

mgr inż. Krzysztof Żak

Katedra i Zakład Medycyny Sądowej Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego
ORCID 0000-0001-6349-7956

dr hab. n. med. Ireneusz Soltyszewski

Katedra i Zakład Medycyny Sądowej Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego
ORCID 0000-0003-1128-8129

WYKORZYSTANIE ANALIZY DNA DO IDENTYFIKACJI NN ZWŁOK I SZCZĄTKÓW LUDZKICH

Streszczenie

Identyfikacja NN zwłok i szczątków ludzkich jest procesem zmierzającym do ustalenia tożsamości osoby, której ciało (fragmenty ciała) lub szczątki zostały odnalezione w okolicznościach niepozwalających na ustalenie jej personaliów. Jest to proces o charakterze wielopłaszczyznowym, wykorzystujący metody badawcze z wielu dziedzin nauk sądowych. Wśród nich istotne znaczenie mają badania genetyczne, umożliwiające analizę różnorodnego materiału biologicznego, w tym archiwalnego.

Słowa kluczowe: NN zwłoki, szczątki ludzkie, metody identyfikacji

Wstęp

Identyfikacja NN zwłok i szczątków ludzkich jest procesem zmierzającym do ustalenia tożsamości osoby zmarłej. W niektórych przypadkach, z uwagi na okoliczności, czas i miejsce ujawnienia, zwłoki podlegają przeobrażeniom pośmiertnym (rozkładowi, pofragmentowaniu, zwęgleniu lub zeszkieletowieniu). W konsekwencji wizualna identyfikacja ciała przez okazanie nie jest możliwa. W tej sytuacji jedynym sposobem ustalenia tożsamości staje się analiza genetyczna obejmująca określenie profilu DNA nieznannej osoby i porównanie go z profilami genetycznymi jej domniemanych krewnych¹. Bez względu na to, jakie metody identyfikacji zostaną zastosowane, ich

¹ E. Kapińska, Z. Szczerkowska, *Ustalenie tożsamości nieznannej osoby w oparciu o określenie profilu DNA z ekshumowanych szczątków ludzkich*, „Archiwum Medycyny Sądowej i Kryminologii” 2008, t. LVIII, s. 32–36.

efektem powinno być ustalenie tożsamości zwłok, co z kolei umożliwia podjęcie czynności prawnych związanych z uznaniem danej osoby za zmarłą.

Procedura postępowania w przypadku ujawnienia NN zwłok

Zgodnie z Zarządzeniem Komendanta Głównego Policji nr 48 z dnia 28 czerwca 2018 r., w przypadku ujawnienia NN zwłok dyżurny jednostki Policji zleca zabezpieczenie miejsca znalezienia NN zwłok, zapewnia przyjazd lekarza w celu stwierdzenia zgonu, kieruje na miejsce zdarzenia zespół dochodzeniowo-śledczy oraz informuje właściwego miejscowo prokuratora o fakcie ujawnienia NN zwłok. Na miejscu zdarzenia zespół dochodzeniowo-śledczy dokonuje oględzin NN zwłok, zabezpiecza znalezione ślady i przedmioty oraz wykonuje zdjęcia zwłok z uwzględnieniem czterech ujęć głowy, sylwetki, lewej małżowiny usznej, a także zdjęcia ze szczególnym uwzględnieniem cech charakterystycznych, w tym: blizn, tatuaży, znamion itp., z zachowaniem zasad fotografii skalowej. Kolejne czynności obejmują pobranie odcisków linii papilarnych palców rąk i dłoni oraz pobranie próbki biologicznej do badań genetycznych. Kluczową kwestią dalszego kierunku prowadzenia czynności dochodzeniowo-śledczych jest uzyskanie wstępnej oceny biegłego lekarza co do przyczyny śmierci, dlatego udział lekarza medycyny sądowej w oględzinach jest uzasadniony. Jednostką Policji właściwą miejscowo do prowadzenia czynności identyfikacyjnych jest jednostka, na której terenie NN zwłoki zostały ujawnione. W przypadku gdy zgon nastąpił w placówce leczniczej, czynności identyfikacyjne będzie prowadzić jednostka Policji, na której terenie NN osoba przebywała przed hospitalizacją. Analizowane zarządzenie w rozdziale 8 wymienia 10 metod identyfikacji NN zwłok:

- 1) porównanie odbitek linii papilarnych;
- 2) porównanie profilu DNA;
- 3) porównanie cech rysopisowych i znaków szczególnych, w tym blizn i tatuaży;
- 4) porównanie danych medycznych o przebytych zabiegach leczniczych oraz chirurgicznych;
- 5) rozpoznanie rzeczy osobistych;
- 6) rozpoznanie na podstawie dokumentów ujawnionych przy NN zwłokach lub szczątkach NN zwłok;
- 7) rozpoznanie przez świadków, członków rodziny lub znajomych;
- 8) badanie uzębienia i innych danych odontologicznych;
- 9) badanie radiologiczne;
- 10) badanie antroposkopijne.

Prowadząc identyfikację NN zwłok, w pierwszej kolejności należy dokonać wstępnych ustaleń zmierzających do identyfikacji NN zwłok, które obejmują analizę okoliczności ich znalezienia i wyniki przeprowadzonych wywiadów. W następnej kolejności dokonuje się typowania NN zwłok polegającego na porównaniu rysopisów, w tym znaków szczególnych NN zwłok, z zarejestrowanymi w Krajowym Systemie Informacji Policji (KSIP). W czasie sądowo-lekarskiej sekcji zwłok technik kryminalistyki wykonuje dokumentację fotograficzną oraz w miarę możliwości pobiera odciski linii papilarnych palców rąk i dłoni, a także próbki materiału biologicznego na potrzeby badań genetycznych. Zarządzenie nakazuje niezwłoczne przeprowadzenie wywiadu daktyloskopijnego. W przypadku negatywnego wyniku wywiadu daktyloskopijnego lub gdy ze względu na zaawansowane zmiany pośmiertne nie było możliwe pobranie odcisków linii papilarnych, funkcjonariusz Policji zleca oznaczenie profilu DNA i rejestrację w bazie danych DNA. W uzasadnionych przypadkach zabezpiecza się czaszkę do badań antropometrycznych i antroposkopijnych.

NN zwłoki uważa się za zidentyfikowane, gdy zostały rozpoznane przez członka najbliższej rodziny, opiekuna prawnego lub co najmniej dwie osoby, które bezpośrednio znały zmarłego. Oprócz powyższych metod identyfikacji ustalenie tożsamości NN zwłok możliwe jest poprzez uzyskanie pozytywnego wyniku wywiadu daktyloskopijnego lub pozytywnej ekspertyzy daktyloskopijnej oraz zebranie innych dowodów stwierdzających tożsamość NN zwłok, w tym pozytywnego wyniku porównania profilu DNA lub ekspertyzy badań antroposkopijnych.

Ważną kwestią jest prawidłowe dokumentowanie przeprowadzonych czynności identyfikacyjnych. Przykładowa „Teczka identyfikacji NN zwłok” powinna zawierać dwa rodzaje dokumentów. Na pierwsze, związane z identyfikacją NN zwłok, składają się: kopie protokołów oględzin NN zwłok, odzieży i miejsca ich znalezienia, odpis protokołu sekcji NN zwłok, dokumentacja fotograficzna, w tym zdjęcia sygnalityczne, zdjęcia odzieży, przedmiotów znalezionych przy NN zwłokach, tatuaży i znaków szczególnych oraz małżowin usznych, karta daktyloskopijna z odciskami linii papilarnych NN zwłok wraz z wynikiem przeszukania w automatycznym systemie identyfikacji daktyloskopijnej AFIS, dokumentacja dotycząca pobrania materiału biologicznego do badań DNA, zlecenia jego oznaczenia i rejestracji profilu DNA w bazie danych DNA, ekspertyzy, opinie i inne ustalenia lub ich odpisy, które mogą się przyczynić do identyfikacji NN zwłok. Druga grupa dokumentów obejmuje notatkę o terminie i miejscu pochówku NN zwłok oraz notatki z innych czynności wykonanych w sprawie,

potwierdzenia dokonanych rejestracji i sprawdzeń oraz typowań dotyczących NN zwłok w KSIP, jak również kartę kontroli i nadzoru służbowego².

Analiza DNA w regionach niekodujących

Ze względu na możliwości oznaczenia profilu DNA w różnorodnym materiale biologicznym, takim jak krew, ślina, włosy lub kości, oraz wykonywania badań materiału zabezpieczonego przed wielu laty, badania genetyczne według wytycznych Międzynarodowego Towarzystwa Genetyki Sądowej (International Society for Forensic Genetics – ISFG) zostały umieszczone na pierwszym miejscu stosowanych metod identyfikacji. Ma to związek z faktem, że nie zawsze możliwe jest pobranie odbitek linii papilarnych ze zwłok³.

W przypadku NN zwłok i szczątków ludzkich badania genetyczne polegają na oznaczeniu profilu DNA, a następnie jego porównaniu z profilami uzyskanymi z zabezpieczonego materiału *ante mortem* lub profilami DNA potencjalnych krewnych (rodziców, rodzeństwa, dzieci). Badania genetyczne nie są badaniami indywidualnymi, ale pozwalają ze stuprocentową pewnością wykluczyć tożsamość zwłok. Natomiast w sytuacji braku wykluczenia wynik analizy porównawczej opiera się na analizie statystycznej.

Decyzja, jaki rodzaj materiału biologicznego trzeba pobrać z NN zwłok, powinna być podejmowana indywidualnie w zależności od konkretnej sytuacji. Do badań, których celem jest oznaczenie profilu genetycznego, można wykorzystać np. próbki wysuszonej krwi, włosy, fragmenty trzonu kości udowej lub fragmenty kości ramieniowej (ok. 5 cm), zęby bądź fragmenty tkanek⁴.

Na potrzeby identyfikacji osobniczej od ponad 20 lat stosuje się analizę polimorficznych sekwencji mikrosatelitarnych DNA jądrowego, tj. markerów typu STR (ang. *short tandem repeats*). Dzięki zastosowaniu metody multipleksowej reakcji łańcuchowej polimerazy (multipleks PCR) istnieje możliwość jednoczesnej analizy wielu markerów STR, nawet w bardzo

² Zarządzenie Komendanta Głównego Policji z dnia 28 czerwca 2018 r. w sprawie prowadzenia przez Policję poszukiwania osoby zaginionej oraz postępowania w przypadku ujawnienia osoby o nieustalonej tożsamości lub znalezienia nieznanymi zwłok oraz szczątków ludzkich, Dz.Urz. KGP.2018.77

³ M. Prinz, A. Carracedo, W.R. Mayr, N. Morling, T.J. Parsons, A. Sajantila, R. Scheithauer, H. Schmitter, P.M. Schneider, *DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG): Recommendations regarding the role of forensic genetics for disaster victim identification (DVI)*, „Forensic Science International”: Genetics” 2007, nr 1, s. 3–12.

⁴ I. Sołtyszewski, B. Młodziejowski, R. Płoski, W. Pepiński, J. Janica, *Kryminalistyczne i sądowo-lekarskie metody identyfikacji zwłok i szczątków ludzkich*, „Problemy Kryminalistyki” 2003, nr 239, s. 7–12.

małych i silnie zdegradowanych śladach biologicznych. Metodą tą można badać wszystkie rodzaje materiału biologicznego. Analiza DNA za pomocą zestawów multipleksowych STR ma dużą siłę dyskryminacji. Niemniej w przypadkach kiedy mamy do czynienia z próbkami DNA o znacznym stopniu degradacji, wykorzystuje się mini-STR oraz markery polimorfizmu pojedynczego nukleotydu SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*)⁵.

Do celów ustalenia pokrewieństwa między NN zwłokami a członkami rodziny wykorzystuje się również badania polimorfizmu chromosomu Y, którego charakterystyczną cechą jest dziedziczenie tylko w linii męskiej, co pozwala na ustalenie pokrewieństwa między ojcem a synem, dziadkiem a wnukiem itp. Kolejnym badaniem, które można wykonać do tych celów, jest analiza polimorfizmu chromosomu X, pozwalająca na ustalenie pokrewieństwa np. matki z domniemanym synem. W przypadku silnie zdegradowanego materiału biologicznego, który nie może zostać wykorzystany do analizy DNA jądrowego, stosuje się analizę sekwencji DNA mitochondrialnego (mtDNA). Zgodnie z przyjętym modelem dziedziczenia wszyscy potomkowie jednej matki posiadają identyczne haplotypy mitochondrialnego DNA. Badania DNA mitochondrialnego w trzech hiperzmiennych regionach pętli D mają duże znaczenie w analizach identyfikacyjnych kości (w tym zębów) i włosów pozbawionych cebulki. Ze względu na występowanie wielu kopii badania DNA mitochondrialnego dają większe szanse powodzenia w przypadku silnie zdegradowanego materiału biologicznego, który nie może zostać wykorzystany do analizy DNA jądrowego. Należy jednak pamiętać, że analiza statystyczna wyników powinna być oparta na odpowiednio dużej i reprezentatywnej bazie haplotypów mtDNA populacji, z której może pochodzić NN osoba (baza referencyjna). Ma to szczególnie istotne znaczenie przy szacowaniu częstości rzadkich i unikatowych haplotypów⁶.

Doświadczenia wielu państw wskazują, że bazy danych DNA zawierające markery typu STR pozwalają na wykorzystanie tego narzędzia do celów ustalenia tożsamości NN zwłok. Dzięki systemowi informatycznemu bazy danych DNA istnieje możliwość porównania i dopasowania profilu DNA oznaczonego dla NN zwłok lub szczątków ludzkich z profilami DNA rodzin (rodzice, rodzeństwo, dzieci) osób zgłoszonych jako zaginione. Od tych osób pobiera się jako materiał porównawczy wymazy z jamy ustnej lub krew.

⁵ J. Drabik, *Markery miniSTR jako nowa technologia badania śladów biologicznych w kryminalistyce*, „Problemy Kryminalistyki” 2007, nr 258, s. 56–62.

⁶ P. Daca, M. Mielnik-Sikorska, J. Bednarek, T. Grzybowski, *Ocena stopnia wysycenia bazy danych mitochondrialnego DNA dla populacji Polski*, „Archiwum Medycyny Sądowej i Kryminologii” 2010, t. LX, s. 263–269.

Analiza statystyczna wyników badań genetycznych

Program Familias⁷ jest narzędziem wykorzystywanym do szacowania ilorazu wiarygodności oraz wartości prawdopodobieństwa pokrewieństwa w sprawach spornego ojcostwa, jak też w sprawach poszukiwawczych i identyfikacyjnych osób zaginionych lub osób i zwłok o nieustalonej tożsamości, przy założeniu różnego stopnia pokrewieństwa z ich domniemanymi krewnymi. Oprogramowanie umożliwia wykonywanie obliczeń o większym stopniu skomplikowania z uwzględnieniem ewentualnych mutacji, alleli zerowych, „drop out”/„drop in”. Pozwala przeprowadzać analizę przypadków, w których uwzględnić należy takie problemy jak chów wsobny, kazirodztwo oraz pokrewieństwo wśród małej, zamkniętej populacji. Program daje możliwość zbadania stopnia pokrewieństwa pomiędzy ofiarami katastrof masowych a domniemanymi krewnymi⁸.

W przypadku analizy stopnia pokrewieństwa stosowane jest obliczenie statystyczne oparte na wyliczaniu ilorazu wiarygodności (*likelihood ratio*), a następnie przekształceniu otrzymanego ilorazu wiarygodności w formę prawdopodobieństwa pokrewieństwa. Równanie wartości LR zakłada porównanie prawdopodobieństw ustalenia dowodu z badań genetycznych przy założeniu dwóch alternatywnych hipotez (iloraz dwóch prawdopodobieństw warunkowych)⁹.

$$LR = \frac{\text{Pr (dowód}/H_1)}{\text{Pr (dowód}/H_2)}$$

gdzie:

LR – *likelihood ratio* (iloraz wiarygodności)

Pr – prawdopodobieństwo

dowód – zestawy alleli (profile DNA analizowanych osób)

H₁: hipoteza 1

H₂: hipoteza 2

⁷ <https://familias.no/> (dostęp: 15.09.2024).

⁸ T. Egeland, D. Kling, P. Mostad, *Relationship Inference with Familias and R Statistical Method in Forensic Genetics*, Elsevier, Amsterdam et al. 2016.

⁹ J. Drabek, *Validation of software for calculating the likelihood ratio for parentage and kinship*, „Forensic Science International: Genetics” 2009, nr 3, s. 112–118.

Następnie otrzymaną wartość przekształca się w prawdopodobieństwo pokrewieństwa, korzystając ze wzoru:

$$P = \frac{LR}{LR+1}$$

gdzie:

LR – *likelihood ratio* (iloraz wiarygodności)

P – prawdopodobieństwo pokrewieństwa¹⁰

Polskie Towarzystwo Medycyny Sądowej i Kryminologii wydało rekomendację do interpretacji wyników analizy statystycznej, według której potwierdzenie ojcostwa/pokrewieństwa następuje po uzyskaniu wyniku $LR \geq 1\,000\,000$, co odpowiada prawdopodobieństwu co najmniej 99,9999%¹¹.

Analiza DNA w regionach kodujących

Genetyka sądowa jest dynamicznie rozwijającą się dyscypliną naukową, dlatego sukcesywnie opracowywane są nowe narzędzia badawcze, które mogą znaleźć zastosowanie również w procesie identyfikacji NN zwłok i szczątków ludzkich. Fenotypowanie jest stosunkowo nowym zagadnieniem w genetyce sądowej i nie jest wykorzystywane w rutynowo prowadzonych sprawach kryminalistycznych czy identyfikacyjnych¹². Dzięki fenotypowaniu można określić zewnętrzne cechy wyglądu danej osoby za pośrednictwem analizy jej DNA. Aktualnie dostępne są komercyjne zestawy odczynników umożliwiające oznaczenie takich cech wyglądu jak kolor włosów, kolor oczu, kolor skóry i wiek biologiczny. Możliwe jest również określenie pochodzenia biogeograficznego¹³. Ma to kluczowe znaczenie w przypadku braku materiału porównawczego.

Z ograniczeniem wykorzystania fenotypowania w sprawach kryminalistycznych wiąże się wiele aspektów. Główne trudności obejmują interpretację złożonych danych genetycznych, kwestie etyczne związane z prywatnością oraz regulacje prawne dotyczące możliwości wykorzystania tej technologii. Obecnie stosowane metody analizy DNA obejmują markery STR zlokalizowane w niekodujących regionach DNA. Do fenotypowania wykorzystuje się, oprócz fragmentów niekodujących, również markery znajdujące się w obszarze ludzkiego genomu kodującym białka. Fakt ten

¹⁰ <https://familias.name/Files/manualFamilias.pdf> (dostęp: 15.09.2024).

¹¹ <http://www.ptmsik.pl/komisja-genetyki-sadowej/zasady-atestacji-na-rok-2016> (dostęp: 15.09.2024).

¹² P. Dabas, S. Jain, H. Khajuria, B.P. Nayak, *Forensic DNA phenotyping: Inferring phenotypic traits from crime scene DNA*, „Journal of Forensic and Legal Medicine” 2022, nr 88, s. 102351.

¹³ P.M. Schneider, B. Prainsack, M. Kayser, *The use of forensic DNA phenotyping in predicting appearance and biogeographic ancestry*, „Deutsches Ärzteblatt International” 2019, nr 51–52, s. 873–880.

jest głównym powodem obaw o naruszenie prywatności badanej osoby, gdyż może ujawnić indywidualne cechy dawcy próbki. Jeśli chodzi o aspekt prawny wykorzystania tej metody, to nie jest ona regulowana w polskim prawie, a co za tym idzie – nie ma żadnych norm co do jej wykorzystania, w związku z powyższym istnieje możliwość wykonania fenotypowania dla celów genetyki sądowej. Jako że metoda ta jest narzędziem badawczym, a jej celem jest tylko wspomaganie prowadzonych postępowań, fenotypowanie nie powinno być jedynym dowodem w sprawie wykorzystanym do identyfikacji osób. W sprawach identyfikacyjnych NN zwłok ludzkich, które ze względu na stopień zachowania szczątków nie kwalifikują się do identyfikacji innymi metodami, fenotypowanie daje możliwość skutecznego zawężenia grona poszukiwanych osób.

Przyszłość fenotypowania DNA wydaje się obiecująca, zwłaszcza w kontekście rozwoju technologii sekwencjonowania i dalszego postępu w kierunku bardziej precyzyjnych i wszechstronnych analiz. Już obecnie odkrywane są nowe markery predykcyjne dla większej liczby cech wyglądu, takich jak kolor brwi, piegi, struktura włosów, wypadanie włosów u mężczyzn, wysoki wzrost i siwienie. Trwają prace również nad ustaleniem takich cech wyglądu jak morfologia uszu, typ zarostu na twarzy oraz kształt twarzy, jednakże fenotypowanie ww. cech nie jest jeszcze wystarczająco skuteczne, by powstały komercyjne zestawy pozwalające je oznaczyć¹⁴.

Opis przypadków

Przypadek 1

W listopadzie 2018 r. w niezamieszkanym budynku na terenie województwa mazowieckiego funkcjonariusze Policji ujawnili zwłoki objęte późnymi zmianami przeobrażeniowymi. Sądowo-lekarskie oględziny zwłok pozwoliły na ustalenie, iż należą one do mężczyzny w wielu ok. 65–70 lat. W toku prowadzonego postępowania stwierdzono, że w analizowanym okresie nie zgłoszono zaginięcia mężczyzny w podobnym wieku i o zbliżonej budowie ciała. Podjęte czynności prowadzone przez policjantów pionu kryminalnego

¹⁴ M. Kayser, W. Branicki, W. Parson, C. Phillips, *Recent advances in forensic DNA phenotyping of appearance, ancestry and age*, „Forensic Science International: Genetics” 2023, nr 65, s. 102870; M. Kukla-Bartoszek, E. Pośpiech, A. Woźniak, M. Boroń, J. Karłowska-Pik, P. Teisseyre, M. Zubańska, A. Bronikowska, T. Grzybowski, R. Płoski, M. Spólnicka, W. Branicki, *DNA-based predictive models for the presence of freckles*, „Forensic Science International: Genetics” 2019, nr 42, s. 252–259; A. Alshehhi, A. Almarzooqi, K. Alhammadi, N. Werghi, G.K. Tay, H. Alsafar, *Advancement in human face prediction using DNA*, „Genes” 2023, nr 14(1), s. 136.

pozwoliły na wytypowanie, że NN mężczyzną może być Rafał M. nieposiadający stałego miejsca zamieszkania.

Ze względu na stan zwłok nie można było przeprowadzić identyfikacji przez okazanie, jak również wywiadu daktyloskopijnego – niezbędne okazało się zatem wykonanie badań genetycznych. Badania te w pierwszej kolejności wymagały oznaczenia profilu DNA z fragmentu kości udowej NN mężczyzny. Kolejnym etapem było odnalezienie członków jego żyjącej rodziny w celu pobrania materiału biologicznego w postaci wymazów z jamy ustnej, oznaczenie profilu lub profili DNA oraz wykonanie analizy pokrewieństwa. Niestety poszukiwania żyjącej rodziny zakończyły się niepowodzeniem. Mężczyzna nie miał dzieci ani rodzeństwa, a jego rodzice po śmierci zostali skremowani. W tej sytuacji jedyną krewną, od której można było pobrać próbkę materiału porównawczego, była zmarła w 1984 r. jego domniemana babcia ze strony matki. Przeprowadzona w kwietniu 2021 r. ekshumacja umożliwiła pobranie zęba i trzech fragmentów kości długich. Badania genetyczne za pomocą zestawu STR wykazały, że NN mężczyzna z prawdopodobieństwem wynoszącym $P = 0,98$ jest wnukiem ekshumowanej kobiety. Uzyskany wynik analizy statystycznej nie był jednak wystarczający, aby jednoznacznie potwierdzić pokrewieństwo badanych osób. Niezbędne było wykonanie badań mitochondrialnego DNA umożliwiającego ustalenie pokrewieństwa w linii matczynej. W wyniku przeprowadzonych badań, uwzględniając wyniki uzyskane w toku sporządzania wcześniejszej opinii, ustalono, że z prawdopodobieństwem $P > 0,999$ NN mężczyzna jest spokrewniony z ekshumowaną kobietą, od której pobrano materiał biologiczny.

Przypadek 2

We wrześniu 2020 r. na terenie kompleksu leśnego ujawniono zwłoki NN mężczyzny. Zwłoki objęte były zaawansowanymi zmianami pośmiertnymi. Podjęte w sprawie czynności doprowadziły do przyjęcia hipotezy, że denat to poszukiwany od dwóch miesięcy pensjonariusz domu opieki, którego zaginięcie zgłosił ośrodek. Z uwagi na stan zachowania zwłok niemożliwe było przeprowadzenie okazania członkom rodziny, zatem niezbędne stało się wykonanie badań genetycznych. Ze zwłok pobrano fragment kości udowej, a od domniemanego brata i przyrodniej siostry denata – wymazy z jamy ustnej jako materiał porównawczy. Badania przeprowadzono za pomocą zestawu odczynników, które zawierają 23 STR autosomalne oraz 3 STR zlokalizowane na chromosomie Y. W wyniku badań ustalono, że z prawdopodobieństwem graniczącym z pewnością ($P > 0,999999$) NN

mężczyzna jest bratem i bratem przyrodnim osób, od których pobrano materiał porównawczy.

Podsumowanie

Obecnie trudno sobie wyobrazić czynności identyfikacji NN zwłok bez udziału analizy DNA, czego wymownym potwierdzeniem są statystyki wykonywanych ekspertyz z tego zakresu. Aktualnie używane zestawy odczynników wykorzystujących panele STR autosomalnych i chromosomów Y i X pozwalają w wielu przypadkach na identyfikację NN zwłok i szczątków ludzkich z prawdopodobieństwem graniczącym z pewnością. Pozytywny wynik identyfikacji genetycznej w dużej mierze zależy od jakości materiału biologicznego pobranego ze zwłok lub szczątków ludzkich. Na wynik analizy statystycznej pokrewieństwa znaczący wpływ ma stopień pokrewieństwa pomiędzy analizowanymi osobami. Nie bez znaczenia jest również zakres możliwych do wykonania w laboratorium sądowym badań adekwatnych do potrzeb zleceniodawcy.

Bibliografia

Literatura

- Alshehhi A., Almarzooqi A., Alhammadi K., Werghi N., Tay G.K., Alsafar H., *Advancement in human face prediction using DNA*, „Genes” 2023, nr 14(1).
- Dabas P., Jain S., Khajuria H., Nayak B.P., *Forensic DNA phenotyping: Inferring phenotypic traits from crime scene DNA*, „Journal of Forensic and Legal Medicine” 2022, nr 88.
- Daca P., Mielnik-Sikorska M., Bednarek J., Grzybowski T., *Ocena stopnia wysycenia bazy danych mitochondrialnego DNA dla populacji Polski*, „Archiwum Medycyny Sądowej i Kryminologii” 2010, t. LX.
- Drabek J., *Validation of software for calculating the likelihood ratio for parentage and kinship*, „Forensic Science International” Genetics” 2009, nr 3.
- Drabik J., *Markery miniSTR jako nowa technologia badania śladów biologicznych w kryminalistyce*, „Problemy Kryminalistyki” 2007, nr 258.
- Egeland T., Kling D., Mostad P., *Relationship Inference with Families and R Statistical Method in Forensic Genetics*, Elsevier, Amsterdam et al. 2016.
- Kapińska E., Szczerkowska Z., *Ustalenie tożsamości nieznaney osoby w oparciu o określenie profilu DNA z ekshumowanych szczątków ludzkich*, „Archiwum Medycyny Sądowej i Kryminologii” 2008, t. LVIII.

- Kayser M., Branicki W., Parson W., Phillips C., *Recent advances in forensic DNA phenotyping of appearance, ancestry and age*, „Forensic Science International: Genetics” 2023, nr 65.
- Kukla-Bartoszek M., Pośpiech E., Woźniak A., Boroń M., Karłowska-Pik J., Teisseyre P., Zubańska M., Bronikowska A., Grzybowski T., Płoski R., Spólnicka M., Branicki W., *DNA-based predictive models for the presence of freckles*, „Forensic Science International: Genetics” 2019, nr 42.
- Prinz M., Carracedo A., Mayr W.R., Morling N., Parsons T.J., Sajantila A., Scheithauer R., Schmitter H., Schneider P.M., *DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG): Recommendations regarding the role of forensic genetics for disaster victim identification (DVI)*, „Forensic Science International: Genetics” 2007, nr 1.
- Sołtyszewski I., Młodziejowski B., Płoski R., Pepiński W., Janica J., *Kryminalistyczne i sądowo-lekarskie metody identyfikacji zwłok i szczątków ludzkich*, „Problemy Kryminalistyki” 2003, nr 239.
- Schneider P.M., Prainsack B., Kayser M., *The use of forensic DNA phenotyping in predicting appearance and biogeographic ancestry*, „Deutsches Ärzteblatt International” 2019, nr 51–52.

Źródła prawa

Zarządzenie Komendanta Głównego Policji z dnia 28 czerwca 2018 r. w sprawie prowadzenia przez Policję poszukiwania osoby zaginionej oraz postępowania w przypadku ujawnienia osoby o nieustalonej tożsamości lub znalezienia nieznanymi zwłok oraz szczątków ludzkich, Dz.Urz.KGP.2018.77

Źródła internetowe

<https://familias.no/> (dostęp: 15.09.2024).

<https://familias.name/Files/manualFamilias.pdf> (dostęp: 15.09.2024).

<http://www.ptmsik.pl/komisja-genetyki-sadowej/zasady-atestacji-na-rok-2016> (dostęp: 15.09.2024).

Wkład poszczególnych autorów (w przypadku artykułu więcej niż jednego autora)

Krzysztof Żak, Katedra i Zakład Medycyny Sądowej Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego – autor korespondencyjny, autor rozdziałów: Analiza statystyczna wyników badań genetycznych, Analiza DNA w regionach kodujących, Opis przypadków, przygotowanie do publikacji.

Ireneusz Sołtyszewski, Katedra i Zakład Medycyny Sądowej Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego – autor założeń, autor rozdziałów: Procedura postępowania w przypadku ujawnienia NN zwłok, Analiza DNA w regionach niekodujących, podsumowanie.

Konflikt interesów

Brak konfliktu interesów

Źródło finansowania

Finansowanie własne zakładu