

Problemy z opiniowaniem w przypadku wystąpienia anomalii genetycznej

W rutynowej pracy pracowni genetycznych policyjnych laboratoriów kryminalistycznych stosowany jest zestaw SGM Plus firmy Applied Biosystem pozwalający na jednoczesną analizę próbki w zakresie 10 polimorficznych układów STR oraz oznaczenie markerów płci. System ten pozwala na jednoznaczne wykluczenie lub potwierdzenie z prawdopodobieństwem graniczącym z pewnością hipotezy na temat pochodzenia materiału biologicznego od danej osoby. Jego przydatność w badaniach kryminalistycznych, oprócz wzmiankowanej informatywności, wynika również z możliwości analizy DNA zdegradowanego w znacznym stopniu oraz wysokiej czułości metody. Zalecana przez producenta optymalna ilość wyjściowego DNA powinna zawierać się w przedziale od 1,0 ng do 2,5 ng¹. Ilość ta pozwala na uzyska-

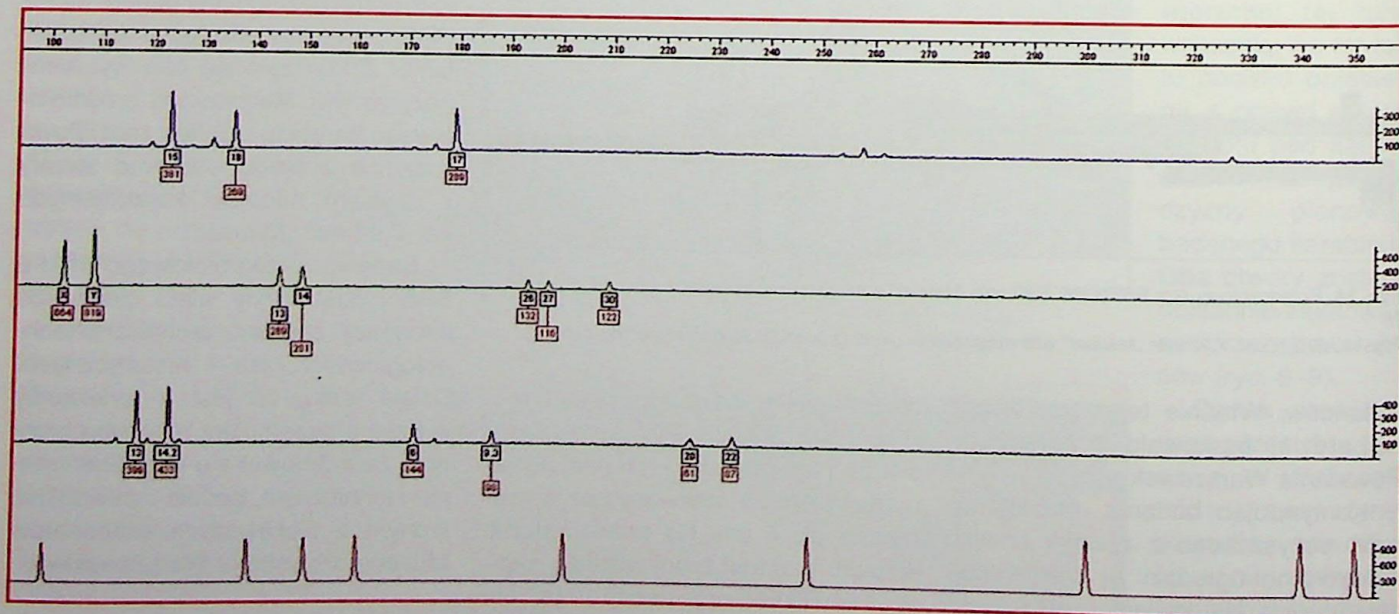
nie pełnego profilu w zakresie wszystkich badanych układów systemu SGM Plus i prawidłowego obrazu elektroforetycznego badanej próbki, tj. takiego, w którym piki odzwierciedlające allele będą miały porównywalną wielkość w poszczególnych badanych loci.

O ile górna granica optymalnej ilości DNA nie stanowi żadnego problemu, bo możemy ją uzyskać odpowiednio rozcieńczając próbkę o dużej zawartości DNA, o tyle dolny próg bywa trudny do osiągnięcia w przypadku niektórych śladów kryminalistycznych i często nawet maksymalne zagęszczenie próbki nie jest wystarczające. W takich przypadkach uzyskujemy przeważnie niepełny profil (brak wyników w układach o największej długości analizowanych fragmentów), a w układach, w których otrzymujemy wynik, wysokości pików nie

są zbalansowane (zblżonej wielkości). Nierzadko występuje wtedy również zjawisko „wypadania” dłuższych alleli w poszczególnych układach, co może prowadzić do uzyskania mylnego wyniku wskazującego na homozygotę.

Słaba jakość i zbyt mała ilość DNA uzyskanego ze śladów kryminalistycznych może wynikać na przykład z działania czynników środowiskowych (deszcz, słońce), jakim podlegał materiał dowodowy przed zabezpieczeniem.

Przykładem na to, jaki wpływ na opiniowanie może mieć wynik badań takiego materiału, jest przypadek ekspertyz realizowanych w Pracowni Biologii LK KSP na zlecenie Wydziału do walki z Terrorem Kryminalnym i Zabójstw KSP do sprawy o usiłowanie wymuszenia rozbójniczego. Jednym ze śladów był niedo-



Ryc. 1. Obraz elektroforetyczny (Genotyper 3.7) wyników badań genetycznych materiału biologicznego na niedopałku papierosa
Fig. 1. Electropherogram of DNA from cigarette butt (Genotyper 3.7)

palek papierosa zabezpieczony na otwartym terenie posesji, gdzie przetrzymywano osobę uprowadzoną dla okupu.

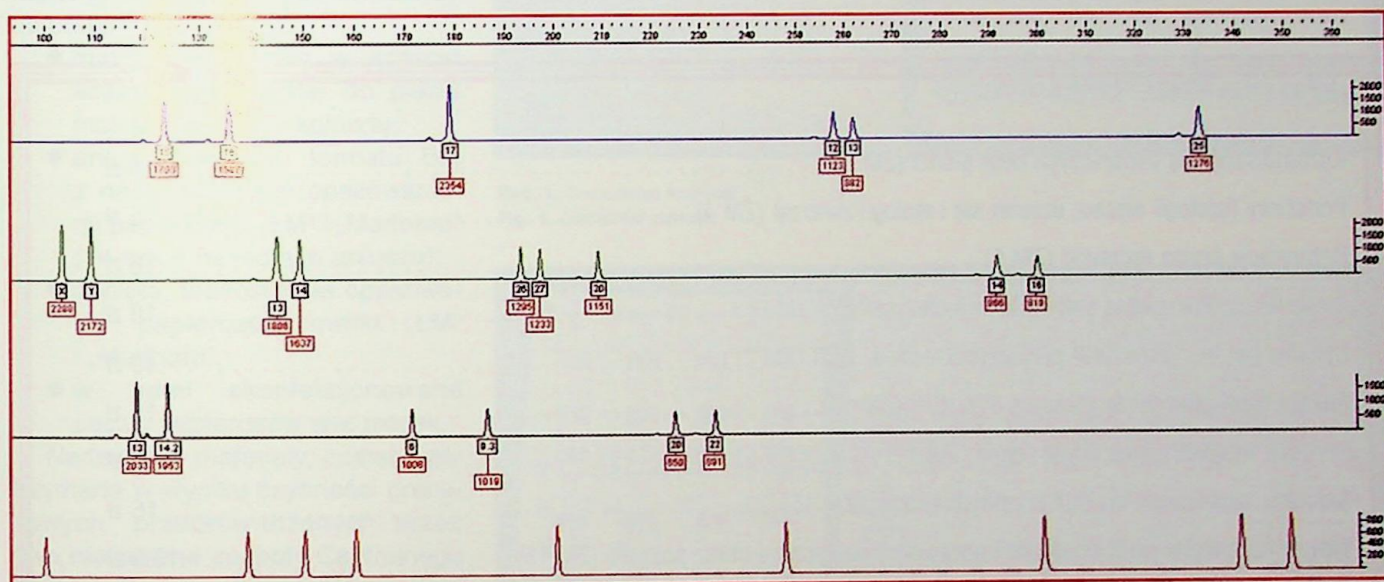
Niedopałek poddano badaniom zgodnie ze stosowaną rutynowo procedurą. Izolację DNA prowadzono metodą organiczną, zagęszczając próbkę na filtrze Microcon 100². Amplifikację prowadzono w aparacie GeneAmp PCR 9700, elektroforezę w aparacie ABI PRISM 3100, analizę

- obecność dodatkowego, bardzo niskiego pików (67 RFU) w układzie D3S1358,
- obecność trzech porównywalnej wielkości pików w układzie D21S11.

Taki obraz elektroforetyczny próbki nasuwał przypuszczenie, że możemy mieć do czynienia z mieszaniną DNA dwóch lub więcej osób, co w przypadku niedopałków papierosów nie jest rzadkie.

w próbce uzyskanej z dowodowego niedopałka (ryc. 2).

Porównanie wyników otrzymanych dla materiału dowodowego na ustniku niedopałka papierosa i dla materiału porównawczego dało przesłanki do właściwego sformułowania opinii w przedmiotowej sprawie. Przypuszczenie, że w materiale dowodowym mamy do czynienia z mieszaniną DNA, stało się bezpodstawne. Zaistniały natomiast przesłanki do wnios-



Ryc. 2. Obraz elektroforetyczny (Genotyper 3.7) wyników badań genetycznych śliny porównawczej
Fig. 2. Electropherogram of DNA from saliva comparative sample (Genotyper 3.7)

wyników z wykorzystaniem programów GeneScan 3.7.1 i Genotyper 3.7.

Pomimo maksymalnego zagęszczenia próbki profil DNA uzyskano tylko w 7 układach systemu SGM Plus (ryc. 1). Nie otrzymano wyników w układach o największej długości amplifikowanych fragmentów, tj.: D16S539, D2S1338 i D18S51. Wskazuje to na częściową degradację DNA w materiale na ustniku dowodowego niedopałka papierosa. Ponadto w wyniku przeprowadzonej analizy stwierdzono:

- dysproporcję wielkości pików w obrębie par alleli układów: D3S1358, TH01 i FGA,

Następnie zleceniodawca dostarczył materiał porównawczy od wytypowanych mężczyzn celem ustalenia, czy materiał biologiczny na ustniku dowodowego niedopałka pochodzi od któregoś z nich.

Po przeanalizowaniu wyników badań tego materiału w zakresie układów systemu SGM Plus stwierdzono, że w przypadku jednego z mężczyzn, w układzie D21S11, występują trzy allele, takie same jak oznaczono dla materiału dowodowego na niedopałku papierosa. W pozostałych analizowanych układach oznaczone dla tego mężczyzny allele były zgodne z oznaczonymi dla DNA

skowania, że DNA w dowodowej próbce pochodzi od tego właśnie mężczyzny.

Dysproporcja w wielkości pików w analizowanych układach mogła być spowodowana małą ilością materiału wyjściowego.

Przytoczona sytuacja wskazuje na konieczność zachowania dużej ostrożności przy formułowaniu wniosków opinii genetycznych, w przypadkach gdy mamy do czynienia z małą ilością DNA, do tego często zdegradowanego.

Występowanie trzech alleli w układzie D21S11 jest zjawiskiem bardzo rzadkim, aczkolwiek możli-

wym³. W literaturze przedmiotu odnotowano dotychczas 8 kombinacji takich trójek⁴.

Nie jest możliwe określenie częstości występowania takiego układu alleli, ponieważ kombinacji uzyskanej dla materiału biologicznego na niedopałku papierosa i dla śliny porównawczej jeszcze nie opisano.

Henryka Miąskiewicz
Maciej Skonieczny
zdj.: M. Skonieczny

PRZYPISY

- ¹ AmpFISTR SGM Plus PCR Amplification Kit User's Manual, Applied Biosystems;
- ² **R. Michalczak, G. Rycerska, E. Wojtuszek:** Analiza DNA w systemie SGM Plus, „Zeszyty Metodyczne”, nr 22, Wydawnictwo CLK KGP, Warszawa 2005;
- ³ **M.J Butler:** Genetic and Genomics of Core Short Tandem Repeat Loci Used in Human Identity Testing, „Jo-

urnal of Forensic Sciences” 2006, nr 51, 253–265;

- ⁴ **M.Ch. Ruitberg, D.J. Reeder, J.M. Butler:** STRBase: a short tandem repeat DNA database for the human identity testing community, „Nucleic Acids Research” 2001, nr 29, 320–322; patrz również: Short Tandem Repeat DNA Internet Database (<http://www.cstl.fbi.gov/biotech/strbase/>).

Kształtowanie się osobniczych cech pisma (ZM 3)	18 zł
Podstawy fizjologii węchu, uczenia się i etologii zwierząt (ZM 4)	15 zł
Deformacje pisma ręcznego (ZM 5)	18 zł
Badania mineralogiczne śladów kryminalistycznych (ZM 6)	10 zł
Badanie polimorfizmu DNA przy użyciu techniki PCR (ZM 7)	10 zł
Analiza nieorganiczna w praktyce CLK KGP (ZM 10)	15 zł
Czynniki wpływające na obraz pisma (ZM 12)	15 zł
Aktualne zagadnienia biologii kryminalistycznej (ZM 15)	16 zł
Wpływ czynników wolicjonalnych i pozawolicjonalnych na obraz podpisu (ZM 18)	13,5 zł
Wybrane zagadnienia dotyczące rekonstrukcji wypadków drogowych (ZM 19)	20 zł
Ślady małżowiny usznej (ZM 20)	16 zł
Wybuch i jego skutki – kryminalistyczne badania materiałów i urządzeń wybuchowych (ZM 21)	37 zł
Analiza DNA w systemie SGM PLUS (ZM 22)	22 zł
Portret pamięciowy – wybrane zagadnienia (ZM 23)	28 zł
Zbigniew Ruszkowski: Fizykochemia kryminalistyczna	15 zł
Jarosław Moszczyński: Daktyloskopia	26 zł
Andrzej Filewicz: Kryminalistyczne badania pozostałości po wystrale z broni palnej (GSR)	35 zł
Leonarda Rodowicz: Kryminalistyczne badanie śladów obuwia	10 zł
Waldemar S. Krawczyk: Profilowanie narkotyków	25 zł
Waldemar S. Krawczyk: Chromatografia gazowa w kryminalistyce	25 zł
Andrzej Pietrych: Fałszerstwa oznaczeń identyfikacyjnych w pojazdach samochodowych i ich wykrywanie	18 zł
Waldemar S. Krawczyk: Nielegalne laboratoria narkotykowe	29 zł