

Andrzej Ciechanowicz

„Non omnis moriar”. Genetyczna identyfikacja ofiar totalitaryzmów

Niniejszy tekst jest próbą naświetlenia tego, co w przekazie medialnym z reguły sprowadza się do kilku słów: kto i kiedy został zidentyfikowany. Choć w tytule użyłem cytatu z wiersza Horacego, chciałbym na początku przypomnieć preambułę porozumienia Instytutu Pamięci Narodowej i Pomorskiego Uniwersytetu Medycznego w Szczecinie powołującego Polską Bazę Genetyczną Ofiar Totalitaryzmów (PBGOT)¹, które stworzyło podstawy do wdrożenia projektu genetycznej identyfikacji osób. Identyfikacji pojedynczych osób, przywracania tożsamości bezimiennym, tym, którzy mieli być wymazani z pamięci, z historii, ze świadomości rodzin i nas wszystkich. Brzmi ona tak: „Mając na względzie pamięć ofiar zbrodni systemów totalitarnych i dążąc do ograniczenia ich porażającej bezimienności, będącej jednym z przejawów zaprzeczenia człowieczeństwa pomordowanych [...]”.

Ta preambuła świadczy o tym, że patrzymy na zbrodnie systemów totalitarnych przez pryzmat ofiar i wartości humanitarnych, uważając, że każdy człowiek zasługuje na to, aby być pochowanym pod swoim imieniem i nazwiskiem. Już w dziesięć tygodni po podpisaniu porozumienia zidentyfikowano pierwszą ofiarę, mężczyznę N.N. z kwatery „Ł” cmentarza Wojskowego na Powązkach w Warszawie – z tzw. Łączki. Można odnieść wrażenie, że do tej pory nie było narzędzia, którym można było tego dokonać, a po podpisaniu tego porozumienia znalazła się jakaś cudowna maszyna, przedziwne urządzenie, w którym naciska się guzik, z jednej strony wkłada fragment kości,

¹ Porozumienie to zawarto 28 IX 2012 r. w Szczecinie.

z drugiej strony próbkę materiału porównawczego DNA, wygłasza magiczną formułę i oto pojawia się imię i nazwisko ofiary. Można odnieść wrażenie, że tak to właśnie jest – ale jest to oczywiście wrażenie fałszywe. W niniejszym tekście wyjaśniam, jak to wygląda naprawdę.

W przywołanym w tytule wierszu Horacego „Wybudowałem pomnik” (*Exegi monumentum*) natchniony poeta stwierdza, że przetrwa jego cząstka: „[...] nie naruszą go deszcze gryzące, nie zburzy oszalały Akwilon, oszczędzi go nawet łańcuch lat niezliczonych i mijają wieków”. To właśnie na tym, na tej cząstce, która przetrwała, na zachowanym DNA ofiar, opieramy podstawy naukowe ich genetycznej identyfikacji. Tym tekstem chciałbym przybliżyć tę tematykę osobom zupełnie z nią niezwiązanym. Musi to być więc swego rodzaju skrócony kurs genetyki molekularnej. Niestety, bez matematyki też nie będziemy mogli się obyć. Żeby to zilustrować, przedstawię krótki eksperyment. W grupie przypadkowych ludzi, liczącej co najmniej 65 osób, istnieje prawdopodobieństwo graniczące z pewnością (tylko w trzech przypadkach na tysiąc jest inaczej), że znajdują się w niej co najmniej dwie osoby mające urodziny w tym samym dniu. Z kolei w grupie powyżej 23 osób mamy 50 proc. szans, że taką parę znajdziemy. Ten tzw. paradoks urodzin wynika z praw matematyki zawartych w rachunku prawdopodobieństwa. Reguły matematyki uświadamiają nam ten paradoks, tworzą również podstawy wiarygodnej identyfikacji genetycznej.

Podstawowe prawa, z których korzystamy w tych pracach, sformułował już w XIX w. Grzegorz Mendel, mnich z zakonu augustianów, nazywany „ojcem genetyki”. W ogrodzie klasztoru św. Tomasza w Brnie badał siedem cech grochu. Udowodnił on, że nawet w sytuacji, kiedy „rodzicami” są zielone strąki grochu, to wśród ich „potomstwa” będą też strąki żółte (pierwsze prawo Mendla, czyli prawo czystości gamet). Z kolei, gdy w pokoleniu „rodzicielskim” strąki są zielone, a nasiona żółte, to pokolenie „potomstwa” składać się będzie ze strąków zielonych z żółtymi nasionami, strąków zielonych z zielonymi nasionami, strąków żółtych z żółtymi nasionami oraz strąków żółtych z zielonymi nasionami (drugie prawo Mendla, czyli prawo niezależnej segregacji). A co jest podłożem materialnym dziedziczenia? James Watson i Francis Crick w fundamentalnej pracy z 25 kwietnia 1953 r. wykazali,

że materialną, fizyczną podstawą dziedziczności jest kwas deoksyrybonukleinowy².

Pod koniec XIX w. wybitny kanadyjski klinicysta sir William Osler sformułował pogląd w formie aforyzmu: „Gdyby nie wielka zmienność między ludźmi, to medycyna byłaby tylko nauką, a tak pozostaje sztuka”. Dzisiaj możemy tylko dodać, że gdyby nie poznano podstawowych praw genetyki odkrytych przez Mendla i gdyby nie wielka zmienność między ludźmi, to nie moglibyśmy prowadzić identyfikacji genetycznej pojedynczych osób.

To, że ludzie się od siebie różnią, nie tylko w ten zupełnie oczywisty i widoczny sposób, znane jest w kryminalistyce przy analizie linii papilarnych. Jednak wzór tych linii może się powtórzyć mniej więcej raz na 100 tys. przypadków. W zadaniu, którego podjęła się PBGOT, to ostatnie narzędzie identyfikacji, z przyczyn oczywistych, nie ma zastosowania. Ale ludzie różnią się od siebie nie tylko zewnątrznie lub wzorami linii papilarnych, różnią ich także tzw. genetyczne odciski palców (*DNA fingerprinting*, *DNA profiling*).

Najczęstsza zmiana w DNA to zamiana jednego nukleotydu na drugi, czyli tzw. polimorfizm pojedynczego nukleotydu (*single nucleotide polymorphism*, SNP). Te polimorfizmy występują co 100–300 nukleotydów w genomie liczącym 3 mld nukleotydów. To sprawia, iż warunkują aż ok. 90 proc. zmienności w genomie człowieka. Jednak do identyfikacji genetycznej osób znacznie bardziej niż SNP przydatne są zmiany w DNA określane mianem polimorfizmu mikrosatelitarnego, tj. STR (*short tandem repeats*). Są to powtarzające się sekwencje, np. cytozyna-adenina, tj. (CA)_n w regionach niekodujących, które charakteryzują się tym, że ich wariantów (alleli) jest bardzo dużo (co najmniej kilkanaście, a niekiedy nawet kilkadziesiąt). Stąd też już w przypadku jednego STR dla pary chromosomów autosomalnych można każdej osobie przyporządkować dwa wskaźniki („markery”) określające liczbę powtórzeń CA, np. (CA)₅/(CA)₁₂.

Powszechnie uznany za ojca identyfikacji genetycznej sir Alec Jeffreys odnotował w swoim pamiętniku następujące zdania: „Moje życie

² J.D. Watson, F.H.C. Crick, *Molecular Structure of Nucleic Acids: A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid*, „Nature” 1953, nr 171 (4356), s. 737–738.

zmieniło się w poniedziałek 10 września 1984 r. o godz. 9.05. Tamtego dnia przeżyłem coś, co się naukowcom nie zdarza – moment olśnienia, eureka! Badaliśmy właśnie próbki DNA pobrane od jednej z naszych лаборantek i jej rodziców oraz próbki nie pochodzące od człowieka. DNA matki i córki, a także córki i ojca z jednej strony były do siebie bardzo podobne, a z drugiej istniały między nimi zasadnicze różnice. W tym momencie zdałem sobie sprawę, że mamy dowód na istnienie genetycznego odcisku palca, za pomocą którego można identyfikować ludzi”³.

Warto jednak zauważyć bardzo istotne ograniczenie tej metody analizy DNA. Sir Alec Jeffreys (tytuł szlachecki otrzymał właśnie za opracowanie metody genetycznego odcisku palca) w połowie lat osiemdziesiątych ubiegłego wieku potrzebował aż 10 mikrogramów (μg) DNA (we współczesnych kategoriach laboratoryjnych to bardzo duża ilość). Jednak już w 1985 r. Kary Mullis opisał metodę, która rozwiązała problem związany z małą czy wręcz bardzo małą ilością materiału genetycznego (DNA) dostępnego do analiz. Metoda opracowana przez Mullisa (za jej opracowanie otrzymał w 1993 r. Nagrodę Nobla z chemii) nazywa się żargonowo „kopiarką molekularną”, a poprawnie łańcuchową reakcją polimerazy (*polymerase chain reaction*, PCR). W ciągu około dwóch godzin w małej probówce, do której oprócz matrycy, jaką stanowił analizowany materiał genetyczny, dodano wszystkie niezbędne odczynniki chemiczne, dokonywało się powielenie (amplifikacja) swoistego fragmentu DNA zgodnie z wzorem 2^n , gdzie n – to liczba cykli PCR (na pojedynczy cykl składają się trzy elementy: denaturacja DNA, wiązanie starterów, wydłużanie nici DNA). Po 35 cyklach reakcji otrzymywano w PCR ponad 34 mld kopii amplifikowanej cząsteczki DNA. Warto dodać, że jeszcze 30 lat temu mieszanina do PCR miała objętość 100 mikrolitrów (ujmując to obrazowo – miała objętość dwóch kropli). Obecnie w badaniach prowadzonych przez PBGOT mieszanina PCR ma objętość 1/25 kropli, tj. objętość 2 mikrolitrów. Dzięki PCR zamiast 10 mikrogramów DNA można prowadzić proces identyfikacji ofiar totalitaryzmów, nawet gdy z ich szczątków uda się wyizolować 1 nanogram (ng) DNA, a nawet nieco mniej. Ujmując to obrazowo, sir Alec

³ Cyt. za: M. Grzywacz, *Genetyczny odcisk palca*, www.wyborcza.pl/alehistoria.pl [dostęp 2 IX 2013 r.].

Jeffreys potrzebował 100 zł, a nam obecnie wystarczy już ponad 10 tys. razy mniej, tj. nieco mniej niż 1 grosz.

Materiał genetyczny od ofiar, które należy zidentyfikować, pobiera się ze szczątków kostnych: z kości udowej, z paliczków i z zębów (zęby muszą być nienaruszone, nieleczone i nieuszkodzone). W tym materiale poszukuje się pozostałości komórek, w których – jak mamy nadzieję – przetrwał DNA zawarty w dwóch strukturach komórkowych: DNA obecny w jądrze komórkowym (genom jądrowy) i DNA obecny w organellum zwanym mitochondrium (genom mitochondrialny). Myśli się ten, kto sądzi, że w szczątkach kostnych, które kilkadziesiąt lat leżały głęboko w ziemi, zachował się materiał genetyczny w formie – jak to się niekiedy poetycko opisuje – „księgi kodu ludzkiego życia”. To nie tylko nie jest księga ani nawet uporządkowana ryza papieru, lecz raczej są to drobne, krótkie paski zapisanego papieru, które wyszły z niszcarki, z których nie zawsze da się cokolwiek odczytać czyli przekładając to na język genetyki, nie zawsze udaje się uzyskać profil DNA, który byłby wystarczający do porównań z materiałem od krewnych. Ale jeśli, mimo przedstawionych powyżej trudności, uzyskamy już, jak ma to miejsce w zdecydowanej większości przypadków, wiarygodny profil genetyczny ze szczątków, to rodzi się pytanie, którzy krewni ofiary najlepiej nadają się do porównań.

Wróćmy więc teraz do markerów genetycznych, które określają nasz indywidualny osobisty „genetyczny odcisk palca” i jeszcze raz przywołajmy prawa Mendla. Zgodnie z nimi syn dziedziczy od ojca 1/2 jego materiału genetycznego. Jego syn otrzymuje od niego też 1/2 materiału genetycznego, czyli od swojego dziadka (tj. identyfikowanej przez nas ofiary) dostaje już tylko 1/4 jego materiału genetycznego. W przypadku genomu jądrowego najlepszym źródłem materiału porównawczego są więc wyłącznie zstępni i wstępni, czyli rodzice lub dzieci ofiary. Warto w tym miejscu zwrócić uwagę na pewną wyjątkowość chromosomu Y. Kobiety nie mają chromosomu Y, a mężczyźni mają tylko jeden chromosom Y otrzymany od ojca. Tak więc w tzw. męskiej linii dziedziczenia chromosom Y w danej rodzinie będzie przechodził niezmieniony, zachowując te same warianty (allele) markerów genetycznych z pokolenia na pokolenie, z ojca na syna. Będzie więc taki sam nie tylko u ojca i syna, lecz także u braci, braci stryjecznych i innych kuzynów z linii męskiej mających wspólnego przodka. To dzięki materiałowi porównaw-

czemu od syna Krzysztofa zespół PBGOT zidentyfikował pierwszą ofiarę z „Łączki”, por. Edmunda Zbigniewa Bukowskiego. Z kolei ocena DNA mitochondrialnego pozwala na analizę dziedziczenia w linii żeńskiej.

Materiał porównawczy pobiera się w sposób bardzo łatwy. Wystarczy kilka sekund, aby uzyskać go wystarczająco dużo poprzez pobranie wymazu z wewnętrznej strony policzka. Fakt ten jest niezwykle ważny i wymaga szczególnego podkreślenia. Bez materiału porównawczego nawet najbardziej wyrafinowane metody laboratoryjne izolowania DNA ze szczątków kostnych, jego amplifikacji i analizy nie pozwolą na zidentyfikowanie ofiary. Stąd też priorytetem pozostaje gromadzenie materiału porównawczego od żyjących zstępnych, a także – z czym mamy coraz częściej do czynienia – uzyskiwanie zgody dalszych krewnych, których materiał nie wystarcza do identyfikacji, na ekshumowanie i pobieranie materiału genetycznego od rodziców ofiary.

Dlatego raz jeszcze zwracam uwagę na konieczność działania z dwóch stron. Po pierwsze, konieczne jest wdrażanie metod analitycznych, które przełamują kolejne bariery technologiczne w pozyskiwaniu dobrej jakości profili genetycznych ze szczątków ofiar, a po drugie, konieczne jest rozszerzanie bazy materiału porównawczego. Bez materiału porównawczego nawet najlepsze metody identyfikacji genetycznej okażą się nieskuteczne i nie poznamy tożsamości kolejnych bezimiennych pomordowanych ofiar – tych, na których powrót wciąż czekają ich bliscy.

Rozpocząłem wierszem i wierszem zakończę. Wiersz pod tytułem *Guziki* Zbigniew Herbert poświęcił pamięci swojego krewnego, kpt. Edwarda Herberta zamordowanego w Katyniu:

„Tylko guziki nieugięte
przetrwały śmierć świadkowie zbrodni
z głębin wychodzą na powierzchnię
jedyne pomniki na ich grobie
są aby świadczyć [...]”

Nie tylko guziki przetrwały i nie tylko guziki świadczą. Przetrwał i świadczy DNA, w którym zapisana została tożsamość człowieka.