

Možnosti molekulárně genetického stanovení věku jednotlivce z biologických stop

Marie Korabečná

Ústav biologie a lékařské genetiky 1. lékařské fakulty UK a Všeobecné fakultní nemocnice, Praha

SOUHRN

Využití molekulárně genetických metod pro analýzu biologických stop je „zlatým standardem“ při individuální identifikaci jejich původců. Bez možnosti porovnat genetický profil stopy s profilem kontrolního vzorku jejího potenciálního původce však tato analýza neposkytuje vodítka pro další směr vyšetřování. Zajímavým údajem pro vyšetřovatele by mohl být například věk původce stopy. V přehledu jsou diskutovány současné metodické možnosti a jejich výstupy směřující k určení tohoto údaje.

Klíčová slova: odhad věku – molekulární genetika – zkracování telomer – qPCR – arrayové technologie – metylace promotoru

Possibilities of molecular genetic determination of age of an individual from biological traces

SUMMARY

Application of molecular genetic methods during the examination of biological traces is irreplaceable for individual identification of their originators. However, this analysis does not provide any clues for further investigation without the possibility to compare the genetic profile of the examined trace with the profile of its potential originator. The age of a searched person represents an important entry for investigators. In this review, the recent methodical molecular genetic approaches are discussed with regards to their practical outputs leading to the estimation of biological age of an individual. The length of telomeric sequences and their attritions correlating with increasing age seemed to be very promising marker if they have been examined using Southern blot analysis. This method is not suitable for forensic casework due to the need of high amounts of DNA input. Recent methods based on quantitative polymerase chain reaction (qPCR) are applicable on samples with minimal DNA concentrations but they provide inconclusive results with regard to the age estimation based on the length of telomeres. Therefore novel methodical approaches were developed. Application of methods based on the examination of deletions in mitochondrial DNA, on the presence of transcripts of gamma hemoglobins or on the quantification of byproducts of somatic rearrangements of genes for T-cell receptors is restricted to special types of biological traces. The age dependent methylation of specific nucleotides in selected gene sequences seems to be the only promising universal marker.

Keywords: age estimation – molecular genetics – telomere attrition – qPCR – array technology – promoter methylation

Soud Lek 2014; 59(4): 52–54

Aplikace molekulárně genetických metod při vyšetřování biologických stop je nezastupitelná s ohledem na individuální identifikaci jednotlivce, který tyto stopy zanechal. Bez možnosti porovnat genetický profil získaný ze stopy s profilem kontrolního vzorku jejího potenciálního původce však molekulárně genetická analýza neposkytuje žádná vodítka pro další směr vyšetřování. Prakticky zajímavým údajem pro vyšetřovatele je například věk původce stopy.

V následujícím přehledu budou rozebrány jednotlivé metodické přístupy a jejich potenciální praktické výstupy směřující k určení věku jednotlivce na základě molekulárně genetického vyšetření biologické stopy, kterou zanechal. Výzkum na tomto poli zatím nevyústil v žádnou obecně aplikovatelnou metodiku s jednoznačnou interpretací, přesto bylo dosaženo nadějných výsledků,

kteří se po rozpracování a validaci na vzorcích z terénu mohou stát zdrojem cenných údajů pro vyšetřování trestných činů.

PŘEHLED DOSAVADNÍCH METOD A JEJICH VÝSLEDKŮ

Určení délky telomér

Velké naděje byly vkládány do stanovení délky telomer jako nástroje pro odhad věku původce stopy. Telomery jsou sekvence DNA nacházející se na koncích chromozómů, které přítomnost těchto sekvencí chrání před zkracováním v důsledku způsobu fungování replikace DNA v každém buněčném dělení (1). Při narození mají telomery délku 15 až 20 tisíc párů bází, přičemž tato repetitivní sekvence vzniká opakováním základního sekvencního motivu TTAGGG. Během buněčného dělení v souvislosti s duplikací chromozómů však mechanismus replikace DNA není schopen prostřednictvím DNA polymerázy replikovat konce opožďujících se řetězců, čímž dochází v průběhu stárnutí ke zkracování výše popsaných vysoce repetitivních sekvencí telomer. Konce chromozómů jsou přítomností dostatečného počtu nekódujících repetitivních sekvencí jednotek takto chráněny před ztrátami kódujících sekvencí. Buňky jsou však

✉ Adresa pro korespondenci:

Doc. RNDr. Marie Korabečná, Ph.D.
Ústav biologie a lékařské genetiky
1. lékařské fakulty UK a VFN Praha
Albertov 4, 128 00 Praha 2
e-mail: marie.korabecna@lf1.cuni.cz
tel: +420 603 177 178