


# Identifikace osob pomocí DNA

Indetification of DNA

Tomáš Vaculka

---

Bakalářská práce  
2010

 Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně  
Fakulta aplikované informatiky

---

Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně  
Fakulta aplikované informatiky  
akademický rok: 2009/2010

## ZADÁNÍ BAKALÁŘSKÉ PRÁCE

(PROJEKTU, UMĚLECKÉHO DÍLA, UMĚLECKÉHO VÝKONU)

Jméno a příjmení: **Tomáš VACULKA**  
Osobní číslo: **A07223**  
Studijní program: **B 3902 Inženýrská informatika**  
Studijní obor: **Bezpečnostní technologie, systémy a management**

Téma práce: **Identifikace osob pomocí DNA**

Zásady pro vypracování:

1. Práci zpracujte jako učení pomůcku do předmětu Kriministické technologie a systémy.
2. Individuální identifikace pomocí molekulární biologie.
3. Metoda DNA a její význam pro kriministickou identifikaci.
4. Objasněte genetické profily a význam Národní databáze DNA.
5. Popište výlučnost této metody a rozsah možností při identifikaci osoby.
6. Práci doplňte grafickým a obrazovým materiálem.

Rozsah bakalářské práce:

Rozsah příloh:

Forma zpracování bakalářské práce: **tištěná/elektronická**

Seznam odborné literatury:

1. doc. MUDr. Průša Richard, CSc. Základy analytických metod v klinické molekulární biologii, 1997
2. doc. RNDr. Nečásek Jan, CSc., doc. RNDr. Cetl Ivo et al. Obecná genetika, 1984
3. Prof. RNDr. Rosypal Stanislav, DrSc. Úvod do molekulární biologie (I. – IV. díl), 1998–2002
4. Dr. Ing. Rumlová Michaela, Prof. RNDr. Pačes Václav, DrSc., Prof. Ing. Ruml Tomáš, CSc. Základní metody genového inženýrství, 2003
5. Philip E. Johnson , Spor o Darwina
6. Steve Jones, Jazyk genů
7. Martin Vokurka , Jan Hugo, Praktický slovník medicíny
8. Jan Jelínek, Biologie člověka – úvod do obecné genetiky
9. Hana Hančová, Marie Vlková, Biologie v kostce I pro střední školy

Vedoucí bakalářské práce:

**JUDr. Vladislav Štefka**

Ústav bezpečnostního inženýrství

Datum zadání bakalářské práce:

**19. února 2010**

Termín odevzdání bakalářské práce:

**19. května 2010**

Ve Zlíně dne 19. února 2010

  
prof. Ing. Vladimír Vašek, CSc.  
*děkan*



  
doc. Mgr. Milan Adámek, Ph.D.  
*ředitel ústavu*

## **ABSTRAKT**

Bakalářská práce na téma Identifikace osob pomocí DNA by měla sloužit jako studijní materiál pro studenty Univerzity Tomáše Baťi ve Zlíně, konkrétně pro předmět Kriminologické technologie a systémy. V první části se věnuji historii objevu DNA a zavedení DNA analýzy do kriminalistické praxe. V druhé části bakalářské práce se zabývám samotnou DNA – definice, struktura, funkce a replikace. Třetí část je věnována kompletní práci s DNA a výhody využití takové analýzy. Popisuji zde druhy DNA stop, metody k jejich získávání a skladování. Dále zde rozebírám metody analýz DNA používané v historii, současnosti a budoucnosti. V závěru bakalářské práce popisuji co je to genetický profil, Národní databáze DNA a systém CODIS.

Klíčová slova: identifikace, DNA, analýza, struktura, replikace, stopa, genetický profil, Národní databáze DNA, CODIS

## **ABSTRACT**

Bachelor thesis Identification of DNA should server as a resource for students of UTB in Zlín, specifically the subject of forensic technologies and systems. The first part is devoted to the history of the discovery of DNA and the introduction of DNA analysis in forensic practice. In the second part of the thesis deals with the very DNA - definition, structure, function and replication. The third part is devoted to complete the work with DNA and the advantages of such an analysis. Describe a species of DNA traces, methods of acquisition and storage. In addition, there are analyzed the methods of DNA analysis used in the history, present and future. The end of the dissertation describes what it's genetic profile, the National DNA database and CODIS system.

Keywords: identification, DNA, analyse, structure, replication, evidence, genetic profile, Nation DNA database, CODIS

Rád bych poděkoval mému vedoucímu bakalářské práce panu JUDr. Vladislavu Štefkovi za pomoc a podporu při zpracování této bakalářské práce.

**Prohlašuji, že**

- beru na vědomí, že odevzdáním bakalářské práce souhlasím se zveřejněním své práce podle zákona č. 111/1998 Sb. o vysokých školách a o změně a doplnění dalších zákonů (zákon o vysokých školách), ve znění pozdějších právních předpisů, bez ohledu na výsledek obhajoby;
- beru na vědomí, že bakalářská práce bude uložena v elektronické podobě v univerzitním informačním systému dostupná k prezenčnímu nahlédnutí, že jeden výtisk bakalářské práce bude uložen v příruční knihovně Fakulty aplikované informatiky Univerzity Tomáše Bati ve Zlíně a jeden výtisk bude uložen u vedoucího práce;
- byl/a jsem seznámen/a s tím, že na moji bakalářskou práci se plně vztahuje zákon č. 121/2000 Sb. o právu autorském, o právech souvisejících s právem autorským a o změně některých zákonů (autorský zákon) ve znění pozdějších právních předpisů, zejm. § 35 odst. 3;
- beru na vědomí, že podle § 60 odst. 1 autorského zákona má UTB ve Zlíně právo na uzavření licenční smlouvy o užití školního díla v rozsahu § 12 odst. 4 autorského zákona;
- beru na vědomí, že podle § 60 odst. 2 a 3 autorského zákona mohu užít své dílo – bakalářskou práci nebo poskytnout licenci k jejímu využití jen s předchozím písemným souhlasem Univerzity Tomáše Bati ve Zlíně, která je oprávněna v takovém případě ode mne požadovat přiměřený příspěvek na úhradu nákladů, které byly Univerzitou Tomáše Bati ve Zlíně na vytvoření díla vynaloženy (až do jejich skutečné výše);
- beru na vědomí, že pokud bylo k vypracování bakalářské práce využito softwaru poskytnutého Univerzitou Tomáše Bati ve Zlíně nebo jinými subjekty pouze ke studijním a výzkumným účelům (tedy pouze k nekomerčnímu využití), nelze výsledky bakalářské práce využít ke komerčním účelům;
- beru na vědomí, že pokud je výstupem bakalářské práce jakýkoliv softwarový produkt, považují se za součást práce rovněž i zdrojové kódy, popř. soubory, ze kterých se projekt skládá. Neodevzdání této součásti může být důvodem k neobhájení práce.

**Prohlašuji,**

- že jsem na bakalářské práci pracoval samostatně a použitou literaturu jsem citoval. V případě publikace výsledků budu uveden jako spoluautor.
- že odevzdaná verze bakalářské práce a verze elektronická nahraná do IS/STAG jsou totožné.

Ve Zlíně

.....

podpis diplomanta

**OBSAH**

<b>ÚVOD</b> .....	<b>8</b>
<b>1 HISTORIE</b> .....	<b>9</b>
1.1 OBJEV DNA .....	9
1.2 DNA V KRIMINALISTICE .....	11
<b>2 DNA</b> .....	<b>14</b>
2.1 DEFINICE .....	14
2.2 STRUKTURA.....	14
2.3 FUNKCE DNA .....	18
2.4 REPLIKACE DNA.....	18
<b>3 POSTUP PRÁCE S DNA</b> .....	<b>21</b>
3.1 ZÍSKÁNÍ DNA STOP .....	21
3.1.1 Druhy DNA stop .....	21
3.1.2 Místo činu.....	22
3.1.3 Přeprava a uskladnění.....	24
3.1.4 Možnosti kriminalisticko technického zkoumání biologických stop .....	25
3.2 METODY IDENTIFIKACE .....	26
3.2.1 Historie .....	26
3.2.1.1 Krevní skupiny.....	26
3.2.1.2 RFLP .....	27
3.2.2 Současnost.....	29
3.2.2.1 PCR.....	29
3.2.2.2 Krevní skupiny.....	31
3.2.2.3 STRP a VNTR .....	33
3.2.3 Budoucnost.....	34
3.3 VÝHODY VYUŽITÍ DNA ANALÝZY .....	35
<b>4 GENETICKÉ PROFILY</b> .....	<b>37</b>
<b>5 NÁRODNÍ DATABÁZE</b> .....	<b>39</b>
5.1 SYSTÉM CODIS - COMBINED DNA INDEX SYSTEM .....	39
5.2 NDNAD – NATIONAL DNA DATABASE (VELKÁ BRITÁNIE).....	41
5.3 NÁRODNÍ DATABÁZE ČR.....	41
<b>ZÁVĚR</b> .....	<b>43</b>
<b>ZÁVĚR V ANGLIČTINĚ</b> .....	<b>44</b>
<b>SEZNAM POUŽITÉ LITERATURY</b> .....	<b>45</b>
<b>SEZNAM POUŽITÝCH VÝRAZŮ A ZKRATEK</b> .....	<b>49</b>
<b>SEZNAM OBRÁZKŮ</b> .....	<b>52</b>

## ÚVOD

Díky kriminalistické biologii můžeme vyhledávat, zjišťovat, zkoumat a vyhodnocovat biologické stopy lidského, živočišného nebo rostlinného původu. Nejčastěji se zkoumají biologické stopy lidského původu, ostatní stopy nejsou příliš časté a zkoumají se jen ve výjimečných případech.

Kriminalistická biologie využívá toho, že ve všech živých buňkách se nachází DNA a je u každého jedince odlišná. Tato odlišnost je dána vnitřním uspořádáním bází v molekule. Toto uspořádání je nejen zjistitelné, ale i vyjádřitelné relativně přehledným způsobem. Z toho vyplývá, že lze přesně charakterizovat strukturu DNA a srovnat ji se strukturou jakékoliv jiné DNA.

Šance, že budou mít dva různí jedinci stejnou strukturu DNA je téměř nulová. Konkrétně se uvádí, že výskyt dvou osob se stejným profilem DNA nelze předpokládat ještě ve skupině osob o počtu  $1,83 \times 10^{17}$ . Je patrné, že v našich pozemských podmínkách a dosavadním populačním růstu se tak početná skupina ještě poměrně dlouho nevyskytne. Výjimku tvoří jen jednovaječná dvojčata, která mají téměř identickou strukturu DNA. Podle nových poznatků se liší pouze v počtu kopií některých úseků DNA.

Analýza DNA umožňuje s určitou přesností prokázat nebo vyloučit, zda určitý biologický materiál pochází od zkoumané osoby. V kriminalistice se používá při pátrání po ztracených osobách, při identifikaci stop vrahů, zlodějů, při identifikaci obětí přírodních katastrof a dopravních nehod, při identifikaci obětí hromadných hrobů. Dále se analýza DNA využívá při určování paternity.

Velkou výhodou je, že analýzu DNA lze provést z každého typu lidské tkáně. Dokonce i ze zdrojů, které jsou na DNA poměrně chudé – z kostí, vlasů, šupinek kůže nehtů apod. Zdroj DNA je specifický a nepodléhá žádným velkým změnám. To znamená, že z hlediska individuální identifikace lidského jedince jde o mnohem dokonalejší metodu, než metody, které pro tento účel dosud využívají znaky člověka dědičně podmíněné.



# 1 HISTORIE

## 1.1 Objev DNA

V historii se už několikrát stalo, že metoda se zrodila jako vedlejší produkt výzkumu zaměřeného na celkem jinou problematiku. V tomhle případě na studium struktury lidského genetického materiálu a **kyseliny deoxyribonukleové (DNA)**, s využitím pro diagnostiku genetických onemocnění.

První písemná zpráva o výsledcích genetických pokusů se objevila již v roce 1866. Napsal ji brněnský kněz a středoškolský profesor **Johann Gregor Mendel** (Obr. 1.). Ten mnoho let experimentoval s křížením různobarevných odrůd hrachu. Tehdy rozpoznal zákonitosti a pravděpodobnost četnosti genotypů a fenotypů u hybridních organizmů. Přišel na to, že barvu květů, případně další dědičné znaky rostlin nepředávají mateřské rostliny přímo, ale prostřednictvím "elementů", které teprve tyto znaky určují. O mnoho let později bylo prokázáno, že to jsou geny či přesněji jejich konkrétní formy, které se označují jako anely. Mendel formuloval své poznatky do dvou tezí, které jsou na jeho počest nazývány "Mendelovy zákony":

- zákon o uniformitě hybridů první filiální generace (F1) a o identitě reciprokých křížení;
- zákon o čistotě vloh a o štěpení znaků (segregaci) v potomstvu hybridu v druhé finální generaci (F2).



Obr. 1. Johann Gregor Mendel [15]

Roku 1866 vydal o svých pozorováních práci nazvanou *Versuche über Pflanzenhybriden* (Pokusy s rostlinnými kříženci). Jeho práce však předstihla svou dobu a upadla do zapomnění. Veřejné proslulosti se dočkala až mnohem později. Teprve v roce 1900 ji nezávisle na sobě objevili tři vědci, rakouský profesor Erich von Tschermak (1871 – 1962), holandský profesor Hugo de Vries (1848 - 1935) a německý profesor Karl Erich Correns (1863 - 1933). Ti pak potvrdili její platnost. Mezi další významné vědce patří anglický profesor William Bateson (1861 - 1926), který jako první použil termín genetika (1906), heterozygot a homozygot. Dán Wilhelm Johannsen (1857 - 1927) zase jako první zavádí pojmy gen, genotyp a fenotyp.

V roce 1869 švýcarský lékař Johannes Friedrich Miescher (1844 - 1895) objevil molekulu DNA. Podařilo se mu ji vyizolovat z bílých krvinek, obsažených v hnisu. Nedařilo se však vytvořit dostatečně čistý vzorek na to, aby DNA mohla být dále zkoumána.

Ve dvacátých letech pak Frederick Griffith dokázal, že je možné pneumokoky jednoho typu přeměnit v typ jiný, pokud jsou vystaveny působení zahřátého buněčného extraktu tohoto jiného typu a že tato změna je trvalá a dědičná. Na tomto pokusu postavili další experimentální práci tři vědci z Rockefellerova ústavu - Avery, McLeod a McCarthy, kteří dokázali, že za touto změnou stojí molekula DNA a nikoliv bílkoviny, jak se obecně soudilo. Tímto byla role DNA v mechanismu dědičnosti prokázána .

Další poznatky ohledně komplementarity bází přinesl Erwin Chargaff. Na jejich práci navazují **James D. Watson** (Obr. 2.) a **Francis H. Crick** (Obr. 3.), kteří onoho

památného roku 1953 předložili strukturní model dvoušroubovice DNA. Významným dílem k tomuto objevu přispěly i RTG studie DNA Maurice H. F. Wilkinse a Rosalindy Franklinové. Roku 1962 se Watson, Crick a Wilkins dočkali Nobelovy ceny.<sup>1</sup>



Obr. 2. James Watson [8]



Obr. 3. Francis Crick [8]

## 1.2 DNA v kriminalistice

Britský genetik **Alec Jeffreys** z Leicesterské univerzity v roce 1984 vypracoval metodu vizuální identifikace těch označených fragmentů, které obsahují hledané sekvence kyseliny deoxyribonukleové a to pomocí tzv. molekulární hybridizace s vhodně značenou DNA sondou. Tuhle sondu tvořil úsek DNA se sekvencí nukleotidů volenou tak, aby se navázala jen na hledaný fragment DNA a tím ho zviditelnila. Sondy se dosud nejčastěji označují zabudováním radioaktivního prvku, takže jejich polohu je možné potom detekovat přiložením filmového materiálu, na kterém záření radioizotopu utvoří stopu.

Jeffreysova metoda genetické identifikace se označuje hovorovým termínem "genetické otisky" ("DNA Fingerprinting"). Tahle metoda byla vyvinuta s původní představou, že pomocí ní by bylo možno zjistit příznaky dědičných chorob, které by pak šly s předstihem léčit.

---

<sup>1</sup> JEDLIČKA, Miroslav – *Genetika ve službách kriminalistiky* [online]

V roce 1986 byla poprvé Jeffersova metoda "DNA Fingerprintingu" využita také pro účely kriminalistiky. Jednalo se o případ vraždy patnáctileté Lindy Mannové, ke které došlo v listopadu 1983 mezi vesnicemi Narborough a Enderby. Soudní pitva prokázala, že poškozená zemřela následkem cizího zavinění. Krátce před svou smrtí byla znásilněna. Z oběti byl zajištěn vzorek sperma, který byl následovně zamražen. Případ však zůstal nejasněn.

O tři roky později byla v blízkosti místa vraždy Lindy Mannové nalezena další zavražděná patnáctiletá dívka, Dawn Ashorthová. I ona byla před smrtí znásilněna. Krátce nato se k činu doznal sedmnáctiletý vrátný z ústavu pro duševně choré. Vzhledem ke shodným znakům ve způsobu provedení obou případů vražd, shodnému motivu, včetně shodných míst jejich spáchání vzniklo podezření, že by mohl být i pachatelem vraždy Lindy Mannové. Genetik Alec Jeffers provedl komparaci kyseliny deoxyribonukleové (DNA) zajištěné z krve podezřelého s kyselinou deoxyribonukleovou (DNA) vyseparované ze spermatu, získaného z poševního výtěru u obou poškozených metodou "fingerprintingu". Po vyhodnocení došel k nečekanému závěru - sperma v obou případech pocházelo od jednoho pachatele, ale neshodovalo se s DNA podezřelého a ten musel být propuštěn.<sup>2</sup>

Proto bylo v lednu 1987 padlo na tehdejší dobu radikální rozhodnutí, odebrat vzorky krve pro analýzu DNA dalším 4.500 osobám mužského pohlaví z okolních vesnic. Toto opatření však nebylo úspěšné. Teprve v srpnu 1987 získala tamější policie poznatek, že jistý Colin Pitchfork přemluvil podezřelého k tomu, aby si nechal odebrat krev na jeho jméno. Po vyšetření krve Colina Pitchforka byla zjištěna shoda mezi jeho "otiskem" DNA a "otiskem" DNA získaného ze spermatu, které bylo zajištěno u poškozených. Na základě těchto důkazů se Colin Pitchfork k oběma vraždám doznal a později byl odsouzen ke dvěma doživotním trestům.<sup>3</sup>

Tenhle případ metodu analýzy lidské DNA natolik proslavil, že se rychle rozšířila do USA a do dalších zemí. Na území České republiky byla poprvé uplatněna a později

---

<sup>2</sup> CSSFG – Historie forenzní genetiky

<sup>3</sup> JEDLIČKA, Miroslav – Genetika ve službách kriminalistiky [online]

soudem akceptována v až roce 1992. Kriminalisté díky ní vyřešili vraždu z roku 1990, kdy byla zavražděna devatenáctiletá studentka pedagogické fakulty MU v Brně, Jana Krkošková.

## 2 DNA

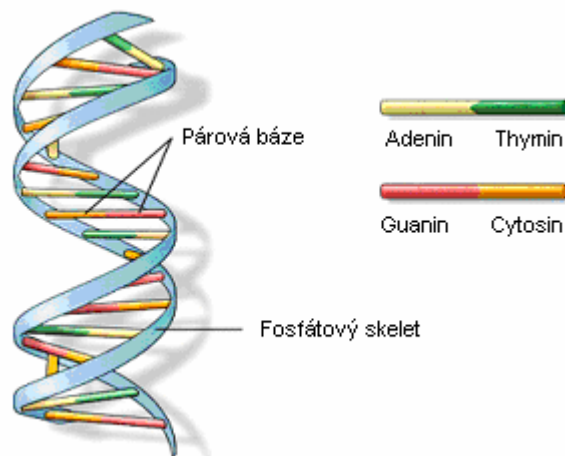
### 2.1 Definice

**DNA** = kyselina deoxiribonuleová

DNA je chemická sloučenina tvořená dvěma spojenými polynukleotidovými řetězci svinutými do tvaru dvoušroubovice a patří mezi tzv. nukleoidové kyseliny. U eukaryotických organismů (rostliny a živočichové) je DNA uložena vždy uvnitř buněčného jádra zatímco u prokaryot (např. bakterie) se DNA nachází volně v cytoplazmě. DNA se označuje jako nositelka genetických informací u všech buněčných organismů s výjimkou těch nebuněčných, u kterých tuhle funkci plní RNA (kyselina ribonukleová). Mezi nebuněčné organismy patří např. RNA viry, virusoidy a viroidy.

### 2.2 Struktura

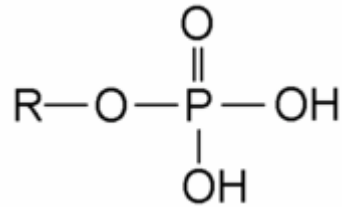
DNA je biologická makromolekula – polymer, dvoušroubovice tvořená dvěma řetězci nukleoidů v obou vláknech.



Obr. 4. Struktura DNA [16]

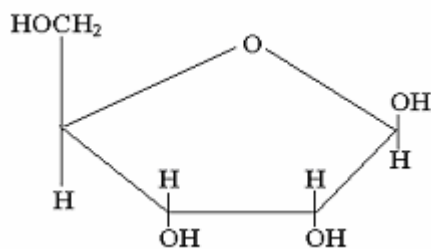
**Jednotlivé nukleoidy se skládají ze tří hlavních složek:**

- **Fosfát** = pentóza cukru

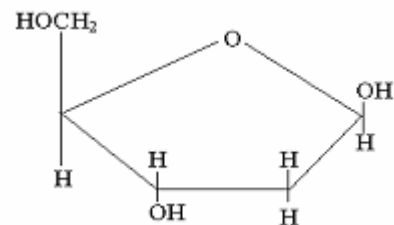


Obr. 5. Fosfát [17]

- **Deoxyribózy**

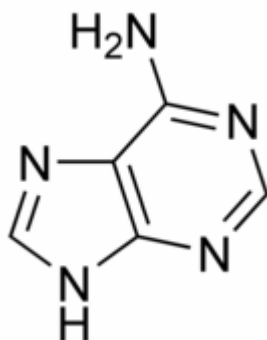


Obr. 6. D-ribose [18]

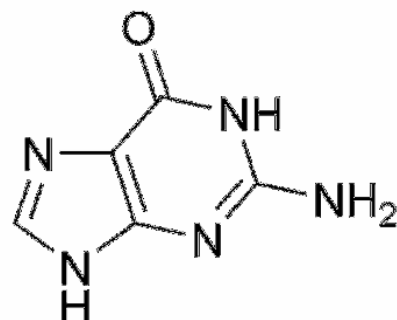


Obr. 7. 2-deoxy-D-ribose [18]

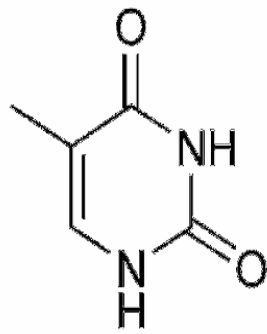
- **Nukleové báze** - adenin (A), thymin (T), guanin (G), cytosin (C)



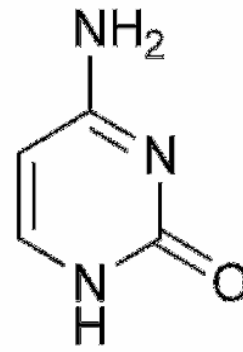
Obr. 8. Adenin [19]



Obr. 9. Thymin [19]



Obr. 10. Guanin [19]

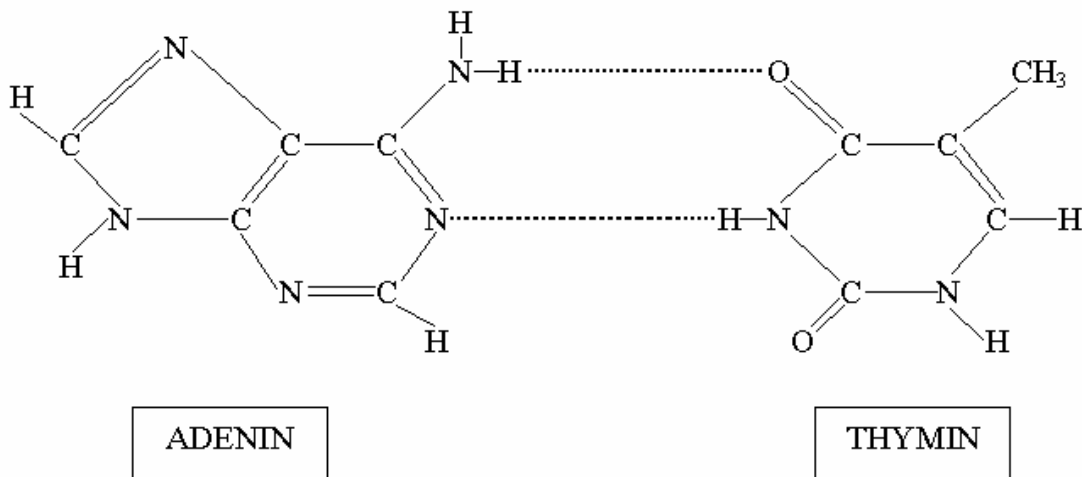


Obr. 11. Cytosin [19]

„**Nukleotidy** jsou spojeny do řady za sebou pomocí fosfátových zbytků, které spojují uhlík 3' jedné deoxyribózy s uhlíkem 5' druhé deoxyribózy. Směr vláken se označuje právě podle orientace deoxyribózy, tedy: směr 3'→5' a opačný směr 5'→3'.“<sup>4</sup>

Na uhlík 1' deoxyribózy se váží dusíkaté báze (*adenin, thymin, guanin, cytosin*). Ty se spojují navzájem s odpovídající bázi z protějšího řetězce:

- **Purinové báze** – adenin (A) + thymin (T) – spojeny dvěma vodíkovými vazbami

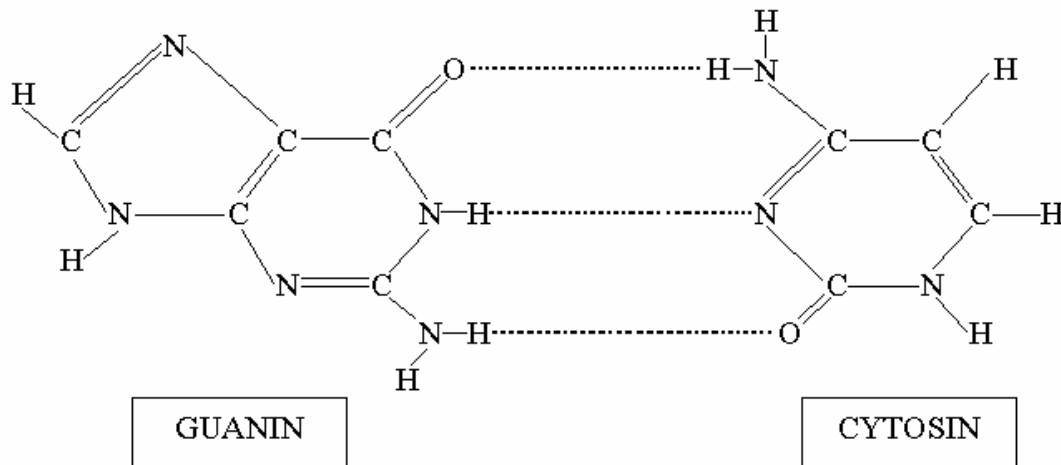


Obr. 12. Purinová báze [18]

<sup>4</sup> HAMRLOVÁ, Andrea. *Identifikace osob pomocí DNA* [online], strana 10



- **Pyrimidinové báze** – guanin (G) + cytosin (C) – spojeny třemi vodíkovými vazbami



Obr. 13. Pyrimidinová báze [18]

### Úrovně struktury DNA

- **Primární** – Tahle struktura je dána pořadím nukleoidů a sama přímo určuje genetickou informaci.
- **Sekundární** – Jedná se o formu stočení dvoušroubovice, která není za všech podmínek stejná.
  - forma **A** – Pravotočivá; krátká a široká; počet párů bází na závit - 11; průměr vlákna je 2,3 nm; zvýšení na pár bází – 0,23 nm
  - forma **B** – Pravotočivá; dlouhá a tenká; počet párů bází na závit – 10,5; průměr vlákna je 1,9 nm; zvýšení na pár bází – 0,34 nm
  - forma **Z** – Levotočivá; podlouhlá a tenká; počet párů bází na závit - 11; průměr vlákna je 1,8 nm; zvýšení na pár bází – 0,38 nm
- **Vyšší úrovně struktury** – Celá molekula DNA se několikanásobně navíjí a skládá do tzv. nadšroubovicového vinutí.
  - Pozitivní – struktura se utěsňuje
  - Negativní- struktura se uvolňuje (může vést až k přerušování párování bází)

## 2.3 Funkce DNA

DNA má za úkol uchovávat celou genetickou výbavu jedince, ale jen určitá část téhle informace je v konkrétní buňce realizována. DNA slouží jako návod pro každou buňku, aby mohla realizovat svůj určitý program.

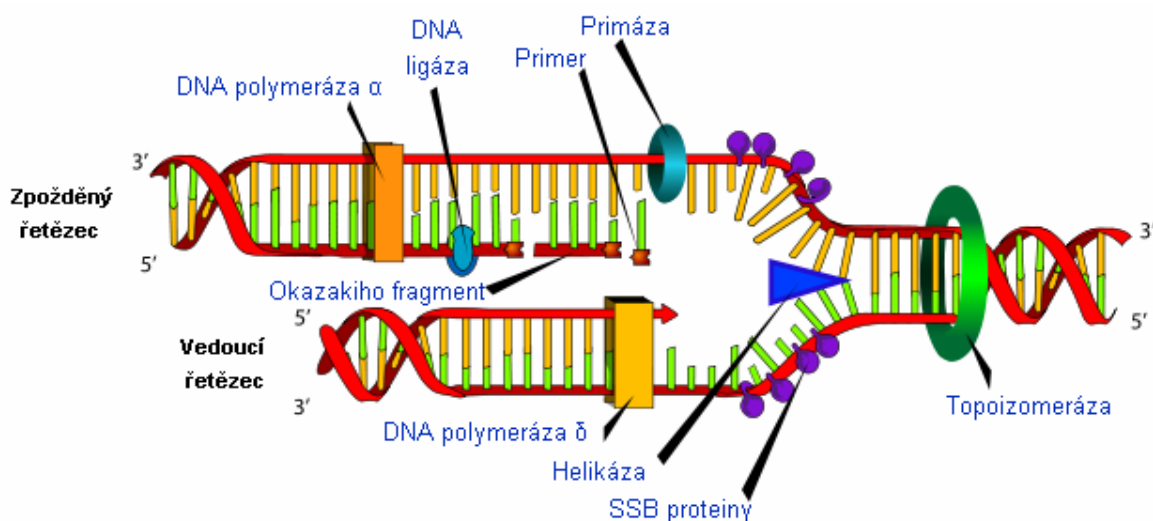
Většina genů potřebných pro život se v eukaryotických buňkách nachází v jádře na chromozómech, částečně pak v mitochondriích a u rostlin v chloroplastech. U prokaryotických organismů se genetická informace nachází v tzv. prokaryotním chromozómu a v plazmidech.

Přepis sekvence z DNA do RNA se nazývá transkripce. Část molekul RNA pak po přesunu z jádra do cytoplasmy slouží jako šablona pro translaci, která probíhá v ribozómech. Tímto způsobem na základě genetického kódu vznikají nové bílkoviny.

## 2.4 Replikace DNA

*“Jak již bylo řečeno, právě replikace DNA je schopnost zajišťující dědičnost. Pro rozmnožování je nezbytné, aby potomek dostal plnohodnotnou genetickou informaci. Při replikaci vzniknou z jedné materské molekuly DNA dvě naprosto stejné DNA dceřiné (každá s jedním vláknem z původní DNA). Klíčovou roli při replikaci DNA mají enzymy (DNA polymerázy). U člověka se vyskytuje 5 druhů enzymu označované jako DNA dependentní DNA polymerázy. Při své práci vždy postupují od konce 5' ke konci 3'. Aby DNA polymeráza mohla zahájit připojování nukleotidu nového vlákna DNA, musí být vodíkové můstky = vazby mezi oběma vlákny nejprve narušeny (využití DNA dependentní RNA polymerázy). Místa kde tato narušení vzniknou jsou označovány jako replikační počátky. U bakterií bychom takovýto počátek našli pouze jeden, zatímco mnohem větší lidská DNA vytváří takovýchto počátků okolo 10 000. To jí umožňuje replikovat se také v poměrně krátké době. Poté co jsou k předlohovým (templátovým) vláknům dosyntetizována vlákna nová, je replikace DNA dokončena. DNA polymeráza udělá 1 chybu asi na 10<sup>7</sup> replikovaných bází (teoreticky mohou vznikat i dvojice G-T a A-C, jsou ovšem mnohem*

méně stabilní), navíc má sama korekční funkci. Replikace DNA je semikonzervativní děj, neboť v obou nově vzniklých DNA je jedno vlákno z původní dvoušroubovice.“<sup>5</sup>



Obr. 14. Replikace DNA [31]

„V eukaryotních buňkách rozlišujeme několik typů DNA polymeráz - ( $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $\delta$ ). Vzhledem k tomu, že polymerázová aktivita je pouze ve směru od 5' konce ke 3' konci - může tímto směrem probíhat replikace pouze na jednom vlákně. Na tomto vlákně probíhá replikace kontinuálně a označujeme je jako **vedoucí řetězec**. Na druhém řetězci je situace složitější. Replikace zde probíhá proti směru rozplétání dvoušroubovice a to **diskontinuálně** po menších úsecích. Tyto části se nazývají **Okazakiho fragmenty** a celý řetěz nazýváme **opožďující se řetězec**. Takto vzniklé fragmenty napojí k sobě do jednolitého vlákna enzym **DNA ligáza**. Posledním enzymem, který je nezbytný pro replikaci je **DNA primáza**. DNA polymeráza totiž neumí zahájit polymeraci od jediného nukleotidu - proto zde nastupuje právě DNA primáza (což je vlastně DNA dependentní RNA

<sup>5</sup> ŠÍPEK, Antonín. *Genetika* [online], strana 14

*polymeráza), která nesyntetizuje krátký úsek RNA - tzv. primer - od kterého už může DNA polymeráza zahájit polymeraci. Takovýto primer vznikne nejen na vedoucím řetězci, ale musí vzniknout i před každým Okazakiho fragmentem na opožďujícím se řetězci. Primery jsou posléze vyštěpeny - chybějící úseky dosyntetizovány a vlákno je spojeno DNA ligázou.“<sup>6</sup>*

---

<sup>6</sup> ŠÍPEK, Antonín. *Genetika* [online], strana 15

## 3 POSTUP PRÁCE S DNA

### 3.1 Získání DNA stop

#### 3.1.1 Druhy DNA stop

Biologický materiál lze rozdělit podle původu do několika základních skupin:

- Biologický materiál pocházející z lidského organismu
- Biologický materiál pocházející ze zvířete
- Biologický materiál rostlinného původu

Pro kriminalistickou biologii je stěžejní první skupina biologického materiálu a to ta, která pochází z lidského organismu. Tuhle skupinu můžeme dále ještě rozdělit podle odloučení od organismu:<sup>7</sup>

- **Materiál samovolně odloučený od organismu** (bez účasti násilí) – moč, stolice, pot slzy, sliny, ejakulát, vypadlé vlasy a chlupy, nosní sekret poševní sekret, zvratky, menstruační krev, mateřské mléko, placenta, plodová voda
- **Materiál odloučený od organismu působení zevního násilí** (od minimálního mechanického násilí až po devastující) – krev, části tkání a orgánů, vytržený či oddělené vlasy, chlupy, nehty, části pokožky
- **Biologický materiál zaniklého organismu** (po smrti osoby) – celá těla zemřelých, části mrtvol, kosterní nálezy, jednotlivé kosti

S biologickým materiálem pocházející od zvířete se většinou kriminalisté setkávají v rámci vyšetřování mikrostop zajištěných na místě činu. Po zjištění, že se nejedná o stopy pocházející z lidského organismu, bývá zpravidla zkoumání ukončeno. Jen z výjimečných případech bývá biologická stopa zvířecího původu považována za důkazní materiál (krádeže zvířat, týrání zvířat apod.).

---

<sup>7</sup> Porada a kol. *Kriminalistika*, strana 183

Biologický materiál rostlinného původu se zkoumá jen vzácně, zpravidla jen z důvodu rozlišení, jestli se nejedná o materiál lidského původu.

### 3.1.2 Místo činu

Při odebrání biologického materiálu z místa činu je nutné dodržovat jistá základní pravidla. Zabrání se tím tak znehodnocení zkoumaného materiálu. Kontaminovaný materiál by mohl být pak vyloučen jako důkazní materiál, což je při řešení trestného činu nepřijatelné.

#### **Základní pravidla pro zajišťování biologických stop:<sup>8</sup>**

- **vyvarovat se dotyku biologické stopy holou rukou** – Při kontaktu pokožky s biologickou stopou se přenáší skupinové substance z potu na pokožce na biologickou stopu. To pak může vést k myslnému závěru při zkoumání této stopy nebo k přenosu choroboplodných zárodků na člověka způsobit tak infekci.
- **pokud je to možné, vždy zajistit celý předmět s biologickou stopou** – Zajištění celého předmětu s biologickou stopou je podstatně výhodnější, protože popis a zajištění stopy provádí přímo znalec, a tím se výrazně sníží možnost znehodnocení stopy.
- **pokud není možné zajistit celý předmět, snímat biologickou stopu naprosto čistými nástroji do naprosto čistých nádob či obalů** – Dokonalá čistota nástrojů ke snímání biologické stopy i obalů k jejímu transportu je nutná proto, aby nedošlo ke kontaminaci biologické stopy a tím k mylnému závěru při následném zkoumání.
- **po zajištění biologických stop předměty s biologickými stopami a nosiče biologických stop okamžitě pomalu vysušit; ke zkoumání se odesílají v suchém stavu** – Vysušení biologických stop a jejich nosičů je nezbytnou podmínkou pro jejich uchování. Pokud biologické stopy zůstanou mokré či vlhké, dochází k jejich napadení plísněmi a jinými mikroorganismy, které stopu znehodnocují.

---

<sup>8</sup> Porada a kol. *Kriminalistika*, strana 184

- **zajisti vždy všechny vyhledané biologické stopy** – Tato podmínka je někdy velmi obtížně splnitelná, neboť na místě se nachází velké množství biologických stop. Stopy je nutné pokud možno zajistit všechny, avšak není nutné je všechny posílat ke zkoumání. Nejlepší je tyhle stopy vhodně uložit a zkoumat až podle potřeby.
- **zajisti srovnávací biologický materiál** – Srovnávací materiál se volí podle okolnosti, zejména podle druhu zajištěných stop. Bývá to většinou vzorek tekuté krve, slin a vlasů zúčastněných osob (poškozený, podezřelí či obviněný, další zúčastněné osoby). Srovnávací materiál umožní znalci roztřídit biologické stopy podle vztahu jejich zastavitele k trestnímu činu a případně upozorní na nutnost provést další doplňující vyšetření.



*Obr. 15. Pracovní oblečení [20]*



*Obr. 16. Zajištění vzorku krve [21]*

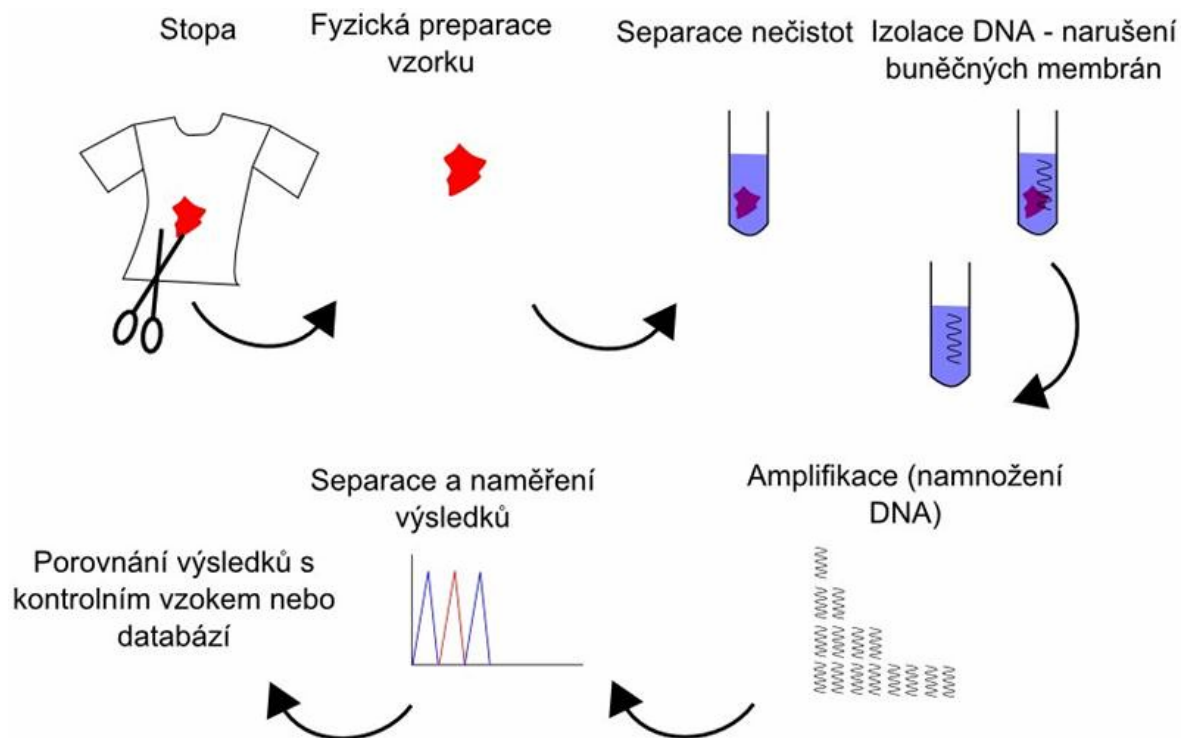


*Obr. 17. Kriminalistický kufřík na odběr biologického materiálu [22]*

### 3.1.3 Přeprava a uskladnění

Při přepravě biologického materiálu je nutné zajistit, aby nebyl přímo vystaven slunečnímu záření a byl uchováván v chladu. Pro tyto účely kriminalisté používají speciální mobilní chladicí box, který je vybaven plynulou regulací teploty otočným termostatem.

Před uskladněním biologického materiálu by mělo dojít k jeho vysušení. Pokud by se biologický materiál uložil mokrý či vlhký, nastal by k růst plísní a to by následně znehodnotilo vzorek. Po vysušení biologického materiálu se uskladní do chlazeného prostoru. Teplota se volí podle toho, kdy se bude s dotyčným vzorkem provádět další rozbor. Pokud tato doba uskladnění bude do 4 hodin, tak se udržuje teplota 15 – 25 °C. Při uskladnění na dobu neurčitou se biologický materiál zamrazí na teplotu -70 °C.



Obr. 18. Postup práce s DNA v laboratoři [23]



### 3.1.4 Možnosti kriminalisticko technického zkoumání biologických stop

Každé zkoumání biologických stop je principiálně rozděleno do čtyř základních etap:<sup>9</sup>

- **První etapa** – Má za úkol odpovědět na otázku zda nalezený a následně posuzovaný objekt, může mít charakter biologické stopy. Pro tenhle účel s používají orientační zkoušky, které nemají průkazný charakter, ale dovolují významnou orientaci v posuzování materiálu. Orientační zkoušky se v současnosti využívají nejen pro možný nález krevních stop, ale i ejakulátu, slin, potu a dalších biologických materiálů. Typickými zkouškami toho typu jsou metody založené na využití vlastností ultrafialového záření, využití luminiscence vzniklé po výstřiku objektu roztokem luminolu, případně použití o-tolidinu v různých modifikacích pro orientační průkaz krve. Dále se využívají tzv. indikátorové proužky, vyráběné pro zdravotnické účely.
- **Druhá etapa** – Základem téhle etapy jsou specifické zkoušky, které jednoznačně určí, jestli se jedná o biologický materiál (krev, sliny, pot, ejakulát apod.). Tyto zkoušky se provádějí v laboratořích a výsledky musí být vždy jednoznačné. Typickým představitelem těchto zkoušek jsou zkoušky mikrokystalografické a zkoušky spektroskopické, které umožňují posouzení absorpčních spekter specializovanými metodami s cílem jednoznačné identifikace biologického materiálu.
- **Třetí etapa** – V téhle etapě se rozlišuje zda se jedná o biologický materiál lidského nebo zvířecího původu. Metoda rozpoznání se zakládá na imunologických reakcích, která probíhají v organismech laboratorních zvířat ovlivněných cizí bílkovinou (např. lidskou, králičí, psí, kočičí).
- **Čtvrtá etapa** – Cílem tohoto zkoumání je určit druh, původ a další specifika biologického materiálu lidského původu (např. množství krve, stáří krve, původ krve, původ útržků tkání, charakter atypických biologických materiálů atd.). Tyhle

---

<sup>9</sup> MUSIL, Jan, KONRÁD, Zdeněk, SUCHÁNEK, Jaroslav. *Kriminalistika*. Strana 174,175.

údaje pomůžou kriminalistům se co nejvíce přiblížit k osobě, která vytvořila dané biologické stopy.

## 3.2 Metody identifikace

### 3.2.1 Historie

#### 3.2.1.1 Krevní skupiny

Krevní systém ABO byl poprvé objeven v roce 1900 Landsteinerem, kdy pozoroval aglutinaci erytrocytů, jež vyvolalo sérum pocházející od odlišného jedince. Landsteiner svůj objev uveřejnil v roce 1901 a popsal tak 3 možné krevní skupiny u člověka (A, B, AB). V roce 1902 jeho žáci Dacastello a Sturli, popsali i skupinu v pořadí čtvrtou – 0.

Bylo zjištěno, že antigeny A a B jsou odvozeny od H substance, vyplývající z připojení L-fukosy na uhlovodíkový řetězec akcí dvou glykosyltransferáz. Jedinci s krevním typem A vyjadřují aktivitu transferázy A, zatímco jedinci s typem B vyjadřují transferázu B.

Od doby, kdy byl objeven první systém lidských genetických znaků, byla krevní skupina široce používána při krevní transfuzi, testech otcovství, antropologických výzkumech, identifikaci v soudním lékařství atd. Vědci strávili mnoho času vyvíjením spolehlivých metod k určování různých typů vzorků, zvláště v šedesátých letech 20.století. Všechny metody určování krevní skupiny ABO jsou založeny na rozpoznání antigenu. Po desetiletí mezi ně patřily metody jako inhibice absorpce, vyloučení absorpce, smíšené aglutinace a enzymové imunisorbentní zkoušky. Většina z nich dosahuje vysokého procenta správných výsledků a velké přesnosti. Nicméně tyto tradiční metody určují pouze ABO fenotyp. Jelikož antigenní substance jsou glykolipidy nebo glykoproteiny, existuje několik závažných problémů, které mají dopad na jejich účinnost, např. pokračování antigenní aktivity, kontaminace mikroorganismy, nespecifická absorpce atd. Existují i další vlivy - vzorky v soudním lékařství, jako skvrny od krve, slin, semene, vlasy, kosti, rozložená nebo spálená těla, jsou někdy vystaveny extrémním podmínkám (Lee et al., 1992).

**Rozlišení krevních stop v praxi:**

- krevní kapky
- krevní stříkance
- krevní stroužky
- krevní kaluže
- jiné krevní stopy – otěry, otisky
- zbyty odstraněných krevních stop

**3.2.1.2 RFLP**

"RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) je technika, při níž se DNA našťepí pomocí speciálních enzymů – restričních endonukleáz na fragmenty, ve kterých se u každého člověka nachází tzv. VNTR, tedy opakování několika bází za sebou, ale u každého člověka je počet těchto opakování jiný. Principem metody je tedy srovnání délky fragmentů, a tak určení, zda DNA ze vzorku odebraného na místě činu je shodná s DNA podezřelého."<sup>10</sup>

**Postup provedení genetického testu metodou RFLP:<sup>11</sup>**

1. „Nejprve je nutné molekulu DNA izolovat z buňky a očistit od případných nečistot (nejčastěji bílkoviny, fenol a agarosa). K extrakci a purifikaci DNA, které musí předcházet izolaci jader pomocí centrifugace, se používá například guanidinhydrochlorid, obvykle ve směsi s dalšími látkami. Kontrola čistoty vzorku se měří pomocí spektrofotometrického měření v UV světle, při menším vzorku, nebo větší míře výskytu nečistot se přesnější určení koncentrace nukleové kyseliny dá zjistit z intenzity fluorescence emitované ethidiumbromidem.“

2. „Pokud již je vyextrahován vzorek DNA, je dalším krokem rozštěpení molekuly na jednotlivé malé fragmenty. V současnosti je známo přibližně 1500 restričních

---

<sup>10</sup> DNA v kriminalistice. Prča. 2008. 3, 1, s. 30-35

<sup>11</sup> JIMMY WEB - Obory v kriminalistice[online]

endonukleas, která dokáží rozeznat krátké sekvence nukleotidů (4, 6, 8) a podle rozeznané sekvence dokáží DNA v konkrétním místě rozštěpit. Jejich použití vede k fragmentaci DNA na díly, které jsou specifické pro každého člověka, jelikož přesné pořadí bází se u každého člověka, vyjma jednovaječných dvojčat, liší. Výsledkem je směs různě velikých úseků DNA.“

3. „Směs se vlije k jednomu konci nádoby s tenkou vrstvou speciálního agarosního gelu – porézní, gelovité hmoty.“

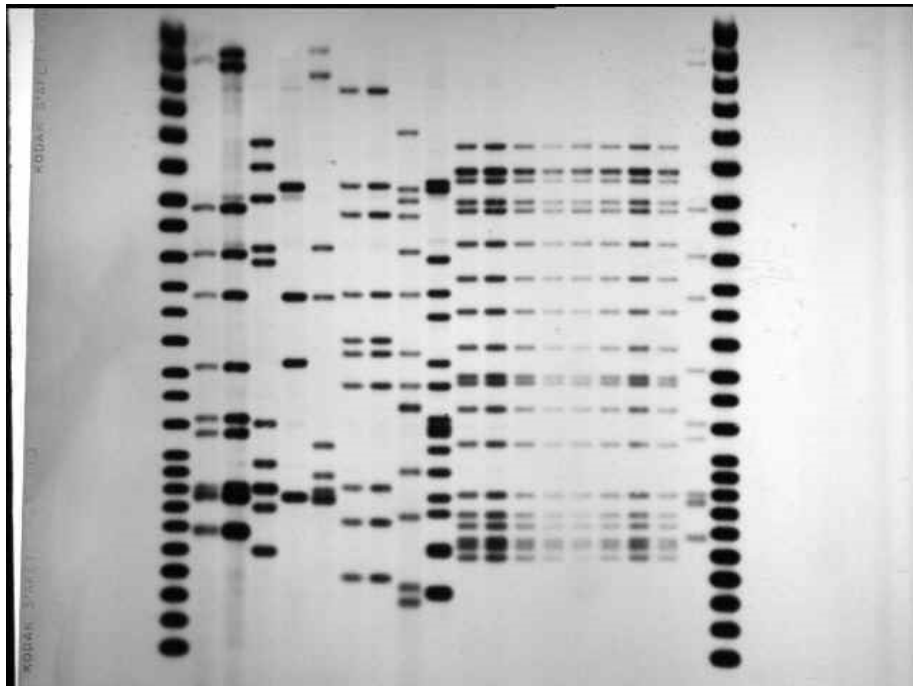
4. „Uvnitř nádoby se vytvoří elektrická polarita, záporný pól je na straně umístění fragmentů DNA. To vede k tomu, že jsou fragmenty vypuzovány směrem k druhé straně, protože mají lehce záporný náboj. Jelikož se však liší svými rozměry, jejich pohyb skrze porézní agarosní gel je různě rychlý, menší fragmenty se pohybují rychleji a na větší vzdálenost. Tato metoda, která rozdělí fragmenty v závislosti na jejich velikosti se nazývá „Agarose gel electrophoresis“.“

5. „Takto rozložený vzorek fragmentů DNA není možné dále zkoumat přímo na agarosním gelu, proto se na povrch gelu umístí tenká nylonová nebo nitrocelulosová membrána do které jsou fragmenty „nasáty“. Tomu předchází denaturace DNA za pomoci zásady, obvykle hydroxidu sodného. Na závěr je nylonová membrána ozářena paprsky UV, které způsobí trvalé umístění fragmentů na membránu.“

6. „Na nylonovou membránu s fragmenty se nalijí připravené sondy, které byly radioaktivně označeny. Ty se připojí k fragmentům na membráně, pokud jsou s nimi komplementární. Nenavázané sondy jsou odstraněny.“

7. „Na membránu je umístěn X-ray film. Sondy, které jsou nyní rozmístěny pouze v některých částech membrány, vyvolají expozici filmu v odpovídajících částech. Film je dán k vyvolání a „DNA fingerprint“, složený z proužků různé tloušťky a různých rozestupů je vytvořen. Tato metoda (bod 5-7) se nazývá „Southern blot“ podle vynálezce Edwina Southerna. To způsobilo, že i další, podobné metody se jmenuje podobně, konkrétně „Northern blot“ a „Western blot“. Kromě toho existují ještě „Slot blot“ a „Dot blot“. Ty se odlišují pravidelným tvarem naneseného vzorku sond (slot – protáhlý, pravidelný tvar, dot – kruhový, pravidelný tvar). Možností je také tzv. „Revers blotting“, během něhož je

*nejprve na membránu nafižována sonda a až poté hybridizovaná DNA ze zkoumaného vzorku.“*



*Obr. 19. Zobrazení úseků DNA pomocí X-ray filmu [24]*

### 3.2.2 Současnost

#### 3.2.2.1 PCR

PCR (Polymerase Chain Reaction) = polymerázová řetězová reakce je enzymová metoda sloužící k syntéze definovaného úseku DNA. V průběhu této metody dochází k rychlému a snadnému množení úseků DNA (až mnoha milionů kopií), založeného na principu replikace nukleoidových kyselin. Díky tomu lze provést analýzu i velmi malého vzorku. K syntéze nového vlákna se nejčastěji používá termostabilní DNA polymerázy. PCR probíhá v zařízení zvané termocykler, které umožňuje měnit teplotu během několika sekund o desítky stupňů Celsia.



Obr. 20. Termocykler [25]

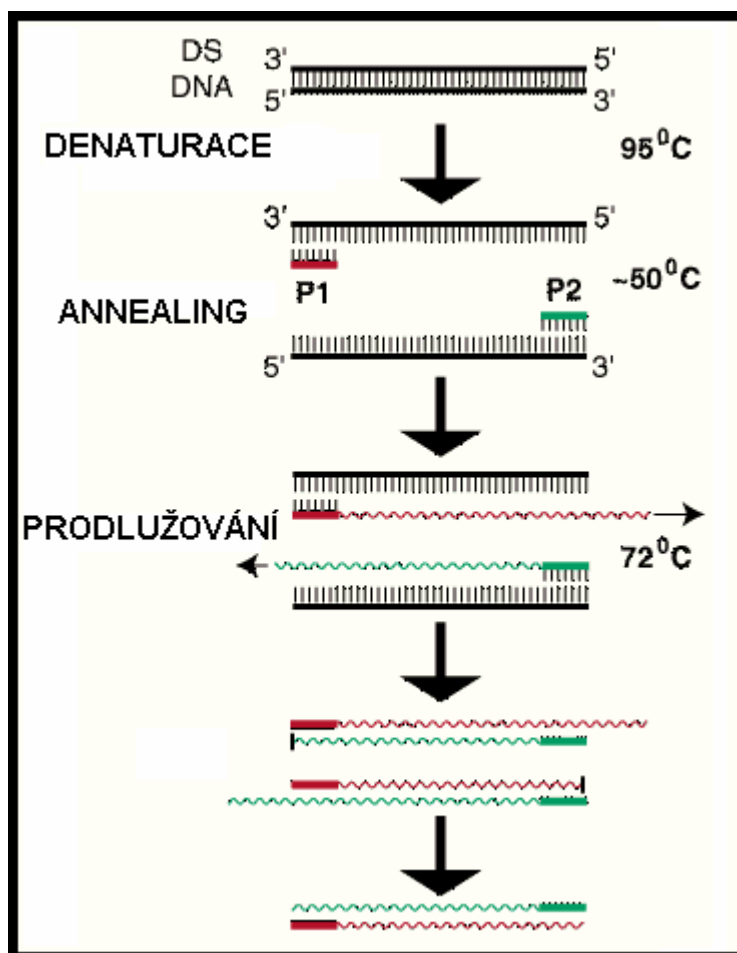
### Postup PCR<sup>12</sup>

- **Denaturace** – „DNA se po dobu 20-30 sekund zahřívá na teplotu 94-98 °C. Při této teplotě dochází k rozrušení vodíkových můstků v molekule DNA a k rozvolnění dvoušroubovice. Vzniká tak jednovláknová DNA, na kterou mohou v dalším kroku připojit primery.“
- **Annealing** – „Teplota se sníží na 50-65 °C, což umožňuje připojení (annealing) primerů na specifická místa DNA. Na dvouvláknové úseky DNA-primer se váže DNA polymeráza.“
- **Prodlužování primerů** – „Teplota v této fázi závisí na použité DNA polymeráze. Nejběžnější Taq polymeráza má optimum aktivity na 70-80 °C. V tomto kroku dochází k samotné syntéze DNA. Ve směru od 5' konce ke 3' přirůstá vlákno DNA komplementární k původní molekule DNA.“

---

<sup>12</sup> RUMLOVÁ, Michaela, PAČES, Václav, RUML, Tomáš. *Základní metody genového inženýrství*, strana 25

Tyto kroky se cyklicky opakují, pro dostatečnou amplifikaci původní molekuly DNA obvykle postačuje 30 cyklů. V případě, že na začátku byla ve vzorku pouze jediná molekula DNA, po 32 cyklech teoreticky dostaneme až 1 miliardu nasyntetizovaných molekul DNA.<sup>13</sup>



Obr. 21. Postup metody PCR [26]

### 3.2.2.2 Krevní skupiny

Ačkoli chemické složení, sérologie a syntetické stezky ABO antigenů byly jasné už před mnoha lety, teprve nedávno byl určen molekulární základ pro krevní typy. A a B geny

<sup>13</sup> PCR In *Wikipedia : the free encyclopedia* [online].

navzájem kódují A a B transferázy. Ty dva geny se liší jen v několika nukleotidech. Tyto rozdíly mění čtyři aminokyselinová rezidua, o nichž se myslí, že změní specifika A a B transferáz. Gen O obsahuje kritické jednozákladové vymazání, vedoucí k inaktivnímu proteinu, jenž není schopen modifikovat H substanci.

ABO určování se rutinně provádí s použitím anti-A a anti-B antisér, které jsou schopny rozlišit čtyři fenotypy (A, B, AB a O). Bez informací, jež lze získat rodinnou analýzou, genotypy AO a AA a BO a BB jsou nerozlišitelné. Známé sekvence těchto tří alel mohou být použity přímo k určení genotypů jedince. Aby se tato informace dala použít, musí se analyzovat několiknásobné nukleotidové pozice uvnitř genu. Například O alela se liší od A a B na nukleotidové pozici 258, ale A a B jsou na této pozici identické. Na druhou stranu A a B se liší na čtyřech nukleotidových pozicích, ale na všech těchto pozicích jsou A a O identické

#### **Krevní systém lze určovat pomocí dvou základních metod:**

- **PCR** – Určování krevní skupiny v systému ABO pomocí PCR je rozvinutá metoda. K rozlišení alel A, B a O jsou použity pozice nukleotidů 258 a 700 z A transferázy. Hlavní výhody této metody jsou:
  - využití pro screening podezřelých (rychle vyřazení podezřelého pokud se krevní skupiny neshodují)
  - pokud bude v budoucnu založen obsáhlý archív DNA, může sloužit ke zrychlení vyhledávání shody
  - rychlá, ekonomická, spolehlivá metoda
  - bezpečná metoda – nepoužívají se žádné nebezpečné radioizotopy
- **ASPCR** – *„Tahle procedura stala nástrojem pro detekci a analýzu známého genetického polymorfismu. Byla vyvinuta neobvyklá aplikace techniky ASPCR pro určení ABO genotypu jedinců bez potřeby rodinné analýzy. Metoda zavádí novou strategii pro design primeru, jež umožňuje identifikaci různých ABO genotypů podle molekulární velikosti produktů alelaspecifického rozšíření. Čtyři sady primerů, každá specifická pro různou sadu ABO alel, se smíchají do jedné reakce a produkty rozšíření jsou rozpuštěny v polyacrylamidovém gelu. . Touto novou variací ASPCR techniky bylo otypováno čtyřicet jedna jedinců patřících do různých*



*rodin, jejichž ABO fenotypy byly dříve určeny sérologicky. Byla nalezena 100% korelace mezi sérologií a ASPCR daty. Tato metoda je rychlá, jednoduchá, schopná reprodukce a specifická. Možné aplikace zahrnují mapování genů, diagnózu genetických chorob, HLA určování, testy otcovství a forenzní vědy.*<sup>14</sup>

### 3.2.2.3 STRP a VNTR

Short Tandem Repeat Polymorphism (zkratka *STRP*) a Variable Number Tandem Repeats (zkratka *VNTR*) jsou moderní, dnes nejpoužívanější metody jsou podobné metody RFLP, která však pracují s jinak získanými fragmenty DNA. 99% DNA mají všichni lidé společnou. V DNA se však vyskytují místa, která neslouží ke kódování genů, a která jsou tvořena opakováním krátkého motivu, jakéhosi „slova“, které tvoří mnohokrát opakovaný sled 2 - 4 nukleotidů, např. -CACG-CACG-CACG-. Říkáme jim tandemové repetice a v lidské DNA jich dnes známe více než 8 tisíc. Podoba těchto repetic a jejich délka je výrazně individuální. Je to způsobeno tím, že jejich mutace nemají pro člověka pravděpodobně žádný význam, jelikož nekódují žádnou genetickou informaci. Naproti tomu pokud by mutace postihla některý esenciální gen, pravděpodobně by tím zásadním způsobem poškodila správné fungování genu a možná i zabránila přežití takového jedince, což velmi efektivně odstraňuje podobné odchylky ze společnosti. Při testování se postupem, podobným tím, který je použit při RFLP (PCR, agarózový gel, Southern blot) určí, jak je vybraná tandemová repetice u daného člověka dlouhá, tedy kolika opakováními „slova“ je tvořena. Stejně se postupuje i u dalších repetic - celkem se jich obvykle zkoumá 15, pokud není potřeba vyšší počet. Přesnost výsledků této metody je, stejně jako u RFLP, blízká 100%.<sup>15</sup>

---

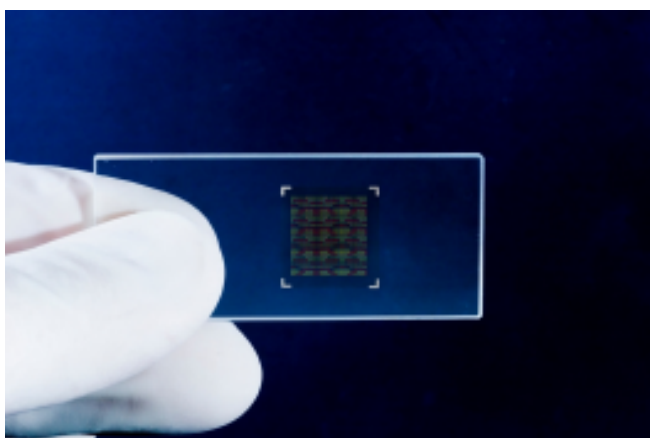
<sup>14</sup> Zdroj: HAMRLOVÁ, Andrea. *Identifikace osob pomocí DNA*, strana 25-27

<sup>15</sup> Zdroj: WIKIPEDIE, *Genetická daktyloskopie*[online]

### 3.2.3 Budoucnost

#### Biočipová technologie

*"V poslední době se lze v populárně-naučných časopisech či pořadech setkat s termínem „biočip“; jedná se novou molekulárně genetickou technologií. Biočip ovšem nemá nic principiálně společného s čipem počítačovým – podobnost je zde pouze v miniaturizaci; na velmi malé ploše biočipu lze provést najednou mnoho analýz DNA, čímž se celý proces velmi zefektivňuje a lze předpokládat, že biočipové technologie budou jedním z hlavních směrů dalšího rozvoje molekulární genetiky.“<sup>16</sup>*



Obr. 22. DNA čipové pole [27]

DNA může pracovat jako malý vodivý drát. Tuhle skutečnost potvrdil tým holandských vědeckých pracovníků, když umístili malý fragment DNA (10 nm) mezi dvě elektrody. Pro testování byla použita umělá DNA složená s 30 páry bázi C (cytosin) a G (guanin). Po aplikaci malého napětí na elektrody se nic nedělo, ale při zvýšení napětí na prahovou hodnotu se DNA fragment začal chovat jako polovodič. Tahle vlastnost se dá využít v počítačovém průmyslu. DNA fragmenty by mohli nahradit křemík. Velikosti čipů vyrobené touto technologií by byly veliké jen jako molekula.

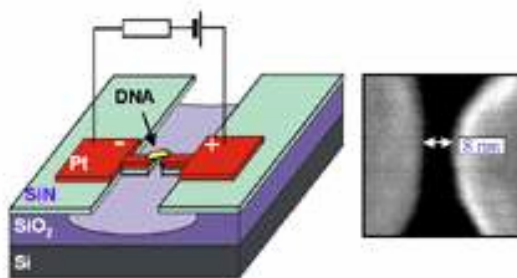
Dalším možným využitím DNA čipů je detekce mutací a informací obsažených v genech. O rozvoj takové technologie se postarala firma Affymetrix, která vyvinula DNA čip, který je schopen „číst“ genetickou informaci a rozpoznat různé mutace. V budoucnu

---

<sup>16</sup> RAK, Roman, MATYÁŠ, Václav, ŘÍHA, Zdeněk a kol. *Biometrie a identita člověka* – strana 556

by tyhle informace mohli pomoci při boji proti rakovině a jiným virovým onemocněním např. AIDS.<sup>17</sup>

Využití takových znalostí by se pak mohlo aplikovat i v kriminalistice. O pachateli by se kriminalisté dozvíдали mnohem více informací a to by usnadnilo jeho dopadení.



Obr. 23. Princip DNA čipu [28]

### 3.3 Výhody využití DNA analýzy

Pro kriminalistiku se dá objev DNA a jeho vlastností považovat za revoluční. Díky faktu, že každý člověk má jedinečnou strukturu DNA, se tahle metoda mohla plně zařadit mezi hlavní kriminalistické obory, které vedou k dopadení pachatele trestného, nalezení pohřešované osoby atd. Než byla zavedena metoda analýzy DNA, tak se používaly sérologické metody. Ty se ovšem používají dodnes, ale spíše jen k zúžení počtu podezřelých. Určí se např. typ krevní skupiny a ti podezřelí, kteří se s tou krevní skupinou shodují, podstoupí test DNA.

#### Přednosti užití analýzy DNA před metodami sérologickými (MS):

- Molekuly DNA vydrží velmi dlouho pokud jsou správně uskladněny (nesmí být ve vlhku a na přímém slunečním záření). Kdežto antigeny a enzymy zkoumané sérologickými metodami nejsou tak odolné. Např. při zkoumání krve se vyžaduje aby byla čerstvá, protože proteinové molekuly krevních skupin se rychle denaturují.

---

<sup>17</sup> Zdroj: NĚMEC, Miloš. *DNA čip a DNA počítače* [online]

- Získávání vzorků k užití analýzy DNA je méně invazivní. Stačí např. bukální stěr (z úst).
- Analýza DNA může sloužit jako přímá identifikace. Zatímco MS slouží pouze jako druhová identifikace (určení krevní skupiny).
- Tahle metoda umožňuje určit pohlaví jedince, kdy jiné známé metody selhaly.
- Molekuly DNA jsou totožné ve všech buňkách jedince. Antigenní složení buněk se liší podle druhu zkoumané tkáně.

## 4 GENETICKÉ PROFILY

„Genetickým profilem rozumíme záznam konkrétních forem vybraných variabilních míst v geonomu určitého jedince. Výběr lokusů vhodných pro standardní genetické testování se řídí několika základními kritérii. Prvním je široká alelická variabilita v populaci, tedy existence co nejvíce různých variant daného lokusu. Ze statistického hlediska je však nutné, aby se jednotlivé anely vyskytovaly v relativně stejném zastoupení. Jejich četnost se proto nejprve zjišťuje populační studií, která pracuje se souborem o velikosti minimálně 100-200 náhodně vybraných nepříbuzných jedinců. Dalším důležitým faktorem je stabilita daného lokusu, kterou se rozumí jeho rezistence vůči mutačním změnám jak při vzniku pohlavních buněk, tak při tvorbě nových tkání jednoho jedince.“<sup>18</sup>

Pokud chtějí pracoviště mezi sebou porovnávat jednotlivé profily, musí dosáhnout shody ve výběru zkoumaných lokusů. Proto v 90. letech minulého století začal britská organizace FSS vyrábět tzv. *identifikační forenzní kity*. Jednalo se o sady chemikálií, které umožňovaly analyzovat standardně vybrané lokusy. V současnosti existují dvě firmy, která poskytují kity pro analýzu STR lokusů: Applera a Promega. Tyhle společnosti jsou akreditovány mezinárodními forenzními institucemi.

### Statické parametry genetického profilování

Vypovídající genetického profilu závisí na dvou hlavních faktorech – na počtu lokusů zahrnutých do profilování a na vnitřní variabilitě jednotlivých lokusů. Při porovnávání se snažíme dosáhnout jedinečnosti profilu, tj. minimální pravděpodobnost, že jiná osoba bude mít přesně stejné uspořádání v daných lokusech. Odborně se to nazývá *pravděpodobnost náhodné shody*. Od určité úrovně se tahle pravděpodobnost považuje za zanedbatelnou (hranice stanovena na 1 ku  $10^{10}$ , neboli 0,000000001 %) – tzv. *individuální identifikace osoby*.

Co se týče frekvence anel, tak se od sebe jednotlivé populace významně liší. Nejvíce znatelné rozdíly jsou mezi obyvateli Afriky a Evropy. Zanedbatelné nejsou ani rozdíly mezi jednotlivými státy např. Francie a Německo. Pokud budeme zkoumat frekvenci anel dopodrobna, nalezneme rozdíly i mezi severní a jižní Moravou.

*„V kriminalistické praxi se setkáváme s tzv. neúplným genetickým profilem, a to při analýze minoritního množství biologického materiálu nebo materiálu biologicky degradovaného, který je obsažen v biologických stopách nalezených na místě činu. Pravděpodobnost náhodné shody takového neúplného genetického profilu se srovnávacím DNA profilem se zvyšuje s počtem neúspěšně analyzovaných lokusů. Pokud se dostane pod hranici individuální identifikace, může takový neúplný genetický profil pouze napomáhat při vylučovacím procesu (např. zúžení počtu podezřelých).“<sup>19</sup>*

---

<sup>18</sup> RAK, Roman, MATYÁŠ, Václav, ŘÍHA, Zdeněk a kol. *Biometrie a identita člověka* – strana 545

<sup>19</sup> RAK, Roman, MATYÁŠ, Václav, ŘÍHA, Zdeněk a kol. *Biometrie a identita člověka* – strana 546

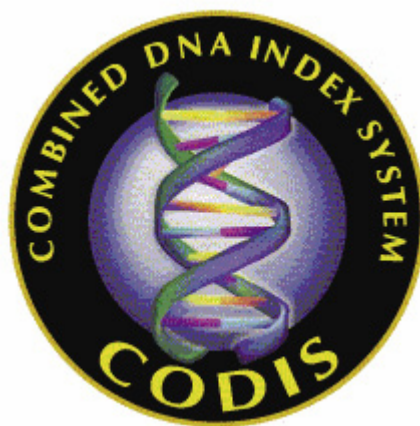
## 5 NÁRODNÍ DATABÁZE

Národní databáze DNA umožňuje registrovat, uchovávat a porovnávat genetické profily osob získané ze stop na místech trestných činů a provádět individuální identifikaci osob. Pro uchovávání genetických profilů se používá databáze s označením CODIS, kterou vyvinula FBI a poskytuje ji bezplatně policejním sborům cizích států.<sup>20</sup>

### 5.1 Systém CODIS - Combined DNA Index System

Jedná se o software, který slouží pro zprávu a porovnávání genetických profilů. V roce 1998 byl zaveden v USA. V Americe je nyní v téhle databázi asi 0,5 % obyvatel. Odborníci tvrdí, že ideální by byla hodnota kolem 10 %.

FBI poskytuje systém CODIS bezplatně cizím státům včetně České republiky. Hlavním motivem takového jednání je snaha získat co nejvíce partnerů provozující tuhle databázi a tím si tak umožnit výměnu dat. Existují ovšem státy, které mají své databáze a nechtějí se dělit o získané genetické profily (Velká Británie, Německo, Rakousko).<sup>21</sup>

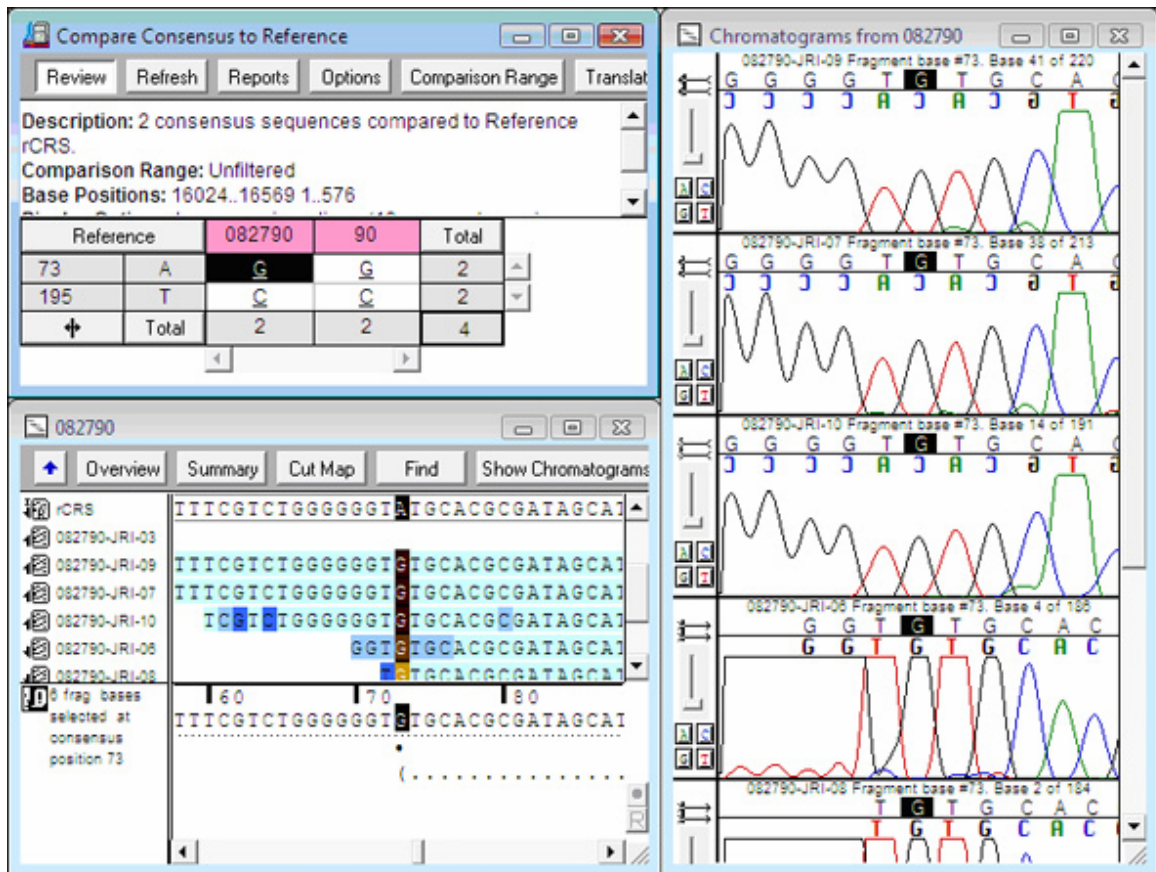


Obr. 24. CODIS [29]

---

<sup>20</sup> DNA v kriminalistice. *Prča*. 2008. 3, 1, s. 35.

<sup>21</sup> MUSIL, Jan, KONRÁD, Zdeněk, SUCHÁNEK, Jaroslav. *Kriminalistika*. Strana 548.



Obr. 25. Porovnávání profilů v systému CODIS [30]

„Systém CODIS rozděluje získané genetické profily do dvou dílčích databází. V první z nich, tzv. forenzní databázi, jsou obsaženy biologické vzorky získané na místě činu, v druhé, tzv. databázi odsouzených, jsou pak obsaženy genetické profily osob odsouzených za těžké zločiny, kdy v poslední době je možné sledovat snahu řady států zahrnout do této databáze i odsouzené za méně těžké zločiny. Pokud systém CODIS detekuje možnou shodu mezi genetickými profily obsaženými ve forenzní databázi a databázi odsouzených, prověří záznamy kvalifikovaní laboranti, aby možnou shodu profilů potvrdili nebo naopak vyvrátili. Pravděpodobnost, že bude takováto shoda identifikována je samozřejmě v souvislosti s rostoucím množstvím záznamů v databázi odsouzených stále větší.“<sup>22</sup>

<sup>22</sup> FOLDA, Jan. *Databáze DNA* [online]



## 5.2 NDNAD – National DNA Database (Velká Británie)

První databáze vznikla ve Velké Británii v roce 1995. Oficiální název byl Databáze DNA v Anglii a Walesu. Zde se ukládaly vzorky DNA obžalovaných a již odsouzených osob. V roce 1996 byl schválen nový zákon a ten umožnil sloučit databáze DNA z celé Velké Británie a vytvořit tak jednotnou národní databázi DNA. Skotská databáze byla připojena v roce 1997 a Irská až v roce 2005.

Projekt Národní databáze DNA má velkou podporu mezi politiky i veřejností, hlavně díky rapidnímu nárůstu odhalených trestních činů (z 24 % na 43 %). Za to může i fakt, že Velká Británie má ve své databázi 5,2 % svých obyvatel (2005). Tím se dostává na první místo. V EU se tahle hranice drží v průměru na 1,13 %.<sup>23</sup>

## 5.3 Národní databáze ČR

Metody identifikace osob pomocí DNA byly využívány v České republice už od roku 1992. Právní základ tomu poskytla ustanovení zákona o Policii ČR a Trestního řádu, v roce 2002 pak byl na jejich základě vydán Závazný pokyn policejního prezidenta č. 88/2002 k naplňování, provozování a využívání Národní databáze DNA.

Tato databáze obsahuje profily DNA získané na místech dosud neobjasněných trestných činů a osob, které byly odsouzeny pro spáchání zvláště závažných trestných činů nebo proti nim bylo pro tyto trestné činy vedeno trestní stíhání. Dále jsou v databázi uloženy genetické profily osob obviněných ze spáchání trestného činu a nalezených osob, po kterých bylo vyhlášeno pátrání a které nemají způsobilost k právním úkonům v plném rozsahu. V neposlední řadě pak Národní databáze DNA obsahuje i genetické profily mrtvol, kosterních nálezů a zbytků lidských těl neznámé totožnosti.

Je proto třeba zdůraznit, že Závazný pokyn policejního prezidenta ani jiný právní předpis neumožňuje Policii ČR odebírat biologický materiál a zjišťovat genetický profil všech obviněných a podezřelých osob. V § 114 odst. 2 Trestního řádu je ale uvedeno, že „Je-li k důkazu třeba provést zkoušku krve nebo jiný obdobný úkon, je osoba, o kterou jde,

---

<sup>23</sup> FOLDA, Jan. *Databáze DNA* [online]

povinna strpět, aby jí lékař nebo odborný zdravotnický pracovník odebral krev nebo u ní provedl jiný potřebný úkon, není-li spojen s nebezpečím pro její zdraví. Odběr biologického materiálu, který není spojen se zásahem do tělesné integrity osoby, jíž se takový úkon týká, může provést i tato osoba nebo s jejím souhlasem orgán činný v trestním řízení.“ Z toho vyplývá, že se může provést odběr genetického materiálu nejen podezřelému, ale i svědkovi. Ten pak ale nemůže být zařazen do Národní databáze DNA. Rozbor DNA slouží jen pro systém CODIS na porovnávání shody. Policie následovně určí, jestli dotyčná osoba spáchala nějaký trestný čin či nikoliv a jestli bude jeho genetický profil zařazen do Národní databáze DNA.<sup>24</sup>

---

<sup>24</sup> FOLDA, Jan. *Databáze DNA* [online]

## ZÁVĚR

Objev struktury DNA a jejich jedinečných vlastností se dá považovat za revoluční. Britský genetik Alec Jeffreys položil základní kameny analýzy DNA a tím tak otevřel nové možnosti identifikace osob pro kriminalistiku. V současnosti se používá pro řešení trestních činů, hledání pohřešovaných osob a identifikaci lidských ostatků po katastrofách.

Hlavní výhodou analýzy DNA je, že pro samotné provedení stačí jen jediná molekula DNA. Takový vzorek můžeme odebrat z jakéhokoliv genetické materiálu člověka. Zásadní ovšem pak skutečnost, že každá osoba na světě má jedinečnou strukturu DNA. Šance že by se dva vzorky DNA od rozdílných osob shodovaly je  $1 : 10^{10}$ . Jedinou výjimkou jsou jednovaječná dvojčata. Ty mají téměř identickou strukturu DNA, ale existují pak jiné metody jak je rozlišit.

Aby mohl proběhnout proces identifikace, musí být k dispozici vzorek, se kterým daný genetický materiál budeme porovnávat. Tenhle fakt dal impuls k zakládání genetických profilů DNA, které jsou pak ukládány v Národní databázi DNA. Ideální databáze DNA by obsahovala genetické profily všech obyvatel. To je ovšem v brzkém budoucnu téměř nemožné. Jednak kvůli finančním nákladům spojených s analýzou DNA a uskladnění vzorků, ale taky nastává problém z právního hlediska. V česká Národní databáze DNA obsahuje profily získané na místech dosud neobjasněných trestných činů a osob, které byly odsouzeny pro spáchání zvláště závažných trestných činů. Dále jsou v databázi uloženy genetické profily osob obviněných ze spáchání trestného činu a nalezených osob, po kterých bylo vyhlášeno pátrání a které nemají způsobilost k právním úkonům v plném rozsahu. V neposlední řadě pak Národní databáze DNA obsahuje i genetické profily mrtvol, kosterních nálezů a zbytků lidských těl neznámé totožnosti.

## ZÁVĚR V ANGLIČTINĚ

Discovery of DNA structure and their unique properties can be considered revolutionary. British geneticist Alec Jeffreys laid the foundation stones of DNA analysis and thereby opened up new possibilities for the identification of criminology. Currently it is used for solving crimes, finding missing persons and identifying human remains following disasters.

The main advantage of DNA analysis is that the actual implementation of just a single molecule of DNA. Such a sample can be taken from any human genetic material. But the fundamental fact that every person in the world has a unique structure of DNA. Chance that two samples of DNA from different individuals match is 1:  $10^{10}$ th The only exception is identical twins. They have almost identical structure of DNA, but then there are other methods to distinguish them.

In order to place the process of identification must be available to sample, with which the genetic material will be compared. This fact gave impetus to the creation of genetic profiles of DNA that are then stored in the National DNA database. Ideal DNA database would contain the genetic profiles of all residents. This is in the early future almost impossible. First, because of financial costs associated with DNA analysis and storage of samples, but also raises the issue from a legal standpoint. The Czech national DNA database contains the profiles obtained at locations yet unexplained crimes and people who have been convicted for committing particularly serious crimes. Are also stored in the database of genetic profiles of persons accused of committing the crime and found people, after which the search was launched and have the legal capacity in full. Finally, the national DNA database contains genetic profiles corpses, skeletal remains and finds human bodies of unknown identity.

## SEZNAM POUŽITÉ LITERATURY

### Monografie:

- [1] RAK, Roman; MATYÁŠ, Václav; ŘÍHA, Zdeněk. *Biometrie a identita člověka*. Praha : Grada Publishing, a.s., 2008. 631 s. ISBN 978-80-247-2365-5.
- [2] PORADA, Viktor a kolektiv. *Kriminalistika*. Praha : CERM 2001. 746 s. ISBN 8072041940.
- [3] MUSIL, Jan, KONRÁD, Zdeněk, SUCHÁNEK, Jaroslav. *Kriminalistika*. Praha : C.H. Beck 2004. 583 s. ISBN 80-7179-878-9.
- [4] HAMRLOVÁ, Andrea. *Identifikace osob pomocí DNA*. Brno, 2007. 48 s. Bakalářská práce. Masarykova Univerzita.
- [5] RUMLOVÁ, Michaela, PAČES, Václav, RUMML, Tomáš. *Základní metody genového inženýrství*, Praha: 2003. 54 s. ISBN 80-86313-12-3

**Internetové zdroje:**

- [6] *CSSFG* [online]. 2010 [cit. 2010-04-15]. Historie forenzní genetiky. Dostupné z WWW: <http://www.cssfg.org/cz/1112/historie-foreznni-genetiky/>
- [7] *DNA INTIATIVE* [online], [cit. 2010-04-16]. Analyzing DNA Evidence. Dostupné z WWW: <http://www.dna.gov/basics/analysis/>
- [8] *Exploring the Deep Frontier* [online]. 2004 [cit. 2010-04-15]. DNA History. Dostupné z WWW: <http://www.ceoe.udel.edu/extreme2004/genomics/dnahistory.html>
- [9] *JIMMY WEB* [online]. 2007 [cit. 2010-04-20]. Obory v kriminalistice. Dostupné z WWW: <http://www.jimmy-web.estranky.cz/clanky/kriminalistika/obory-v-kriminalistice>
- [10] PCR In *Wikipedia : the free encyclopedia* [online]. St. Petersburg (Florida) : Wikipedia Foundation, , [cit. 2010-05-17]. Dostupné z WWW: <http://cs.wikipedia.org/wiki/PCR>
- [11] JEDLIČKA, Miroslav, *Genetika ve službách kriminalistiky*, 2000 [cit. 2010-05-09]. Dostupné z WWW: <http://www.vpsmvbrno.cz/osobni/jedlicka/dna/dna.html>
- [12] ŠÍPEK, Antonín. *Genetika* [online]. 2008 [cit. 2010-05-03]. Dostupné z WWW: <http://genetika.wz.cz/genetika.pdf>
- [13] DNA v kriminalistice. *Prča*. 2008 [cit. 2010-05-01]., 3, 1, s. 30-35. Dostupné z WWW: [http://analytika.upol.cz/workshopy/PrCa\\_01\\_2008.pdf](http://analytika.upol.cz/workshopy/PrCa_01_2008.pdf).
- [14] FOLDA, Jan. *Databáze DNA* [online]. 2007 [cit. 2010-05-09]. Dostupné z WWW: <http://www.uoou.cz/uoou.aspx?menu=0&submenu=287&loc=291>
- [15] *Historické kořeny Centra VAN* [online]. 2008 [cit. 2010-05-11]. Centrum VAN. Dostupné z WWW: [http://www.elabs.com/van/Brochure2CZ\\_REV.htm](http://www.elabs.com/van/Brochure2CZ_REV.htm)
- [16] *DNA Structure* [online]. 2007 [cit. 2010-05-05]. HowStaffWorks. Dostupné z WWW: <http://science.howstuffworks.com/cellular-microscopic-biology/dna1.htm>

- [17] Fosfát In *Wikipedia : the free encyclopedia* [online]. St. Petersburg (Florida) : Wikipedia Foundation, , [cit. 2010-05-17]. Dostupné z WWW: <<http://cs.wikipedia.org/wiki/Fosf%C3%A1t>>
- [18] *DNA & RNA* [online]. 2008 [cit. 2010-05-17]. Genetika. Dostupné z WWW: <<http://genetika.wz.cz/dnarna.htm> >
- [19] *A Visual Guide to Purines and Pyrimidines* [online]. 2010 [cit. 2010-05-12]. About.com. Dostupné z WWW: <<http://animals.about.com/od/zoology12/ig/Biomolecules/>>
- [20] *Girl of 15 found stabbed to dead in lift at London block on flats* [online]. 2008 [cit. 2010-05-07]. Guardian. Dostupné z WWW: <<http://www.guardian.co.uk/uk/2008/jun/03/knifecrime.ukcrime1>>
- [21] *Crime Scene Photos* [online]. 2009 [cit. 2010-05-01]. Brebeuf Jesuit Biotechnology. Dostupné z WWW: < <http://bjpsbiotech.edublogs.org/csi-2010/crime-scene-photos/>>
- [22] *Evidence collection* [online]. 2009 [cit. 2010-05-16]. RexCoffey. Dostupné z WWW: <<http://www.rexcoffey.com>>
- [23] *Vše o DNA* [online]. 2008 [cit. 2010-05-12]. iDNES. Dostupné z WWW: <[http://technet.idnes.cz/vse-o-dna-odebirat-se-bude-vrahum-i-zlobivym-skolakum-pcq-/tec\\_technika.asp?c=A080519\\_173730\\_tec\\_technika\\_kuz](http://technet.idnes.cz/vse-o-dna-odebirat-se-bude-vrahum-i-zlobivym-skolakum-pcq-/tec_technika.asp?c=A080519_173730_tec_technika_kuz)>
- [24] *Termocyklery* [online]. 2010 [cit. 2010-05-15]. Donserv. Dostupné z WWW: <<http://ryanforensicdna.com/news>>
- [25] *News* [online]. 2010 [cit. 2010-05-12]. Ryan Forensic DNA Consulting. Dostupné z WWW: <[http://www.donserv.pl/readarticle.php?article\\_id=103](http://www.donserv.pl/readarticle.php?article_id=103)>
- [26] PABINGER, Stephan. *Development of a Web-based application for managing and analyzing real-time PCR experiments*. Graz, 2006. 108 s. Diplomová práce. Fachhochschul-Diplomstudiengang. Dostupné z WWW: <<http://genome.tugraz.at/Theses/Pabinger2006.pdf>>
- [27] *UNRIVALLED PROCES CONTROL and INTEGRATION* [online]. 2010 [cit. 2010-05-16]. Memstar. Dostupné z WWW: <<http://www.memstar.com/company/news.asp?newsid=42>>

- [28] *Nanotechnologie* [online]. 2010 [cit. 2010-05-16]. Fakulta informatiky Masarykovi univerzity. Dostupné z WWW:  
<<http://www.fi.muni.cz/usr/jkucera/pv109/2000/xfrolik.htm>>
- [29] *FBI Laboratory 2005 report* [online]. 2005 [cit. 2010-05-16]. FBI. Dostupné z WWW: <<http://www.fbi.gov/hq/lab/labannual05/labannual05.htm>>
- [30] *Mitochondrial DNA Profiling Tutorial* [online]. 2005 [cit. 2010-05-16]. GENE CODES. Dostupné z WWW:  
<[http://www.genecodes.com/sequencher/tutorials/mitochondrial\\_dna\\_profiling.html](http://www.genecodes.com/sequencher/tutorials/mitochondrial_dna_profiling.html)>
- [31] *Replication* [online]. 2009 [cit. 2010-05-16]. Science 7. Dostupné z WWW:  
<<http://lams.slcusd.org/pages/teachers/saxby/wordpress/?m=200911&paged=2>>



## SEZNAM POUŽITÝCH VÝRAZŮ A ZKRATEK

<b>Adenin</b>	Druh purinové báze v nukleotidech a nukleových kyselinách (zkr. A).
<b>Alela</b>	Jedna z konkrétních forem genu (u rostlin např. gen pro barvu květu, a. pro modré, červené atd. zbarvení). Má-li daný jedinec ve svém genovém páru stejné alely, označuje se jako homozygot, má-li alely nestejně, jde o heterozygota. Která z obou odlišných alel se projeví, závisí na její dominanci či recesivitě.
<b>Báze</b>	V souvislosti DNA, jsou to látky Adenin (A), Cytosin (C), Guanin (G) a Thymin (T).
<b>CODIS</b>	Z angl. Combined DNA Index System; software vyvinutý americkou FBI, který slouží k porovnávání genetických profilů.
<b>Cytosin</b>	Cytosin – 2-hydroxy-4-aminopyrimidin, druh pyrimidinové báze v nukleotidech a nukleových kyselinách (zkr. C).
<b>DNA</b>	DNA (DNK) – angl. zkr. deoxyribonukleová kyselina. Druh nukleové kyseliny, která je základem dědičné informace. U eukaryotů je uložena převážně v jádře buňky (malé množství též v mitochondriích). Je tvořena dvěma dlouhými řetězci navzájem spirálovitě obtočenými, jejichž základními stavebními kameny jsou nukleotidy lišící se přítomností čtyř různých bází, jejichž jedinečné seskupení v řetězci je podkladem informace v DNA uložené (viz genetický kód). Jde o adenin (A), guanin (G), cytosin (C) a thymin (T).
<b>Dvojitá spirála</b>	Tvar dvou linií molekuly DNA, které se proplétají a nakonec spojí v jednu.
<b>Enzym</b>	Enzymy jsou jednoduché či složené bílkoviny, které katalyzují chemické přeměny v živých organismech. Enzymy určují povahu i rychlost chemických reakcí a vytvářejí tak v živých organismech harmonickou souhru chemických funkcí. Aktivita enzymů, spočívající v ovlivnění rychlosti chemických reakcí snižováním jejich

	aktivační energie, je závislá zejména na koncentraci substrátu, teplotě, pH, aktivátorech a inhibítorech.
<b>Gen</b>	GEN – zkr. gentamicin gen – základní jednotka dědičné informace tvořená úsekem DNA a uložená na chromozomu. Na základě této informace vzniká zcela určitá bílkovina nebo molekula RNA, plnící specifické funkce (enzymy řídící metabolismus, stavební bílkoviny buňky, bílkoviny regulující různé děje v buňce včetně ovlivňování jiných genů, hormony, protilátky atd.). Poškození genu (mutace) způsobí poruchu či absenci těchto funkcí. Člověk má ve všech svých buňkách (s výjimkou buněk pohlavních) jeden pár od každého genu (od každého z rodičů jeden). Počet genů člověka se v současnosti odhaduje na cca 50000. Každá buňka těla obsahuje všechny geny, ale jen část z nich využívá.
<b>Genetika</b>	Věda studující zákonitosti a mechanismy dědičnosti. Lékařská genetika se mj. zabývá studiem dědičnosti lidských chorob a možnostmi jejich prevence (viz genetické poradenství). Mohutný rozvoj zaznamenala zejména v posledních letech využitím metod molekulární biologie.
<b>Genom</b>	Sobor všech struktur nesoucích genetickou informaci ve formě DNA. Je tvořen chromozomy uloženými v buněčném jádře.
<b>Guanin</b>	2-amino-6-hydroxypurin, druh purinové báze v nukleotidech a nukleových kyselinách (zkr. G).
<b>Chromozóm</b>	Vláknitá struktura buněčného jádra, v níž je v podobě DNA obsažena dědičná informace. Člověk má ve svých tělesných buňkách 46 chromozómů (2 sady po 23 chromozómech, z nichž každá pochází od jednoho rodiče, srov. diploidní, haploidní). Dva z nich jsou tzv. pohlavní chromozómy (gonozomy), které rozhodují o pohlaví daného jedince (XX u ženy, XY u muže), zbylé chromozómy (22 párů) jsou tzv. autozomy (totožné u muže i ženy).
<b>Jádno</b>	Jádno 1. buněčné jádro; část buňky, v níž je uložena dědičná informace, tj. chromozomy obsahující DNA. 2. nervové jádro;

	seskupení nervových buněk (šedé hmoty) v určité oblasti mozku a míchy (srov. ganglion).
<b>Locus</b>	Latinsky – místo.
<b>Nukleová kyselina</b>	DNA je nukleovou kyselinou, která je tvořena dlouhou proplétající se dvojitou spirálou nukleidů.
<b>PCR</b>	PCR – angl. zkr. polymerázová řetězová reakce; jedna z metod molekulární biologie, umožňuje mnohonásobné zmnožení určitého úseku DNA i z jejího nepatrného množství (v podstatě z jediné molekuly). DNA pak může být využita k dalšímu zkoumání.
<b>Polymer</b>	Polymer je látka sestávající z molekul jednoho nebo více druhů atomů nebo skupin spojených navzájem v tak velkém počtu, že řada fyzikálních a chemických vlastností této látky se nezmění přidáním nebo odebráním jedné nebo několika konstitučních jednotek.
<b>Pořadí bází</b>	Pořadí nukleových bází v molekulách DNA, např. AGTACGTA, atd.
<b>Replikace DNA</b>	Je proces tvorby kopií molekuly deoxyribonukleové kyseliny (DNA), čímž se genetická informace přenáší z jedné molekuly DNA (templát, matrice) do jiné molekuly stejného typu (tzv. replika).
<b>Sekvence</b>	Sekvence – pořadí, sled (určitých prvků systému). Sekvence bází v DNA je podstatou dědičné informace, která dále určuje sekvence aminokyselin v bílkovině (její primární strukturu). Stanovení sekvencí se označuje jako sekvencování.
<b>Thymin</b>	Určen dle písmene T, má pyrimidinovou bázi. Jedna ze 4 základních molekul DNA.
<b>Základní pár</b>	Dvě komplementární báze spojené hydrogenními pouty, obvykle částmi molekul DNA; Základní pár vzniká mezi (purinem a pyrimidinem) tedy mezi A a T, a také mezi G a C.

**SEZNAM OBRÁZKŮ**

<i>Obr. 1. Johann Gregor Mendel</i> .....	10
<i>Obr. 2. James Watson, Obr. 3. Francis Crick</i> .....	11
<i>Obr. 4. Struktura DNA</i> .....	14
<i>Obr. 5. Fosfát</i> .....	15
<i>Obr. 6. D-ribosa, Obr. 7. 2–deoxy–D-ribosa</i> .....	15
<i>Obr. 8. Adenin, Obr. 9. Thymin</i> .....	15
<i>Obr. 10. Guanin, Obr. 11. Cytosin</i> .....	16
<i>Obr. 12. Purinová báze</i> .....	16
<i>Obr. 13. Pyrimidinová báze</i> .....	17
<i>Obr. 14. Replikace DNA</i> .....	19
<i>Obr. 15. Pracovní oblečení , Obr. 16. Zajištění vzorku krve</i> .....	23
<i>Obr. 17. Kriminalistický kufřík na odběr biologického materiálu</i> .....	23
<i>Obr. 18. Postup práce s DNA v laboratoři</i> .....	24
<i>Obr. 19. Zobrazení úseků DNA pomocí X-ray filmu</i> .....	29
<i>Obr. 20. Termocykler</i> .....	30
<i>Obr. 21. Postup metody PCR</i> .....	31
<i>Obr. 22. DNA čipové pole</i> .....	34
<i>Obr. 23. Princip DNA čipu</i> .....	35
<i>Obr. 24. CODIS</i> .....	39
<i>Obr. 25. Porovnávání profilů v systému CODIS</i> .....	40