może być mozaika genetyczna tzn. informacja genetyczna zawarta w poszczególnych narządach nie zawsze będzie tożsama z informacją genetyczną tej osoby sprzed dokonania zabiegu. Trzeba przy tym dodać, że także może występować indywidualnie zjawisko różnych mtDNA w określonych obszarach komórkowych tego samego osobnika. Zjawisko to tłumaczy się tym, że może nastąpić w czasie organogenezy osobniczej, że materiał pochodzący od rodziców rozłoży się w sposób nierównomierny. Są opisane w literaturze specjalistycznej przypadki, kiedy wykrywa się obecność dwóch typów mitochondrialnego DNA w jednej tkance przy braku śladu w innej. Zawsze należy pamiętać o możliwości wystąpienia tego rodzaju mozaiki genetycznej.

Biologiczne podobieństwo wszystkich żywych organizmów wymaga niekiedy w przypadku dowodu genetycznego udzielenia odpowiedzi na pytanie od kogo rodzajowo dana próbka biologiczna pochodzi. DNA każdej żywej istoty, niezależnie od tego czy jest to człowiek, zwierzę, bakteria czy roślina jest nośnikiem informacji genetycznej o charakterystycznej treści gatunkowo i osobniczo zróżnicowanej. Może mieć to znaczenie dla kryminalistyki, zwłaszcza, że identyfikacja poszczególnych zwierząt czy roślin w niejednym procesie dowiodła, iż takie badania przyczynić się mogą do uzyskania pewności na okoliczność potwierdzenia lub zaprzeczenia poszczególnych tez. Często w takich wypadkach dowód genetyczny powinien być stosowany rutynowo bowiem jego uzyskanie jest obecnie stosunkowo łatwe i tanie. Nawet banalne pogryzienie przez psa w dobie obecnej powinno być w określonych przypadkach przedmiotem ekspertyz genetycznych. Te ostatnie mogą z łatwością wyjaśnić przykre zdarzenia z udziałem zwierząt w życiu codziennym.

O wielu takich sytuacjach pisano już w fachowym piśmiennictwie kryminalistycznym. Dla zobrazowania tej problematyki przykładowo można wskazać przedrukowany artykuł z niemieckiego „Kriminalistik” zamieszczony w Problemach Kryminalistyki w numerze 257 z 2007 r.,<sup>25</sup> w którym to autorzy między innymi wskazują na praktyczne znaczenie wykorzystania badań genetycznych roślin i zwierząt: „(...)W rzeczywistości odpowiednie obszary DNA wielu roślin i zwierząt, których hodowanie i rozmnażanie leży w interesie człowieka, zostały już zbadane i opisane, np. obszary STR koni, bydła, świń, zajęcy, wielbłądów, psów, kotów, sokołów, jak też dębów, brzoź, grochodrzewów i topól. Lista jest długa, jednak nie wszystkie wymienione na niej gatunki mają znaczenie z kryminalistycznego punktu widzenia. W centrum zainteresowania znajdują się przede wszystkim zwierzęta domowe. Według statystyk w Niemczech jest 39,2 miliona gospodarstw domowych, z czego 34% trzyma zwierzęta, w tym około 5,3 miliona psów i 7,6 miliona kotów.

Nie ma w tym nic dziwnego, że w przypadku zgłaszania pogryzienia, lub z powodu nieprzestrzegania przez właścicieli obowiązku nakładania zwierzętom kagańca, badaniom kryminalistycznym poddawane są najczęściej psy. Często opisuje się przypadki, kiedy właściciel psa razem ze zwierzęciem, które zaatakowało przypadkową osobę, oddalają się z miejsca zdarzenia. Właścicielowi psa stawia się zarzut spowodowania obrażeń ciała, a następnie ustala się, czy to właśnie jego zwierzę pogryzło ofiarę.

W praktyce częściej pojawia się jednak problem wtórnego przeniesienia przez ludzi materiału biologicznego, np. włosów zwierzęcych. W takim przypadku są one zabezpieczane na miejscu zdarzenia razem z ludzkimi włosami lub włóknami (np. z odzieży) bezpośrednio na związanych ze sprawą osobach lub w otoczeniu sprawców albo ofiar (np. w mieszkaniu, ciężarówce) i dopiero podczas badań w laboratorium zostają zidentyfikowane, jako niehumanoidalnego pochodzenia.

Dla zobrazowania nowych możliwości, jakie stwarza analiza DNA śladów zwierzęcych, autorzy przytaczają kilka przykładów spraw: kobieta wyprowadzała swojego psa na smyczy, kiedy została zaatakowana i mocno pokąsana przez „bezpąskie” zwierzę. Rozpoznała psa i w trakcie śledztwa podała nazwisko jego właściciela. Ten zaprzeczył jednak, że jego pies w czasie zdarzenia był na zewnątrz bez nadzoru. Do badań zostały przesłane spodnie uszkodzonej, jak również ż porównawcza

---

<sup>25</sup> A. Hellmann. i in, Genetyczny odcisk palca zwierząt i roślin – analiza DNA, Problemy Kryminalistyki, 257/07, s. 85-87.

próbka śliny podejrzanego zwierzęcia. Na zewnętrznej stronie spodni, w miejscach, w których materiał został poszarpany przez psa, można było zauważyć wyraźne ślady wydzieliny. Po ich zbadaniu za pomocą analizy DNA ustalono, że wszystkie ślady pochodzą od jednego zwierzęcia, jednak jego profil DNA nie był zgodny z profilem z próbki porównawczej, dzięki czemu można było wykluczyć podejrzanego psa, jako agresora. W drugim przypadku kilka osób groziło nastolatkowi, który został następnie pobity i mocno pogryziony przez ich psa, a także zmuszony do oddania pieniędzy. Od psa jednego z podejrzanych pobrano próbkę śliny, którą wysłano do analizy razem ze spodniami nastolatka. Również na nich stwierdzono obecność wydzieliny w okolicach pogryzionych miejsc. Analiza DNA we wszystkich badanych systemach wykazała pełną zgodność cech wydzieliny na spodniach z próbką porównawczą pobraną od podejrzanego psa. Dzięki temu nie było wątpliwości, że ślady pozostawiło wyłącznie to zwierzę. W tego typu przypadkach ubrania poszkodowanych są często zakrwawione. Zebrane z miejsc ugryzienia ślady zawierają więc, oprócz śliny psa, krew ofiary. Jednak analiza w laboratorium jej nie obejmuje – dzięki użyciu specyficznych gatunkowo odczynników można zbadać wyłącznie DNA psiej śliny w śladzie mieszanym. Zmieszanie się ludzkiego i zwierzęcego materiału genetycznego w obrębie jednego śladu nie stanowi zatem dużego utrudnienia.

W kolejnym opisywanym przypadku śledztwa w sprawie morderstwa na pistolecie maszynowym zabezpieczono dużą ilość włosów zwierzęcych. Celem badań było ustalenie, od jakiego zwierzęcia pochodzą i czy są to włosy jednego z dwóch psów należących do podejrzanego. Wykazano bowiem, że z zabezpieczonej broni strzelano do jego znajomego, który odniósł ciężkie obrażenia. Broń została zabezpieczona w mieszkaniu podejrzanego, który oświadczył, że pistolet, już zapakowany, został mu podrzucony. Mężczyzna rzekomo ukrył go w mieszkaniu przed swoją konkubiną, jednak ani go nie rozpakowywał, ani nie używał. Podczas badania włosów ustalono, że jest to psia sierść. Badanie DNA potwierdziło podejrzenie, że pochodzi ona od jednego z dwóch psów podejrzanego. Zeznania mężczyzny zostały zatem obalone. Stwierdzono, że oskarżony jest winny morderstwa, i wymierzono mu karę wieloletniego pozbawienia wolności. Rośliny w większości nie mogą – w przeciwieństwie do zwierząt – poruszać się w swoim środowisku, przez co mają bezpośredni związek ze ściśle ograniczonym miejscem, np. miejscem zbrodni. Jeżeli podczas popełniania czynu przestępczego przeniesiono materiał roślinny (np. liście, gałęzie czy nasiona), można dzięki badaniom ustalić ich bezpośredni związek z miejscem pochodzenia. Samo określenie gatunku pojedynczych liści drogą badania morfo-

logicznego, np. zidentyfikowanie liści klonu, ma z reguły niewielką wartość. Ten gatunek jest tak szeroko rozpowszechniony, że nie można wskazać ograniczonego obszaru jego występowania. Włącznie w tym przypadku widać korzyści, jakie niesie ze sobą analiza molekularno-genetyczna. Dzięki niej można przyporządkować liść konkretnemu drzewu na miejscu zdarzenia.

W listopadzie 1998 roku na skraju lasu znaleziono zwłoki 30-letniej kobiety. Ustalono, że miejsce zamieszkania ofiary jest oddalone o około 100 kilometrów. O morderstwo i przewiezienie ciała swoją ciężarówką został podejrzany mąż kobiety, który już z nią nie mieszkał. Mężczyzna twierdził, że nigdy wcześniej nie był w miejscu znalezienia zwłok. Istnienie zabezpieczonych na nich śladów, które powiązano z podejrzanym za pomocą analizy DNA, mógł zaś wyjaśnić uzasadnionymi kontaktami z żoną. Nakaz jego aresztowania został po krótkim czasie uchylony. W bagażniku samochodu podejrzanego podczas zabezpieczenia śladów znaleziono jednak liść, który w wyniku badania morfologicznego został zidentyfikowany jako liść dębu szypułkowego. Wyłącznie ten liść okazał się centralnym ogniwem nowych badań podjętych ponownie po sześciu latach. Za pomocą analizy DNA miano stwierdzić, czy pochodzi on z jednego z drzew znajdujących się w miejscu znalezienia zwłok. W październiku 2004 roku zabezpieczono, jako materiał porównawczy ponad czterdzieści liści dębu rosnącego na miejscu zdarzenia i poddano je badaniom molekularno-genetycznym. Z przechowywanego suchego liścia udało się wyizolować wystarczającą ilość DNA, by poddać ją badaniu. Porównanie otrzymanych profili pozwoliło jednoznacznie ustalić, że liść pochodził z drzewa rosnącego obok miejsca, w którym leżały zwłoki. Wyrok w sprawie oskarżonego o zabójstwo zapadł w marcu 2006 roku. Wniosek mężczyzny o rewizję wyroku sądu krajowego został odrzucony przez Federalny Trybunał Sprawiedliwości w listopadzie. Po raz pierwszy na świecie przeprowadzenie w toku postępowania karnego tego typu analizy DNA materiału roślinnego przyczyniło się do wydania wyroku skazującego, bowiem dzięki temu ustalono jego sprawstwo.

Nieograniczone stosowanie badania molekularno-genetycznego przy ocenie śladów w przypadku niektórych roślin i zwierząt jest jednak zawodne. Wiele gatunków roślin jest rozmnażanych przez człowieka wegetatywnie poprzez sadzonki (np. wierzba) albo dzięki zastosowaniu biotechnologii (rośliny ozdobne, np. geranium). To potomstwo” jest z reguły identyczne genetycznie i nie można odróżnić w toku analizy DNA poszczególnych osobników. W przypadku zwierząt domowych i hodowlanych, ze względu na warunki hodowli, może zaś dojść do zmniejszenia się

genetycznej zmienności. Dzieje się tak wówczas, gdy wykorzystuje się tylko kilka zwierząt, jako rodziców dla zapoczątkowania nowej populacji czy rasy (genetyczny efekt wąskiego gardła). W takich przypadkach, żeby móc dokonać oceny dowodów, trzeba zebrać specyficzne dla danej rasy dane populacyjne. Z wyżej wymienionych powodów konieczne jest, żeby w poszczególnych przypadkach najpierw rzeczowo wyjaśnić, czy z naukowego punktu widzenia może okazać się słuszne zarządzanie badań dowodów i czy doprowadzi ono do indywidualnej identyfikacji albo wykluczenia sprawcy”<sup>26</sup>.

## Determinanty przeprowadzania ekspertyz materiału genetycznego

Wraz z rozwojem techniki i taktyki kryminalistycznej oraz innych nauk stosowanych na przełomie XIX i XX wieku, a w szczególności w jego drugiej połowie przełamane zostały bariery wykrywania nieznanymi wcześniej, niekiedy mikroskopijnej wielkości śladów organicznych<sup>27</sup>. W dobie obecnej należałoby przyjąć, że nie ma doskonałego przestępstwa, ani też niewykrytych sprawców. Już bowiem plama krwi, włos, czy pojedyncze włókno z odzieży mogą odpowiedzieć na wiele nurtujących śledczych pytań<sup>28</sup>. Odmienną kwestią, jednakże rzutującą na wartość dowodową, jest zabezpieczenie i przechowywanie tego rodzaju śladów celem poddania ich dalszym wnikliwym badaniom laboratoryjnym. Możliwość zastosowania śladu biologicznego wymusza na technikach kryminalistycznych i zespołach śledczych specjalną, subtelną procedurę, która zapobiegałaby lub zmniejszała ryzyko utraty dowodów. O ile bowiem prawidłowo zabezpieczony ślad biologiczny może w swej niezmienionej postaci świadczyć o dowodzonym fakcie co do zasady przez nieograniczony czas, to ślad taki zabezpieczony w sposób wadliwy dyskwalifikuje go z postępowania dowodowego, a niekiedy prowadzić może nawet do pomyłki sądowej.

Wartość identyfikacyjna materiału genetycznego jest potencjalnie tak duża, że skrupulatność w zabezpieczaniu śladów organicznych powinna być priorytetem

---

<sup>26</sup> Ibidem.

<sup>27</sup> Zob. K. Lech, J. Piechota, Genetyczne śledztwo, <http://www.wiz.pl/main.php?go=1&op=2&id=237#> (04-07-2012).

<sup>28</sup> Zob. D. Mościcka-Śliwka, Identyfikacja genetyczna u progu trzeciego tysiąclecia, *Annales Academiae Bydostiensis*, 2000, Nr 14, s. 42-49.

w działaniach techników kryminalistycznych<sup>29,30</sup>. Nie oznacza to jednak, że sam ślad biologiczny może stanowić samoistny dowód w sprawie. Niejednokrotnie zdarza się tak, że jest on istotnie kluczową informacją o przestępstwie, niemniej musi on korespondować z całym materiałem dowodowym zebrany w sprawie potwierdzając bądź zaprzeczając istniejącą wersję śledczą. Inaczej mówiąc jego wartość dowodowa musi być oceniana przez pryzmat innych środków dowodowych, w tym zeznań świadków oraz wyjaśnień podejrzanych i oskarżonych. Zasadnym wydaje, jak już wspomniano, z punktu widzenia postępowania dowodowego, nozologicznie należy usytuować ekspertyzy materiału genetycznego wśród czynności ujawniających dowody. Istota tej ekspertyzy sprowadza się bowiem do identyfikacji zarówno rzeczowych, jak i osobowych środków dowodowych. Tak rozumiany cel ekspertyzy z materiału genetycznego nie umniejsza randze dowodowi biologicznemu, musi jednak prowadzić do konstatacji, że ów dowód biologiczny, jego moc dowodowa wprawdzie mający potwierdzenie w osiągnięciach nauki, nie może zostać przeszacowany przez organ procesowy.

Ponad ćwierć wieku stosowania dowodu genetycznego, po jego początkowo entuzjastycznym przyjęciu przez wymiar sprawiedliwości daje podstawę do bardziej krytycznego dzisiaj spojrzenia na ten dowód. W przeszłości zdarzały się już bowiem pomyłki śledczo-sądowe z udziałem tegoż dowodu<sup>31</sup>, niekiedy tragiczne w skutkach. Należałoby zatem podjąć próbę analizy naukowej hipotetycznego zjawiska przeszacowania wartości dowodu genetycznego.

Interesującym polem badawczym byłoby zbadanie ilości pomyłek procesowych przy udziale dowodu biologicznego w stosunku do pomyłek przy zastosowaniu dowodów uzyskiwanych metodami tradycyjnej kryminalistyki<sup>32</sup>.

Naukowy<sup>33</sup> charakter dowodu z ekspertyzy genetycznej nie uprawnia organu orzekającego do jego bezkrytycznego przyjęcia. Gdyby tak miało być to każdy proces karny można byłoby sprowadzić do zawężenia postępowania dowodowego do

---

<sup>29</sup> Zob. J. Wójcikiewicz., Identyfikacja człowieka na podstawie analizy DNA, *Palestra* 1993, nr12, s. 49-58.

<sup>30</sup> Także: J. Wójcikiewicz, Identyfikacja człowieka na podstawie DNA, *Z zagadnień kryminalistyki* 1992, tom XXVII, s. 25-40.

<sup>31</sup> Zob. O. Mazur, *Niesłuszne skazania w Polsce w opinii prokuratorów i policjantów*, *Palestra* nr 3-4, 2012.

<sup>32</sup> Zob. Ł. Chojniak, Ł. Wiśniewski, *Przyczyny niesłusznych skazań w Polsce*, Warszawa 2012, s. 9 i n.

<sup>33</sup> Także E. Gruza, *Przyczynki do zagadnienia dopuszczalności i wykorzystywania „dowodów naukowych” w procesie karnym*, *Przegląd Sądowy* 1995, Nr. 7-8, s. 83-95



przeprowadzenia jednego dowodu. Trzeba jednak mieć na uwadze konstrukcję prawną ekspertyzy w kodeksie postępowania karnego. Powodem wydania postanowienia o przeprowadzeniu ekspertyzy jest przekonanie, iż stwierdzenie okoliczności mających istotne znaczenie dla rozstrzygnięcia sprawy wymaga wiadomości specjalnych.

Z całą pewnością trudno odmówić walorów wiadomości specjalnych badaniom, w udział których zaangażowani mogą być specjaliści z medycyny, biologii, czy genetyki, a więc tych osób, których wiedza jest odległa od stanu wiedzy organu procesowego w tym zakresie. Szczególna rola tych podmiotów wyraża się w wydanej ekspertyzie, w której biegły formułuje swoją opinię mając do dyspozycji co do zasady materiał już zgromadzony w sprawie. Stąd tak istotne w opracowaniu ekspertyzy z udziałem dowodu genetycznego jest prawidłowe zabezpieczenie śladu biologicznego<sup>34</sup>.

Biegły posługuje się najczęściej w swojej analizie na potrzeby procesu metodą porównawczą, gdzie sam pojedynczy ślad biologiczny, ma tylko wartość o tyle, o ile badany profil genetyczny ma swoje odzwierciedlenie w materiale porównawczym. Sam materiał biologiczny (bez materiału porównawczego) i utworzony z niego profil genetyczny jest nieprzydatny. Utworzony przez biegłego profil genetyczny może być przechowywany w tzw. bankach DNA, gdzie zostaje wprowadzony do bazy posiadanych przez ten bank innych profili niezidentyfikowanych jeszcze przez organy ścigania sprawców ciężkich przestępstw na zasadzie analogii do przechowywania i archiwizowania odcisków palców. W ojczyźnie dowodu genetycznego, w Anglii, dzięki tak zbieranym profilom DNA, udało się wykryć wielu nieznanymi sprawców ciężkich przestępstw i wyjaśnić wiele zagadek kryminalnych, zwłaszcza, że tamtejsze przepisy obligują sprawców niekiedy przestępstw i wykroczeń o mniejszym ciężarze gatunkowym do oddawania próbek swojego materiału biologicznego, z którego wytwarzany jest profil genetyczny<sup>35</sup>. Metoda taka ma grono zarówno zwolenników, jak i nieprzejednanych przeciwników, jednak wydaje się niezwykle skuteczna, jeśli chodzi o szeroko rozumianą profilaktykę kryminalistyczną. Spór zwolenników i przeciwników gromadzenia i archiwizowania śladów biologicznych jest obecny także w środowisku praktyków śledczych, kryminalistyków, kryminologów

---

<sup>34</sup> Zob. J. Gąsiorowski, Zabezpieczenie miejsca zdarzenia. Aspekty prawne i kryminalistyczne, Wydawnictwo Szkoły Policji w Katowicach, 2004, s. 17 i n.

<sup>35</sup> Organa śledcze Wielkiej Brytanii nadużywają instytucji aresztu tylko w celu „legalnego” zdobycia materiału biologicznego do dalszych badań genetycznych – dyskusja pomiędzy zwolennikami gromadzenia danych genetycznych, a ich przeciwnikami przedmiotem dyskursu akademickiego.

itd. Zdaje się, że ma więcej zwolenników wśród praktyków dochodzeniowych. Trudno bowiem nie zauważyć rosnącej roli ekspertyzy materiału genetycznego w ujawnianiu i dowodzeniu przestępstw przeciwko życiu i zdrowiu, a także wolności seksualnej i obyczajności.

We wszystkich sprawach elementem łączącym jest oparcie ustaleń na dowodach genetycznych, które ze swej istoty, jako jedyny w swoim rodzaju przybliża w zasadzie badane fakty do pewności<sup>36</sup>. Istotna jest też konieczność korelacji dowodu biologicznego z pozostałymi środkami dowodowymi, bowiem jej brak może skutkować pomyłką procesową. Praktyka wskazuje, że szacowanie dowodu genetycznego jest w niektórych przypadkach zbyt duże, często orzeczenia bowiem opierają się na dowodzie genetycznym, który w takich wypadkach niesłusznie traktowany jest jako bezsporny. Nadawanie takiego przymiotu dowodowi genetycznemu wydaje się nadużyciem procesowym, bo pamiętać trzeba, że w systematyce dowodowej jest on hierarchicznie zrównany z pozostałymi dowodami.

Istnieją okoliczności utrudniające bądź uniemożliwiające przeprowadzenie ekspertyzy materiału genetycznego. Pierwszą przesłanką do uniemożliwienia przeprowadzenia ekspertyzy z DNA, są bezwzględne zakazy dowodowe wynikające wprost z przepisów kodeksu postępowania karnego. Na drugą grupę przesłanek składają się okoliczności faktyczne i techniczne uniemożliwiające bądź utrudniające przeprowadzenie analizy DNA.

Poważniejszych przeszkód w przeprowadzeniu ekspertyzy z materiału genetycznego należy doszukiwać się w okolicznościach faktycznych. To one *de facto* determinują utrudnienie, a niekiedy także uniemożliwienie właściwej analizy i wydania opinii w zakresie dowodu biologicznego<sup>37</sup>. Poważne zagrożenia pojawiają się już na etapie oględzin miejsca zdarzenia<sup>38</sup>, kiedy nieostrożne, niezgodne ze sztuką postępowanie (zabezpieczenia) może doprowadzić nawet do całkowitej utraty możliwości uzyskania śladu biologicznego. Należy przy tym zauważyć, że nawet prawidłowo zabezpieczony i pobrany materiał biologiczny mógł zostać wcześniej, niekiedy

---

<sup>36</sup> T. Kupiec., W. Branicki, Badania genetyczne domniemanych szczątków generała Władysława Sikorskiego, Arch. Med. Sąd. Krym. 2009, nr LIX, s. 9–14.

<sup>37</sup> Zob. P. Kardas, Niektóre okoliczności wyłączające i umniejszające winę w projekcie kodeksu karnego, Wojskowy Przegląd Prawniczy 1996, nr 1, s. 39-52.

<sup>38</sup> Por. G. Grzesiak, M. Lech, DNA zabójcy na szyi ofiary zadławienia, Problemy kryminalistyki, Nr 257, 2007 s. 55.

nawet celowo zanieczyszczony inną obcą substancją biologiczną, co oczywiście utrudni właściwe wnioski przy analizie tego dowodu. Podobny negatywny w skutkach w wyniku laboratoryjnej analizy DNA będzie miał silnie zdegradowany materiał biologicznych np. z powodu długotrwałej ekspozycji na słońcu, a zwłaszcza działania promieni ultrafioletowych. Degradujący wpływ na zawarte w komórkach DNA mają także promienie Rentgena. Niesprzyjające warunki atmosferyczne, takie jak wilgoć, czy deszcz, mogą mieć wpływ na nieodwracalną utratę możliwości ustalenia profilu genetycznego. Wysoka temperatura i ogień, a także czynniki chemiczne, zwłaszcza silne kwasy, zasady, środki owadobójcze itd. mogą w taki sposób zniekształcić istniejący pierwotny materiał biologiczny, że następcza jego analiza będzie niemożliwa i w efekcie może to prowadzić do nieodwracalnej utraty możliwości uzyskania profilu DNA, co w praktyce oznacza utratę dowodu. Woda używana przy uzyskiwaniu materiału biologicznego powinna być sterylna. W żadnym wypadku nie może być zanieczyszczona obcym materiałem DNA ze względu na zjawisko kontaminacji<sup>39</sup>. O trudnościach związanych z brakiem materiału porównawczego była już mowa poprzednio.

## Biochemiczne podstawy ekspertyzy genetycznej

Różnorodność poszczególnych analiz DNA opiera się na zdobyczach nauk biologicznych, a zwłaszcza na biochemii. Odkrycia w tej dziedzinie otworzyły drogę do poznania ludzkiego genomu będącego w swej istocie informacją, która jest typowa dla określonego gatunku i niepowtarzalna<sup>40</sup> dla określonego osobnika. Informację tą cechuje to, że kod genetyczny jest trójkowy, co oznacza, że każdy z kodonów odpowiada sekwencji trójnukleotydowej.

Do syntezy białek w komórce potrzeba 20 różnych aminokwasów, dlatego musi istnieć przynajmniej dwadzieścia oddzielnych kodonów. Trzy spośród 64 kodonów nie kodują określonego aminokwasu, stąd nazywa się je nonsensownymi. Dwa z tych nonsensownych kodonów dają komórce sygnał do terminacji. Wskazują one na

---

<sup>39</sup> Zob. M. Seroczyńska, Dowód z analizy śladów genetycznych w postępowaniu karnym na tle prawno-porównawczym, Prokuratura i Prawo 2001, Nr. 2, s. 48

<sup>40</sup> Zob. E. S. Lander, B. Budowle, DNA fingerprinting dispute laid to rest, Nature 1994, Nr 371, s. 735-738.

konieczność „zatrzymania się” syntetyzowanej cząsteczki białkowej i zakończenia tzw. ekspresji. Pozostałe 61 kodonów koduje 20 aminokwasów, zatem mówi się, że kod genetyczny jest zdegenerowany, ponieważ niektórym aminokwasom odpowiada więcej niż jeden kodon. Aminokwasy są więc kodowane przez kilka kodonów, i tak np. serynę koduje 6 różnych kodonów. Dla metioniny i tryptofanu natura przewidziała tylko pojedynczy kodon. Przy określeniu swoistego aminokwasu, jaki ma być wbudowany w strukturę białkową trzeci nukleotyd kodonu jest na ogół mniej ważny niż pozostałe dwa i to zjawisko głównie odpowiada za tak zwaną degenerację kodu. Nie bez wyjątków kod genetyczny jest jednoznaczny, to znaczy dany swoisty kodon jest przypisany pojedynczemu aminokwasowi. Z nielicznymi wyjątkami, dany swoisty kodon będzie wprowadzał tylko jeden swoisty aminokwas, chociaż konkretny aminokwas może być rozpoznawany przez więcej niż jeden kodon. W trakcie syntezy białek odczytywaniu kodu genetycznego nie towarzyszy jakiegokolwiek nakładanie się kodonów, w tym znaczeniu kod genetyczny jest kodem nienakładającym się. Od chwili rozpoczęcia odczytywania konkretnego kodonu nie pojawiają się między nimi znaki przestankowe i przekaz informacji następuje z ciągłej sekwencji tripletów nukleotydowych aż do chwili, kiedy zostanie napotkany kodon nonsensowny.

Obecnie istnieją kontrowersje wokół cechy uniwersalności kodu genetycznego, ponieważ w mitochondriach do odczytu kodu genetycznego potrzebne jest 22 różnych cząsteczek tRNA, podczas gdy cytoplazmatyczny system translacji ma pełen zestaw 31 rodzajów tRNA. Oprócz tego wyjątku kod genetyczny jest uniwersalny<sup>41</sup>. Wobec powyższego o kodzie genetycznym można powiedzieć, że jest zdegenerowany, jednoznaczny, nienakładający się, bez przestankowy i uniwersalny.<sup>42</sup>

Budowa komórki, reakcje i procesy w niej zachodzące, struktura kwasów nukleinowych oraz amplifikacja i translacja informacji mają istotne znaczenie z punktu widzenia wyizolowania DNA do dalszej analizy<sup>43</sup>. Proces wyizolowania DNA polega na oddzieleniu go od innych struktur komórkowych oraz od cząsteczek RNA i białek

---

<sup>41</sup> Zob. A. G. Loevy, P. Siekevitz, *Struktura i funkcja komórki*, Warszawa 1969, s. 83 i n.

<sup>42</sup> R. K. Murray, D. K. Granner, V. W. Rodwell, *Biochemia Harpera*, PZWL Warszawa 2008, s. 440-442.

<sup>43</sup> T. M. Clayton, J. P. Whitaker, C. N. Maguire, *Identification of bodies from the scene of a mass disaster using DNA amplification of short tandem repeat (STR) loci*, *Forensic Science International* 1995, nr 76, s. 7-15.

związanych z DNA. O ich wyborze decyduje rodzaj materiału biologicznego oraz przeznaczenie uzyskanego DNA. Techniki izolacji DNA można w najprostszym ujęciu podzielić na dwie metody – starsze klasyczne, z wykorzystaniem fenolu i chloroformu do pozyskania DNA oraz nowsze wykorzystujące gotowe zestawy odczynników. Bez względu na zastosowaną metodę każda izolacja DNA musi się zakończyć badaniem jakościowym i ilościowym bowiem to warunkuje sukcesy w dalszych etapach analizy. Nie do przecenienia w tej kwestii jest konieczność oceny czystości wyizolowanego DNA podawanej w %, przy czym wyróżnia się stopień czystości stu procentowy, a także może być dopuszczony do dalszych analiz izolat o nieco mniejszej czystości, jednak jej stopień musi być oceniony co najmniej jako poprawny.<sup>44</sup>

### *Metoda PCR*

Wyizolowany DNA można poddać dalszym analizom<sup>45</sup>. Ich wybór zależy przede wszystkim od ilości i czystości DNA. Najpopularniejszą metodą analizy DNA, zwłaszcza w sytuacji, kiedy dostępny materiał wyizolowany jest w niewielkiej ilości jest metoda PCR. Polega ona na powielaniu - amplifikacji poza organizmem w laboratorium fragmentu zawierającego kod genetyczny DNA wielkości do kilkudziesięciu tysięcy par zasad. Prawdziwym przełomem w technice PCR<sup>46</sup> było wprowadzenie termostabilnej TAQ wyizolowanej z bakterii *Thermus aquaticus* żyjących w gorących źródłach, a wykrytych w Parku Narodowym Yellowstone. Reakcja PCR przebiega w trzech etapach: denaturacja, przyłączenie starterów i polimeryzacja. W pierwszym etapie w krótkim czasie (do dwóch minut) ogrzewa się w temperaturze do 95 stopni uzyskując w ten sposób dwie odrębne nici DNA. Do nici tych dołączają się tzw. *startery* (primery). Te ostatnie są oligonukleotydami hybrydującymi z końcem 3' każdej nici. Tym razem w ciągu 30-60 sekund w temperaturze 50-60 stopni następuje przyłączenie starterów. Kolejnym etapem jest przyłączenie polimerazy DNA, która wykorzystuje startery do rozpoczęcia syntezy nici DNA komplementarnej do matrycy. W tym cyklu otrzymywane są dwie kopie badanego DNA,

---

<sup>44</sup> G. Drewy, T. Ferenc, Podstawy genetyki, Elsevier Urban i Partner, Wrocław 2007, s. 417.

<sup>45</sup> Zob. D. Promorac i inn., Identification of war victims from mass grave In Croatia, Bosnia, and Herzegovina by the use of standard forensic methods and DNA typing, Journal of Forensic Sciences 1996, nr 41 (5), s. 891-894.

<sup>46</sup> Por. <http://www.investigativegenetics.com/content/1/1/14/> (04-07-2012).

zawierające region kodu genetycznego, który miał być zwielokrotniony<sup>47</sup>. Dalsze etapy polegają na powtarzaniu całej procedury PCR i z każdym cyklem nici badanego DNA są matrycą do powielania. Zwykle przeprowadza się od 20 do 40 cykli. W taki sposób z niewielkiej ilości materiału wyjściowego uzyskać można teoretycznie nieograniczoną ilość kopii, bowiem ich ilość rośnie wykładniczo.

Ta metoda umożliwia uzyskanie zwiększonej ilości DNA w stosunku do tej, która była obecna w analizowanym materiale przed procedurą PCR. Metoda ta także przydatna jest dla badań bardzo starych i zdegradowanych śladów biologicznych. Tak pojmowana metoda PCR znajduje szerokie zastosowanie w kryminalistyce i naukach sądowych oraz medycynie, ponieważ domniemany profil zawarty w badanym materiale jest unikatowy, zwłaszcza że w praktyce powtórzenie początkowych procedur profilowania zwykle jest niemożliwe z uwagi na charakter dowodu, jakim jest ślad biologiczny. Inaczej się rzecz ma w profilowaniu genetycznym dla celów medycznych. Tam bowiem ilość materiały poddanej analizie jest w zasadzie nieograniczona, a procedury identyfikacyjne można wielokrotnie powtarzać.

### *Metoda Southerna*

Metoda PCR<sup>48</sup> polegająca na zwielokrotnieniu kopii badanego DNA jest niezbędna zwłaszcza w sytuacji, kiedy przedmiotem analizy jest DNA pochodzenia jądrowego, ponieważ jest znajdowany w komórce tylko w dwóch kopiach w odróżnieniu od DNA mitochondrialnego, którego ilość kopii w komórce jest zmienna i wynosi w zależności od rodzaju komórki od 20 w komórkach męskich rozrodczych do ok.100000 kopii w oocytach, czyli żeńskich komórkach jajowych. Dlatego większość laboratoriów analizę DNA rozpoczyna od zastosowania polimerazy celem amplifikacji, czyli zwielokrotnienia ilości kopii DNA metodą PCR. Jest to bowiem niezbędne do zagwarantowania odpowiedniej ilości analizowanego materiału do dalszych prób porównawczych i kontrolnych. Tak dzieje się np. w powszechnie stosowanej między innymi w medycynie sądowej metodzie Southerna, w której sekwencje VNTR

---

<sup>47</sup> Zob. P. Hoff-Olsen i inn., Extraction of DNA from decomposed human tissue. An evaluation of five extraction methods for short tandem repeat typing, *Forensic Science International* 1999, nr 105, s. 171-173.

<sup>48</sup> K.B. Mullis, The unusual origin of the polymerase chain reaction, *Scientific American* 1990, 262(4), s. 36-43

wykrywane są po namnożeniu metodą PCR. W wyniku tych badań możliwa jest identyfikacja stopnia pokrewieństwa, co może mieć istotne znaczenie np. w sprawach o pochodzenie ojcostwa. W swej istocie metoda ta polega na porównaniu wielkości uzyskanych fragmentów DNA występujących u tych osób. U podstaw metody Southerna<sup>49</sup> leży założenie, że cięcie łańcucha DNA enzymem restrykcyjnym następuje w ściśle określonym miejscu, a następnie poddaje się analizie powstałych fragmentów, co pozwala porównać analizowany materiał i jego wspólne pochodzenie z materiałem porównawczym. W tym celu wykorzystuje się elektroforezę żelową i sondy molekularne znakowane radioaktywnie. W praktyce rezultatem tych badań jest uzyskanie prążków DNA w żelu, z których można bezpośrednio odczytywać sekwencje DNA.

### *Inne metody laboratoryjnej identyfikacji za pomocą ekspertyzy DNA*

Samo sekwencjonowanie, które w praktyce jest ustaleniem kolejności przyłączanych zasad polega na wykorzystaniu metody Maxama i Gilberta oraz metody Sangera. Każda z tych metod funkcjonuje w oparciu o fakt, iż cząsteczka DNA przecinana jest w ściśle określonych miejscach tzn. wystąpienia tyminy (T), adeniny (A), guaniny (G) i cytozyny (C). Innymi słowy oznacza to, iż łańcuchy DNA fragmentują się tylko w tych właśnie punktach. W tej enzymatycznej reakcji powstaje mieszanina fragmentów DNA o różnej długości, którą można analizować używając elektroforezy. Ta ostatnia służy uporządkowaniu analizowanego materiału, co pozwala na jego porównanie i ocenę stopnia podobieństwa do użytego wzorca, a tym samym odpowiedzi na pytanie czy badana próbka śladu biologicznego ma wspólne pochodzenie z identyfikowanym materiałem porównawczym. Przydatność przedstawionych metod jest o tyle wyróżniająca na tle innych metod identyfikacyjnych, że pozwala w przypadku bezbłędnej analizy dać w zasadzie wynik kategoriyczny tzn. potwierdzić albo wykluczyć apriorycznie stawianą tezę o pochodzeniu badanego śladu. Metody sekwencjonowania DNA przy zastosowaniu egzonukleaz ulegają modernizacji i modyfikacji zwłaszcza w obszarze medycyny, gdzie ostatnio mówi się o sekwencjonowaniu z użyciem skanującego mikroskopu tunelowego.<sup>50</sup>

---

<sup>49</sup> Zob. H. Fletcher, I. Hickey, P. Winter, Genetyka, Warszawa 2010, PWN s. 327 i n.

<sup>50</sup> Zob. P. Hoff-Olsen i inn., Extraction of DNA from decomposed human tissue. An evaluation of five extraction methods for short tandem repeat typing, Forensic Science International 1999, nr 105, s. 424.

## Podsumowanie

Ekspertyza materiału genetycznego w swym ujęciu procesowo-kryminalistycznym jest niekwestionowanym orężem w ściganiu i wykrywaniu przestępstw. Na gruncie innych gałęzi prawa, jak chociażby w prawie cywilnym, rodzinnym i opiekuńczym wpisuje się ona w katalog dowodów mających niejednokrotnie przesądzający charakter w sprawach o ustalenie pokrewieństwa. Rosnący wpływ tego środka dowodowego na proces wyrokowania wynika przede wszystkim z jego naukowego rodowodu<sup>51</sup>. Nie sposób bowiem uciec od osiągnięć genetyki w zakresie identyfikacji i wykluczenia pochodzenia określonego śladu biologicznego od konkretnego osobnika. Nie umniejszając roli nauki, należy odróżnić ekspertyzę materiału genetycznego rozumianą jako proces badania czy analizy śladu biologicznego od wprzęgnięcia jej wyników do procesu karnego lub cywilnego.

Przedstawione metody analizy DNA nie wyczerpują w całości problematyki laboratoryjnego przeprowadzania badań w tym zakresie. Mają one jednak fundamentalne znaczenie w medycynie sądowej, a ich stosowanie w kryminalistyce uważa się za podstawowe. Pozwalają one w stopniu dostatecznym zorientować się w możliwościach praktycznych badań DNA na potrzeby szeroko rozumianego prawa dowodowego. Rozwój genetyki sprzyja wykrywaniu coraz to nowszych i doskonalszych metod identyfikacyjnych. Nie można wykluczyć, że pewne formy i rodzaje analiz DNA w najbliższej przyszłości będą mogły być wykonywane przy użyciu prostych metod i narzędzi nieomalże na miejscu zdarzenia, tak jak ma to miejsce już obecnie na etapie przed laboratoryjnym w szpitalach podczas identyfikacji czynnika patogenego odpowiedzialnego za wystąpienie np. zakażenia szpitalnego bezpośrednio przy łóżku chorego.<sup>52</sup> Nie do przecenienia także i w tym przypadku jest wprzęgnięcie zdobyczy naukowych biochemii i biologii molekularnej, co potwierdza interdyscyplinarny charakter badań genetycznych i sądowo-medycznych. Trudno wszak nie zauważyć, że aktualne metody dochodzenia epidemiologicznego o charakterze genetycznym w dużej części czerpią metodę śledczą znaną i stosowaną w kryminalistyce. Tutaj to medycyna będąca pierwotnie ojczyzną dowodu genetycznego sięgnęła do metod wypracowanych przez kryminalistykę i niejako ponownie zaadaptowała metody dochodzeniowe. Historia zatoczyła koło.

---

<sup>51</sup> Zob. M. Benecke, Random amplified polymorphic DNA (RAPD) typing of necrophageous insects (diptera, coleoptera) in criminal forensic studies: validation and use in practice, *Forensic Science International* 1998 r., nr 98, s. 157-168.

<sup>52</sup> D. Dzierżanowska, J. Jeliaszewicz, *Zakażenia szpitalne*, Bielsko Biała 1999, s. 449.



## Bibliografia

1. Abramowicz D., Pawłowski: Badanie DNA nigdy nie daje stuprocentowej pewności, <http://www.polskatimes.pl/opinie/243758,pawlowski-badanie-dna-nigdy-nie-daje-stuprocentowej-pewnosci,id,t.html>
2. Alberts B. , *Molecular biology of the cell, the genomem of mitochondria and chloroplasts* New York 1994.
3. Anderson S., Bankier A. Barell B., deBruijn M., Coulson A., Drouin J., Eperon I., Nierlich D., Roe B., Sanger F., Schreier P., Smith A., Staden R., Young I. : *Sequence and organization of the human mitochondrial genome*, *Nature* 1981, nr 290.
4. Benecke M., *Random amplified polymorphic DNA (RAPD) typing of necrophageous insects (diptera, coleoptera) in criminal forensic studies: validation and use in practice*, *Forensic Science International* 1998 r., nr 98.
5. Bregula, U. and Levan, A. (1985), Double minutes in a cell line from mouse fibroblasts grown under nonselective conditions. Suppression of a double minute-free sideline by in vivo environment. *Hereditas*, 102: 259-276. <https://doi.org/10.1111/j.1601-5223.1985.tb00625.x>.
6. Brenner C.H., Weir B.S., *Issues and strategies in the DNA identification of World Trade Center victims*, *Theoretical Population Biology*, 2003, Nr 63.
7. Chojniak Ł., Ł. Wiśniewski, *Przyczyny niesłusznych skazań w Polsce*, Warszawa 2012, s. 9 i n.
8. Clayton T. M., Whitaker J. P., Maguire C. N., *Identyfikacja of bodies from the scene of a mass disaster using DNA amplification of short tandem repeat (STR) loci*, *Forensic Science International* 1995, nr 76.
9. Drewy G., Ferenc T. (red.), *Podstawy genetyki*, Urban & Partner, Wrocław 2007
10. Dzierżanowski D., Jeliaszewicz J., *Zakażenia szpitalne*, Bielsko Biała 1999
11. Fletcher H., I. Hickey, P. Winter, *Genetyka*, Warszawa 2010, PWN s. 327 i n.
12. Gąsiorowski J., *Zabezpieczenie miejsca zdarzenia. Aspekty prawne i kryminalistyczne*, Wydawnictwo Szkoły Policji w Katowicach, 2004, s. 17 i n.
13. Gilbert W., *The RNA World*, *Nature* Nr 319, 1986.
14. Gill P., Ivanov P.L. et al., *Identification of the remains of the Romanov family by DNA analysis*, *Nature Genetics* 6 (2) (1994) s. 130-135.
15. Gruza E., *Przyczynek do zagadnienia dopuszczalności i wykorzystania „dowodów naukowych” w procesie karnym*, *Przegląd Sądowy* 1995, nr 7-8, s. 83-92.

16. Grzesiak G., Lech M., *DNA zabójcy na szyi ofiary zadławienia*, Problemy kryminalistyki, Nr 257, 2007.
17. Hellmann A., i in, *Genetyczny odcisk palca zwierząt i roślin – analiza DNA*, Problemy Kryminalistyki, 257/07, s. 85-87.
18. Hoff-Olsen P. i in, *Extraction of DNA from decomposed human tissue. An evaluation of five extraction methods for short tandem repeat typing*, Forensic Science International 1999, nr 105.
19. Kardas P., Niektóre okoliczności wyłączające i umniejszające winę w projekcie kodeksu karnego, Wojskowy Przegląd Prawniczy 1996, Nr 1.
20. Konieczny J., Szostak M., *Profilowanie kryminalne*, Warszawa 2011.
21. Kupiec T., Branicki W., *Badania genetyczne domniemanych szczątków generała Władysława Sikorskiego*, Arch. Med. Sąd. Krym. 2009, nr LIX.
22. Lander E. S., Budowle B., *DNA fingerprinting dispute laid to rest*, Nature 1994, nr 371.
23. Lech K., Piechota., *Genetyczne śledztwo*, Wiedza i Życie 2010, nr 3.
24. Loevy A. G., Siekievitz P., *Podstawy biologii współczesnej. Struktura i funkcja komórki*. Warszawa 1969.
25. Maddox, B. The double helix and the 'wronged heroine'. Nature 421, 407–408 (2003), <https://doi.org/10.1038/nature01399>.
26. Mazur O., Nieśluszne skazania w Polsce w opinii prokuratorów i policjantów, Palestra nr 3-4, 2012.
27. Mościcka-Śliwka D., *Identyfikacja genetyczna u progu trzeciego tysiąclecia*, Annales Academiae Bydgostiensis, 2000, nr 14.
28. Mullis K.B., The unusual origin of the polymerase chain reaction, Scientific American 1990, 262(4), s. 36-43.
29. Murray R. K., Granner D. K., Rodwell W. W., *Biochemia Harpera*, PZWL Warszawa 2008.
30. Patterson N., D. J. Richter, S. Gnerre, E. S. Lander, D. Reich, Genetic evidence for complex speciation of humans and chimpanzees, Nature 441, 2006, s. 1103-1108.
31. Promorac D. i inn., *Identification of war victims from mass grave In Croatia, Bosnia, and Herzegovina by the use of standard forensic methods and DNA typing*, Journal of Forensic Sciences 1996, nr 41 (5).
32. Seroczyńska M., *Dowód z analizy śladów biologicznych w postępowaniu karnym na tle prawnoporównawczym*, Prokuratura i Prawo 2001, nr 2.

33. Seyda B., *Dzieje medycyny w zarysie*, PZWL Warszawa 1973.
34. Spólnicka M., Drabik J., *Markery miniSTR jako nowa technologia badania śladów biologicznych w kryminalistyce*, Problemy kryminalistyki, 2007, nr 258.
35. Szostak J. W., *DNA ends: Just the beginning*, Nobel lecture, 2009.
36. Tomaszewski T., *Genetyczne badania identyfikacyjne – przełom i wyzwanie dla kryminalistyki*, Problemy Współczesnej Kryminalistyki, Tom I, 1996.
37. Walczak E. i in., RAPD with microsatellite as a tool differentiation of Candida genus yeasts isolated in brewing, Food Microbiology, Nr 24, 2007, s. 305-312.
38. Watson, J.D., and F.H.C. Crick. 1953. A structure for deoxyribose nucleic acid. Nature 171:737-738; Wilkins, M.H.F., A.R. Stokes, and H.R. Wilson. 1953. Molecular structure of deoxypentose nucleic acids. Nature 171:738-740; Franklin, R., and R.G. Gosling. 1953. Molecular configuration in sodium thymonucleate. Nature 171:740-741. za: [undsci.berkeley.edu/the-science-checklist-applied-solving-dnas-double-helix/](http://undsci.berkeley.edu/the-science-checklist-applied-solving-dnas-double-helix/).
39. Włodarczyk R., Marcinkowski T., *Możliwości identyfikacji sprawców przestępstw na podstawie włosów ludzkich znalezionych na miejscu zdarzenia*, Problemy Kryminalistyki, 1998, nr 219.
40. Wójcikiewicz J. (red.), *Ekspertyza sądowa*, Warszawa 2002.
41. Wójcikiewicz J., *Identyfikacja człowieka na podstawie analizy DNA*, Palestra 1993, nr 12.
42. Wójcikiewicz J., *Identyfikacja człowieka na podstawie DNA*, Z zagadnień kryminalistyki 1992, tom XXVII.
43. Żołędziowska M., Kowalczyk E., Dmochowska G., Dobosz T., *Izolacja i badanie DNA z pozostałości zębiny tkwiącej w metalowej koronce*, Postępy Medycyny Sądowej i Kryminologii, 2001, nr 6.
44. Ustawa z dnia 6 czerwca 1997 r. – Kodeks karny (Dz. U. 1997 r., Nr 88, poz. 553, ze zmianami).
45. Ustawa z dnia 22 czerwca 2001 r. - o organizmach genetycznie zmodyfikowanych (Dz.U. 2001 r., Nr 76 poz. 811).



Serce Europy Środkowej  
Das Herz Mitteleuropas  
Srdce střední Evropy  
The heart of Central Europe