



Epigenetika, azaz a „genetikán túl”

II. rész

Epigenetics or ‘beyond Genetics’ Part II

Petrétei Dávid

Dr., osztályvezető
Nemzeti Szakértői és Kutató Központ
Daktiloszkópai Szakértői Intézet
petreteid@nszkk.gov.hu



Lontai Márton

főigazgató
Nemzeti Szakértői és Kutató Központ
lontaim@nszkk.gov.hu



Pamzsav Horolma

Dr., DSc, igazságügyi genetikus
szakértő
Nemzeti Szakértői és Kutató Központ
pamzsavh@nszkk.gov.hu



Absztrakt

Cél: A kétrészes tanulmány szerzői egy újabban feltörekvő tudományterületet, az epigenetikát ismertetik publikált szakirodalmi adatok alapján, e második részben a forenzikus tudományok – a genetika és a daktiloszkópia – területén elért eredményekkel.

Módszertan: A tanulmány a bőrlécrendszer kialakulásának és a DNS-alapú biológiai életkorbecslésnek epigenetikai alapját szolgáló szakkikkek feldolgozását, azok szintézisét végzi el. Ismerteti továbbá az egyetétjű ikrekre vonatkozó kutatási eredményeket is.

Megállapítások: Meglepően keveset tudunk azokról a tényezőkről, amelyek befolyásolják a bőrfodorszálok által képzett rajzolatot, mintázatot. A rokon személyeknek több hasonló ujjlenyomata van, mint két nem rokon személynek, amely arra utal, hogy a bőrlécrendszer kialakulása genetikai szabályozás alatt áll, továbbá a fodorszálok méretét, alakját és távolságát is genetikai tényezők befolyásolják. A képződési folyamatban apró véletlenszerű események befolyásolják az egyes minúciák kialakulását, melyek tehát epigenetikai hatások. Minden külső és belső környezeti tényező kémiai módosításokat okozhat a génjeinkben és idővel be- vagy kikapcsolja őket. A DNS-metilációs mintázatok alapján meghatározható a biológiai életkor (epigenetikai-óra). Az, hogy epigenetikai szinten hány éves az illető nemcsak az egyén biológiai órájába nyújthat betekintést,

A szerzők a kéziratot magyar nyelven nyújtották be. Benyújtás: 2024. 12. 09. Átdolgozás: 2025. 02. 23.
Elfogadás: 2025. 02. 26.

hanem a jogalkalmazás során is fontos nyomozati adatokat szolgáltathat. Az életkor becslése a forenzikus tudományokban a biológiai profil rekonstrukciójának kritikus aspektusa. Az epigenetikai órák, amelyek az egyének öregedésével hipermetiláción vagy hipometiláción átmenő DNS-helyeket elemzik, az életkor legjobb prediktív modelljei.

Érték: A tanulmány átfogó képet nyújt az epigenetikai öröklődés molekuláris hátteréről a bőrlécrendszer kialakulása és a DNS életkorbecslése tekintetében publikált szakirodalmi tanulmányokon keresztül, továbbá használható javaslatokat kínál az epigenetikai óra lassítása érdekében.

Kulcsszavak: genetika, epigenetika, génkifejeződés, ujjnyomat

Abstract

Aim: The authors of the two-part study describe a recently emerging scientific field, epigenetics, based on published literature data, and in this second part, they present results achieved in the domain of forensic sciences – genetics and ridgeology.

Methodology: The study reviews and synthesizes the articles on the epigenetic basis of fingerprint development and DNA-based biological age estimation. It also describes research results on identical twins.

Findings: Surprisingly little is known about the factors that influence the pattern formed by the dermal ridges. Related individuals have more similar fingerprints than unrelated individuals, suggesting that the formation of dermal ridge system is genetically controlled and that the size, shape, and spacing of the ridges are also influenced by genetic factors. In the formation process, small random events influence the formation of individual minutiae, which are therefore epigenetic effects. All external and internal environmental factors can cause chemical modifications in our genes, turn them on or off over time. DNA methylation patterns can be used to determine biological age (epigenetic clock). Knowing how old someone is at the epigenetic level can not only provide insight into an individual's biological clock but can also provide important investigative data in law enforcement. Age estimation is a critical aspect of reconstructing a biological profile in forensic science. Epigenetic clocks, which analyze DNA sections that undergo hypermethylation or hypomethylation as individuals age, are the best predictive models of age.

Value: The study provides comprehensive findings of the molecular background of epigenetic inheritance through published literature studies on the development of dermal ridges and DNA age estimation and offers actionable suggestions for slowing down the epigenetic clock.

Keywords: genetics, epigenetics, gene expression, ridgeology

*'We're all ghosts. We all carry, inside us,
people who came before us.'*

Liam Callanan, *The Cloud Atlas*.

Tanulmányunk e második felében összefoglaljuk, hogy a bőrfodorszál-mintázatok véletlenszerűen jönnek-e létre, vagy a genetika befolyásolja őket. Továbbá igyekszünk betekintést nyerni az újonnan és gyorsan fejlődő „epigenetikai ujjnyomatok” öröklődési mechanizmusába. Definícióként az egyén epigenetikai ujjnyomata arra az epigenomikai variációra utal, amelyet élete során mindenki tapasztal a környezeti tényezőkre adott élethosszig tartó molekuláris reakciói miatt.

Az emberi bőrlécrendszer kialakulásának genetikai és epigenetikai háttere

Az emberi tenyér és talp felületének bőrfelszínén képzett bőrfodorszálakból és barázdákból álló összefüggő mintázatot bőrlécrendszernek hívjuk. A fodorszálak pontos funkciója máig nem teljesen tisztázott, de bizonyosan növelik a tapintási érzékenységet, valamint a test kapaszkodó- és lépőfelületeinek csúszásmentességét is biztosítják. A fodorszálak a bőr rétegeit egymáshoz kapcsoló csapok, a dermális papillák felszíni leképeződései. A papillák a tenyereken és a talpakon sűrűn helyezkednek el, hogy szorosan egymáshoz kapcsolják a bőr rétegeit, megakadályozva azok egymáshoz képesti elcsúszását.

Az ujjnyomatokat a 19. század vége óta használják megbízható személyazonosításra, mivel a bőrlécrendszerben lévő sajátossági pontok (minúciák) egymáshoz képesti elhelyezkedésének kombinációja olyan rendkívül változatos, hogy gyakorlatilag teljesen egyedinek tekinthető. Ezzel együtt a bőrlécrendszer alapvető mintázatai mégis besorolhatók néhány csoportba: ezek az „ujjnyomat-fajták”, amikből megkülönböztethetünk hármat, mint az amerikai szakértők; kilencet, mint a Galton-Henry osztályozási rendszer; vagy többet-kevesebbet más osztályozási rendszerek alapján.

Máig meglepően keveset tudunk azokról a tényezőkről, amelyek befolyásolják az ember bőrfodorszál-rajzolását. Mint sok más összetett tulajdonság esetében, a tanulmányok azt sugallják, hogy mind a genetikai, mind a környezeti tényezők szerepet játszhatnak a bőrlécrendszer kialakulásában. Elöljáróban még fontosnak tartjuk megjegyezni, hogy az ujjnyomatokkal személyazonosítási, kriminalisztikai és igazságügyi szempontokból a daktiloszkópia foglalkozik, antropológiai és orvostudományi szempontból pedig a dermatoglófia. Bizonyos

betegségek, születési rendellenességek esetében dermatoglífiái jellegzetességek is megfigyelhetők (Alberti et al., 2021; Guardiola-Ripoll et al., 2024).

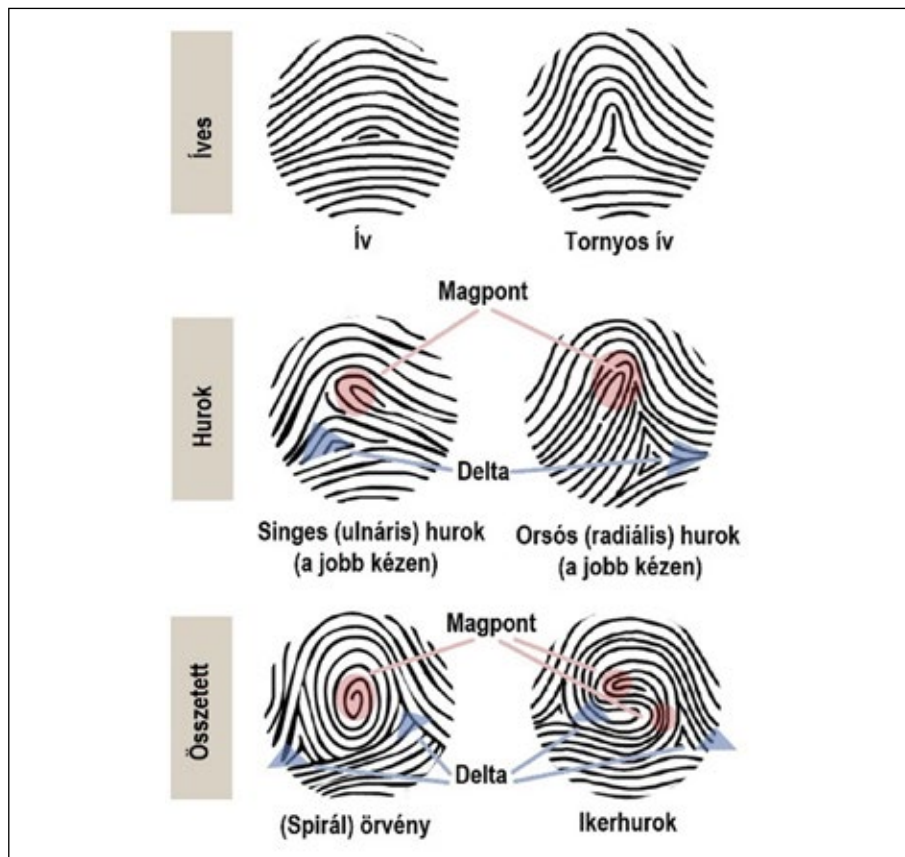
A bőrlécrendszer a születés előtt, a magzati élet 10–24. hetében alakul ki, tehát még az anyaméhben. A magzat tenyerén, talpán, ujjainak tenyér felőli és lábujjainak talp felőli felszínén bőrlécek képződnek, és a hatodik hónapra teljesen kialakulnak. Ezeknek a fodorszálaknak a rajzolata, illetve az azokról rögzített minta a köznyelvben egyaránt ujjnyomatként ismert.

A fodorszálak által megformált rajzolat tulajdonságait, jellemzőit három szintre csoportosíthatjuk (Champod et al., 2016). Az 1. szintű tulajdonságok a minták alapvető típusai vagy fajtái, amik segítségével az ujjnyomatok osztályozhatók és adatbázisba rendezhetők. A 2. szintű tulajdonságok a fodorszálak lefutásának sajátosságai: a végződéses, elágazások, pontok és szigetek, azaz az úgynevezett minúciák. Ezek teszik lehetővé az egyedi személyazonosítást, a minúciák pontos típusa, száma és egymáshoz képesti elhelyezkedése rendkívüli változékonyságot eredményez, már egy-egy kis csoport (például tíz egymás melletti minúcia) esetében is gyakorlatilag egyedinek tekinthető, még az egypetéjű ikrék között is (Irmak, 2010). A 3. szintű tulajdonságok az egyes fodorszálak sajátosságai, például a szélesség, a fodorszál szélének-peremének alaki jellemzői, a pórusok száma, alakja és eloszlása, a lesüllyedt fodorszálak, a ráncok-karcok, hegek és más hasonló jellemzők.

Az 1. szintű tulajdonságok alapján a mintázatok három általános kategóriába sorolhatók: ív, hurok és összetett (1. számú ábra) (Holt, 1968). A mintázatok osztályozásához meg kell határozni két fontos pontot, a magpontot és a deltát. A magpont gyakorlatilag a mintázat középpontja, például ahol a fodorszál visszafordul önmagába. A delta vagy trirádusz az a pont, ahol három fodorszál találkozik (Hawthorne, 2008). A hurok fajtáknak van magpontja és deltája, az összetett fajtáknak egynél több deltája van, az íves fajtáknak nincs se magpontja, se deltája (1. számú ábra).

1. számú ábra

Az ujjnyomat alap mintázatai

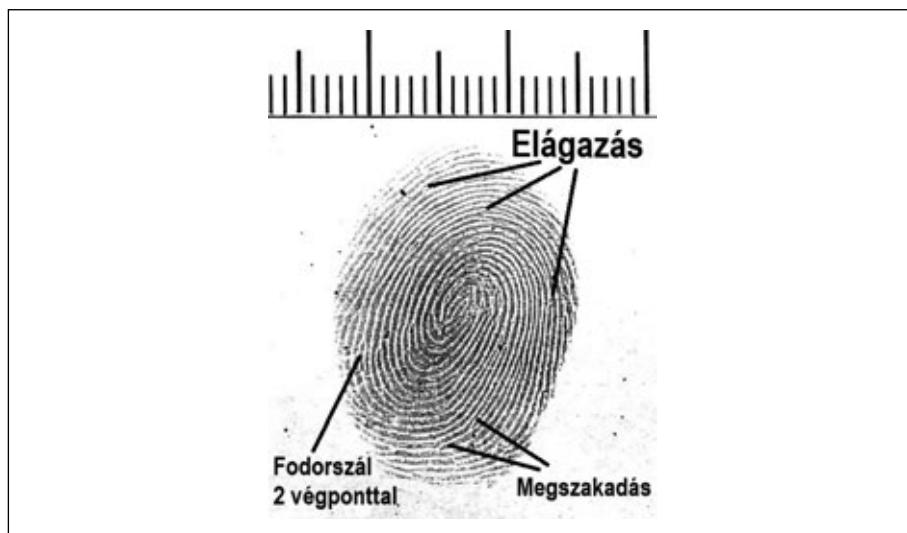


Forrás. A szerzők szerkesztése Li et al. (2022) alapján

A második szintű tulajdonságok lényege, hogy a bőrfodorszál futása nem folyamatos: a fodorszál véget érhet, elágazhat, két fodorszál összefuthat vagy keresztezheti egymást. Ezeket a jellemzőket minúciáknak nevezzük. A legegyszerűbb megközelítésben a minúciáknak két alapvető típusa van, az elágazás és a fodorszál végződés (Champod et al., 2016; Dale, 2004).

2. számú ábra

A minúciák alapvető típusai



Forrás. A szerzők saját szerkesztése.

A két alaptípus összetettebb minúciákat is alkothat. Az 2. számú ábrán a „Fodorszál 2 végponttal” lényegében olyan rövid fodorszál, ami mindkét végén megszakad. Az ennél is rövidebb képződmény a pont. A két egymással szemben álló elágazás úgynevezett szemet alkot, ha közel vannak, és szinte kört formálnak, ha távolabb, akkor a minúcia neve „sziget”. Az elágazások változatai közé tartoznak a horgok is, ahol az elágazó fodorszál nagyon rövid. Elágazások továbbá az összekötő vagy a keresztező fodorszálak is (Ashbaugh, 1999).

A harmadik szintű tulajdonságok, azaz a fodorszálak szélessége, peremük rajzolata, a pórusok alakja, száma és elhelyezkedése, továbbá a ráncok-karcok és redők, lesüllyedt fodorszálak, hegek és bőrhibák kiegészítő információkat jelentenek csupán a gyakorlati szakértői munka során. Bár a legapróbb részletek is fontosak lehetnek a daktiloszkópiában, a 3. szintű tulajdonságokat kevésbé alkalmazzák; a gyakorlatban például a pórusok csak az olyan jó minőségű helyszíni nyomokban láthatók, amik esetében a minúciákra épülő azonosítás is tökéletesen működik. Széles körben elfogadott továbbá az a vélemény, hogy a genetika kisebb szerepet játszik a harmadik szintű sajátosságok kialakulásában (Champod et al., 2016; Dale, 2004).

Az első szintű tulajdonságok alapján a mintázatok mindegyike besorolható a legegyszerűbb, hármas felosztás szerinti kategóriák valamelyikébe, és az

a megállapítás, hogy a vérrokon személyeknek több hasonló fajtájú ujjnyomata van (O'Brien & Murphy, 2020), mint két nem rokon személynek (Hefetz et al., 2022), arra utal, hogy legalább az első szintű tulajdonságok kialakulása genetikai szabályozás alatt áll. Az ábrák méretét, alakját és a fodorszálak távolságát is genetikai tényezők befolyásolják (Garzón-Alvarado & Ramírez Martínez, 2011; Li et al., 2022; Glover et al., 2023). A hivatkozott vizsgálatok azt sugallják, hogy több gén is érintett, így az öröklődési folyamat még mindig nem teljesen világos. A különböző bőrrétegek, valamint a bőr alatti izmok, zsírok és erek fejlődését szabályozó gének mind szerepet játszhatnak a bőrlécmintázatának kialakulásában. A fodorszálak mintázatának finomabb részleteit a magzati fejlődés során más tényezők is befolyásolják, beleértve a méhen belüli környezetet is.

A fejlődési tényezők hatására minden ember fodorszálarajzolata különbözik mindenki másétól. Még az azonos DNS-sel rendelkező egyetértő ikreké is. A legújabb kutatások a „környezeti tényezőket” átkeresztelték epigenetikai hatásokra (Petronis, 2006; Irmak, 2010). Az ikerkutatások mindig is értékes modellként szolgáltak az összetett tulajdonságok genetikai és epigenetikai mechanizmusainak feltárásához, most pedig lehetőséget kínálnak a DNS-metiláció variabilitását és biológiai jelentőségét befolyásoló tényezők feltárására is. Az „ikermódel” kifejezetten lehetővé teszi genetikai, környezeti és életmódbeli tényezők, valamint ezek lehetséges kölcsönhatásainak tanulmányozását az epigenetikai profilokon (Yet et al., 2016).

Az ideális megoldás az egyetértő ikrek (monozigóta – MZ) összehasonlítása az epigenetikai különbségek vizsgálata céljából, mivel azonos genetikai háttérrel (azonos DNS-sel) rendelkező egyedekről van szó. Több tanulmány foglalkozik az MZ-ikrek közötti epigenetikai különbségekkel (Xiang et al., 2017; Van Baak et al., 2018; van Dongen et al., 2021), jóval kevesebb tanulmány található arról, hogy az MZ-ikrek bőrlécrendszerének különbözősége milyen epigenetikai hatásra alakulhat ki (Ho et al., 2016; Walsh et al., 2016). Pedig a különbségek talán legjellegzetesebb példája a különböző fodorszálarajzollal született MZ-ikerpár (3. számú ábra). A legtöbb tanulmány egyetért abban, hogy az MZ-ikrek különböző bőrlécmintázatát környezeti hatások, más szóval az epigenetika okozza. Azonban nem tudják pontosan meghatározni, hogy melyik gén (vagy gének) epigenetikai módosulásai játszanak szerepet a kialakulásukban.

A 3. számú ábrán egyetértő ikertestvérek jobb tenyerének nyomatai láthatók. Rendkívüli hasonlóság figyelhető meg a tenyér méretét és alakját illetően, továbbá a hajlító ráncok iránya, elhelyezkedése és lefutása esetében is. Mindkét jobb tenyérnek csak egy axiális triradiusa vagy carpal deltája van ugyanabban a pozícióban: a tenyér legalsó részén, a thenár és a hipóthenár között. Viszont

örvéymintázat látható az egyik hipóthenáron, és csak egy hurok a másik hipóthenáron. Természetesen a minúciák is teljesen mások.

3. számú ábra

Egyiptetjű ikertestvérek jobb tenyerének nyomatai



Forrás. A szerzők saját felvétele.

Egy tanulmány csaknem háromszáz ikerpár tíz-tíz nyomát hasonlította össze egymással, kitérve az első szintű és második szintű sajátosságokra is. Megállapították, hogy az egyiptetjű ikrek ujjnyomatai is megkülönböztethetők egymástól (hiszen egyediek), ugyanakkor sokkal jobban hasonlítanak egymásra, mint más, véletlenszerűen kiválasztott személy ujjnyomataira. Meglepő lehet viszont az az eredmény, hogy az egyiptetjű ikrek ujjnyomatai nem hasonlítanak egymásra jobban, mint a képtetjű ikrek ujjnyomatai, amik tehát szintén rendkívül hasonlóak (Srihari et al., 2008).

Az egyiptetjű ikrek tehát ugyanazokon, az ujjak és a fodorszájrajzolatok kialakulását szabályozó géneken osztoznak, ezért az MZ-ikrek egyes ujjain a mintázatok fajtái (örvény, hurok vagy ív) jobban hasonlítanak egymásra, mint az általános populáció tagjaira. A fodorszájstruktúra képződése során apró, véletlenszerű események történnek az embrióval, melyek minden ujjbegyet egyedivé tesznek a finom részletekben. A sajátossági pontok kialakulását tehát külső környezeti tényezők is befolyásolják, melyek másképpen megfogalmazva epigenetikai tényezők. Az MZ-ikrek esetében a különbségek abból adódhatnak,

hogyan az egyes ikrek hol helyezkedtek el az anyaméhben a magzati fejlődés során, milyen közel voltak a magzatvízsákhoz, milyen hosszú volt a köldökzsinór, vagy milyen tápanyagokat kaptak. Hatást gyakorolnak továbbá az olyan apró, véletlenszerű események, mint az ujjak mozgása, vagy más környezeti hatások, többek között a magzatvíz sűrűsége vagy nyomása, valamint a magzati véráramlás. Az anyaméhben minden befolyásolhatja a képződés folyamatát, beleértve a magzatok elhelyezkedését és mozgási sémáit is.

Ezek a környezeti tényezők segítenek megmagyarázni, hogy minden egyes ember bőrfodorszál-rajzolata egyedi, még az egypetéjű ikrek esetében is. Míg a fizikai környezetük az anyaméhben azonos, cselekedeteik eltérőek lehetnek. Kezdetben az egyik baba többet mozoghat, mint a másik, vagy összeütközhetnek egymással. Egyes MZ-ikrek osztozhatnak a placentán, ami iker-iker transzfúziós szindrómának nevezett állapotot okozhat, ami azt jelenti, hogy az egyik iker több vért kap, mint a másik. Az egyenlőtlen vérellátás mindkét csecsemő növekedésére, egészségére és valószínűleg bizonyos mértékig a bőrlérendszer fejlődésére is hatással lehet. Azt is fontos megjegyezni, hogy még az egypetéjű ikrek genetikai profiljában is vannak kis eltérések, amely valószínűleg a fejlődésük korai szakaszában következik be, például a sejtosztódás változásai folyamatosan keletkezhetnek.¹ Tehát a fodorszálak kialakulása képződése génjeink és a méhen belüli körülményeink kölcsönhatásának eredménye.

Az „epigenetikai ujjnyomat”

A „DNS ujjnyomat”, azaz a genetikai jellemzőkből képzett egyedi azonosítóra épülő technológia alkalmazása az egypetéjű ikrek megkülönböztetésében mindig is a kutatók tudományos érdeklődésének középpontjában állt. Míg a hagyományos ujjnyomat-azonosítás hatékony eszköz az egypetéjű ikrek megkülönböztetésére, előfordulhatnak olyan helyzetek, amikor a hagyományos ujjnyomok helyszíni hiánya DNS-elemzést igényel a megbízható azonosításhoz. Bár a rutinszerűen használt *Short Tandem Repeat* (STR) profilalkotás (sejtmagi DNS) ebben az esetben nem sokat segít, az MZ-ikrek még mindig megkülönböztethetők az igazságügyi genetika fejlődésének köszönhetően. Az MZ-ikrek megkülönböztetésének módszerei közé tartozik a mitokondriális genom (mtDNS) elemzése, az egynukleotidos polimorfizmus (SNP) profilalkotás, az epigenetikai profilalkotás (DNS-metilációs profilozás), a kópiaszám-variáns (CNV) profilalkotás és az egynukleotid variáns (SNV) vizsgálata hagyományos

1 [URL1](#); [URL2](#); [URL3](#).

szekvenálási módszerrel (Sanger szekvenálás) vagy fejlett módszerrel, mint például teljes genom szekvenálás (WGS vagy NGS) (Kattamreddy, 2023; Hwa et al., 2024; Aourangzaib et al., 2024). A fent felsoroltak közül a továbbiakban az epigenetikai profilalkotást fogjuk tárgyalni.

Az öregedés és DNS életkor epigenetikája

Az öregedés olyan természetes folyamat, amely szinte minden élőlény életének része. (Szinte. A bordás medúza vagy a tengeri dió például kivétel.) Az epigenetika megmutatja, hogy az öregedés sokkal több, mint egyszerűen csak az idő múlása. Az öregedés hátterében olyan „genetikain túli” változások rejlenek, melyek nagyon is befolyásolhatják az öregedési folyamatokat. Az epigenetika azt vizsgálja, hogy életmódunk hogyan befolyásolja génjeink be- és kikapcsolását. Minden külső és belső tényező kémiai módosulásokat okozhat a génjeinkben, idővel be- vagy kikapcsolják azokat.

Környezet, társas kapcsolatok, viselkedési vagy alvási szokások, valamint a minket érő traumák, betegségek, a táplálkozás, a stresszhatás, az élvezeti szerek használata vagy a testmozgás, mind-mind hatnak saját génjeinkre, sőt még utódjaink génjeire is, ahogy a tanulmány előző részében leírtuk. A DNS-metilációs mintázatok alapján meghatározható a biológiai életkor (másképp epigenetikai óra). Ha valakinek kronológiai életkora 35, de anyagszere betegséggel küzd, mint például a 2-es típusú cukorbetegség, a biológiai életkora nagy valószínűséggel legalább tíz évvel több lesz. A kulcs a minket érő külső és belső tényezőkön múlik. Pozitív epigenetikai változásokat jelent a rendszeres testmozgás, a jó minőségű alvás, a tápanyagokban gazdag táplálkozás, a stresszoldó technikák, még a tanulás is, melyek nemcsak lassíthatják az öregedést, hanem vissza is fordíthatják a biológiai órát. Még az élet apró mozzanatait észrevenni és örülni, mint például a napsütésnek, madárcsicsergésnek, egészséges állapotnak, kisgyermek látványának, apró sikereknek, kedveset mondani embertársunknak, segíteni másnak, ezek mind-mind pozitív epigenetikai hatást fejtenek ki. Negatív epigenetikai változások a fent felsoroltak ellentétjei: a mozgáshiány, a krónikus stressz, a cigaretta, az alkohol, a gyógyszerek szedése vagy egyoldalú táplálkozás, morcoság, pesszimista hozzáállás mindenhez, rosszindulat, haragtartás, amelyek a gének átírását vagy azok be- és kikapcsolását megváltoztathatják és ezáltal felgyorsíthatják a biológiai órát. Ezek az érzések is átörökökíthetők, ahogy félelmek átöröklődnek a gyermekekre, sőt még a következő generációk génkifejeződéseiben is szerepet játszik (ahogy azt írtuk is a tanulmány előző részében, az intergenerációs trauma fejezetben). Tehát a génjeink emlékeznek.

Az, hogy epigenetikai szinten hány évesek vagyunk, nemcsak az egyének biológiai órájára enged következtetni, hanem komoly kriminalisztikai jelentősége is lehet. Az életkor becslése a jogalkalmazásban kulcsfontosságú, gondoljunk csak a kiskorúsághoz fűzött anyagi és eljárásjogi következményekre. A kutatók különböző biokémiai folyamatokat vizsgáltak az életkorral való összefüggésükben, és az eredmények a DNS-metilációt mint ígéretes biomarkert emelték ki. A DNS-metilációt mint epigenetikai módosulást az elmúlt években alaposan tanulmányozták életkorbecslési modellek kidolgozása céljából a kriminalisztika és a törvényszéki antropológia területén (Vidaki et al., 2017a; Dias et al., 2022; Naue et al., 2018a). Az epigenetikai órák, amelyek az egyének öregedésével hipermetiláción vagy hipometiláción átmenő DNS-helyeket elemzik, nagyon jó prediktív modellnek bizonyulnak. A DNS-metilációs elemzéshez biomarkerek és módszerek széles skáláját vették fel, amik különböző pontosságot érnek el a minták és sejtípusok között. E fejezetünk megkísérli összefoglalni az elmúlt években megjelent fontosabb szakirodalmat.

Az epigenetikai elváltozások, amilyen például a DNS-metiláció is, az „öregedés fémjeleinek” részét képezik, amelyek az öregedéssel kapcsolatos olyan folyamatokat képviselik, amik a különböző organizmusokban közősek (López-Otín et al., 2013). Eddig az öregedés tizenkét jellemzőjét azonosították (López-Otín et al., 2023), amelyek szorosan összefüggenek egymással, és az összefüggés felismerése javítja az életkor becslését. A telomerhossz-korreláció (Vaiserman & Krasnienkov, 2021), a delécio a mitokondriális genomban (Lujan et al., 2020), az aszparaginsav racemizáció (Zapico & Ubelaker, 2022), a T-sejtek átrendeződése (Mittelbrunn & Kroemer, 2021), a fejlett glikációs végtermékek (AGE-k) felhalmozódása (Zgutka et al., 2023), és az mRNS-profil analízis (Jin et al., 2022) különböző pontosságot mutatott. Ezeknek a módszereknek mindegyike sajátos korlátokkal rendelkezik, ha egymástól függetlenül alkalmazzák. E kihívások leküzdésében a DNS-metiláció ígéretes fémjellé vált az életkor becslésében.

A DNS-metiláció különösen érdekessé válik a forenzikus tudományok számára mind a kriminalisztika, mind a törvényszéki antropológia vonatkozásában. Tipikus kriminalisztikai alkalmazás az egyén jellemzőinek meghatározása a helyszíneken talált biológiai anyagmaradványból, amikor nincs összehasonlítható személyi minta a szóba jöhető személyektől vagy az adatbázisból. Így nincs lehetőség az igazságügyi genetikában tipikus összehasonlító azonosításra, az elemző munka mégis segíthet szűkíteni a gyanúsítottak körét. Ezenkívül a törvényszéki antropológiában az életkor becslése az emberi maradványok azonosítására szolgáló biológiai profil része. Az életkor becslése a forenzikus DNS fenotipizálás (FDP: Forensic DNA Phenotyping) összetevője, amely magában

foglalja a személy külsőleg látható tulajdonságainak (EVC: External Visible Characteristics) meghatározását a megjelenés és a biogeográfiai származás mellett. A példák közé tartozik a szem-, haj-, bőrszín és biogeográfiai származást prediktáló egynukleotidos polimorfizmusok (SNP-k) kiterjedt kutatása (Chaitanya et al., 2018; Schneider et al., 2019), ami a legpontosabb és legszélesebb körben használt kriminalisztikai DNS fenotipizáló módszer lett. A közös SNP-k azonban alkalmatlannak bizonyultak bizonyos egyéni jellemzők becslésére, amelyeket az epigenetika potenciálisan kezelhet. Ezért az elmúlt években a DNS-metilációt a törvényszéki tudományokban tanulmányozták a kronológiai életkor előrejelzésére (Hong et al., 2017; Naue et al., 2018b; Vidaki et al., 2017a), az egyetétjű ikrek megkülönböztetésére (Vidaki et al., 2017b; Vidaki et al., 2018), valamint a szövetek és sejtípusok azonosítására (Lee et al., 2016; Vidaki et al., 2016).

Az azonos génkészlettel rendelkező egyetétjű ikrek megkülönböztetésének területén a hagyományos törvényszéki DNS-profilalkotás nem teszi lehetővé a differenciálást. Mindazonáltal eltérő DNS-metilációs mintákat mutathatnak, amelyeket életmódbeli tényezők befolyásolnak, és új utat kínálnak egyedi azonosításukhoz. Bár a differenciálódás végleges markereit még nem sikerült megállapítani, számos, különböző technológiát alkalmazó tanulmány ígéretes eredményeket mutat (Vidaki & Kayser, 2017; Vidaki et al., 2018).

A genom specifikus CpG (Citozin-foszfát-Guanin) helyei kiválaszthatók az egyén öregedési sebességének mérésére az úgynevezett epigenetikai órák segítségével (Hannum et al., 2013; Horvath et al., 2012; Weidner et al., 2014). Horváth és munkatársai az epigenetikai órát úgy határozták meg, mint „*az életkor becslését években, amely egy matematikai algoritmus eredménye, a genomban lévő specifikus CpG helyek metilációs állapotán alapul*” (Horvath & Raj, 2018). Az epigenetikai óráknak köszönhetően ma már ismert, hogy a DNS metilációs mintázatai jelentős változásokon mennek keresztül gyermekkorban, amit gyors felhalmozódás jellemez, majd felnőttkorban egy stabilizációs fázis követ (Horvath, 2013; Horvath et al., 2012). Ezen túlmenően a biológiai és a kronológiai életkor közötti különbségtétel különösen jelentős ezekben a vizsgálatokban. A kronológiai életkor a születés óta eltelt naptári időre vonatkozik, míg a biológiai életkor egy többértelmű fogalom, amely az öregedési folyamattól függ, főként a környezet és az egyén kapcsolatával és a fenotípusra gyakorolt hatással függ össze. Ezért fiziológiai kornak, szervezeti kornak vagy fenotípusos kornak is nevezik (Horvath et al., 2012). Általában megfigyelhető, hogy különböző tényezők miatt – környezeti hatások, életmód, szokások és betegségek – az egyén biológiai életkora nem egyezik meg kronológiai életkorával (Horvath, 2013; Horvath et al., 2012; Zbiec-Piekarska et al., 2015; Fiorito et al., 2019).

Az ELTE genetikusai a korábbi, az öregedés epigenetikájával és a transzpozonokkal (ugráló gének) kapcsolatos úttörő munkájukra építve, újabb jelentős áttörést értek el az öregedés molekuláris mechanizmusainak megértésében (Sturm et al., 2023). Tanulmányukban egy ez idáig ismeretlen epigenetikai mechanizmust tártak fel a mitokondriális DNS-ben (mtDNS), ami forradalmasíthatja az öregedéskutatást és a diagnosztikát. A kutatócsoport felfedezte, hogy a szervezetek öregedése folyamán az mtDNS-ben egy korábban rejtett DNS-módosulás, az úgynevezett 6-metil adenin (6mA) felhalmozódik. Ebben az esetben nem a citozinra (C), hanem az adeninra (A) kerül rá a metilcsoport. A jelenséget különböző fajoknál is megfigyelték, beleértve a *Caenorhabditis elegans* fonálférget, a *Drosophila melanogaster* gyümölcslegyet (azaz a muslicát), valamint a kutyákat. Ez egy evolúciósan konzervált mechanizmusra, vagyis az evolúció során hosszan megmaradt jelenségre utal az öregedési folyamatban. A kutatás során új mérési módszert kellett fejleszteniük, mivel a rejtett adeninmódosulásokat a citozin metilációjára alkalmazott módszerek nem képesek kimutatni, ezért egy PCR alapú módszert dolgoztak ki, amely lehetővé tette a 6mA-szintek pontos, szekvencia-specifikus kimutatását az mtDNS-ben. Az új módszerrel végzett kutatás kulcsfontosságú megállapítása, hogy a hosszú élettartamú *C. elegans* mutánsok, amelyek kétszer olyan hosszú ideig élnek, mint a vad típusú férgek, fele olyan gyorsan halmozzák fel a 6mA-t, mint normál (vad típusú) társaik. Ez a megfigyelés erősen összekapcsolja az adenin (6mA) felhalmozódásának ütemét az öregedési folyamattal és az élettartam szabályozásával, emlékeztetve a kutatócsoport korábbi eredményeire a transzpozon-aktivitás és az élettartam összefüggéséről. A kutatás azt is feltárta, hogy pontosan mely enzimatisz utvonalak felelősek a metilcsoport (CH_3) adeninhoz adásáért vagy eltávolításáért a mtDNS-ben. A szerzők „élettartam-határvonalnak” nevezték el azt a pontot, ahol egy epigenetikai jelzés a mitokondriális DNS-ben eléri csúcspontját, mielőtt hanyatlani kezdene, jelezve az öregedés azon pontját, amikor a gyors egészségromlás elindul.

A felfedezés újabb kutatásokat indíthat el, amelyek azt vizsgálhatják, hogyan befolyásolják a környezeti tényezők, az életmódbeli változások és a potenciális beavatkozások az mtDNS-ben történő 6mA felhalmozódás ütemét és a transzpozon-aktivitást. (Megjegyzés: minél több metil csoport rakódik rá a DNS-re, annál jobban „kiugrik” a transzpozon a DNS-ből, „beugrik” máshova és elronthatja a gént.) Ezen epigenetikai változások megértése új stratégiákhoz vezethet az egészségesebb öregedés elősegítésében és az egészséges élettartam meghosszabbításában.

A módszer ugyanúgy alkalmas humán biológiai korbecslésre a kriminalisztikai tudományokban, és PCR-alapú, tehát egyszerű módszer, gyors és költséghatékony.

Összefoglalás

Az igazságügyi genetika az utóbbi évek fejlődése során kiterjesztette kutatási irányait a genetikán túli, azaz epigenetikai területekre is. Kétrészes tanulmányunkban ismertettük az epigenetika alapvető fogalmait és összefüggéseit, az intergenerációs traumák jelenségét, az epigenetika jelentőségét a daktiloszkópia, a genetikai fenotipizálás és az életkor-meghatározás terén. Kiemelendő, hogy nemcsak az összehasonlító azonosítás, hanem a tulajdonságok meghatározása is rendkívül fontos lehet a kriminalisztikában. Összefoglaltuk továbbá azokat a jogi és etikai vonatkozásokat, amik e fiatal tudományág aggálymentes műveléséhez szükségesek.

Az epigenetika, különös tekintettel a DNS-metilációra (citozin, illetve adenin), jelenleg kiterjedt kutatási terület. Egyrészt segíti az életkorbecslést igazságügyi szakértői kontextusban, másrészt hozzájárul az öregedéssel, életmóddal és betegségekkel kapcsolatos kutatásokhoz az orvostudományban. Ezen a területen központi kérdés, hogy az epigenom aktívan hozzájárul-e az öregedési folyamatokhoz, vagy maga az öregedés befolyásolja-e az epigenetikai mintázatokat, amely a DNS-metilációhoz vezet életkor markerként. E kérdés megválaszolásához, valamint az epigenetikai órák és az életkorbecslési modellek fejlesztéséhez elengedhetetlen e terület megértésének előmozdítása.

A robusztus és reprodukálható eredmények biztosítása elengedhetetlen a különböző módszerek bűnügyi nyomozásba való integrálásához. A fő cél az, hogy a lehető legkevesebb, de leginformatívabb markert használjunk, így alkalmasabbá téve azokat a törvényszéki felhasználásra. A tárgyalt kihívások ellenére az epigenetika terén az elmúlt években elért figyelemreméltó felfedezések felerősítik a várakozást, hogy a folyamatos kutatások révén a közeljövőben elérhető lesz az életkor előrejelzésének rutinszerű alkalmazása a törvényszéki tudományokban.

Felhasznált irodalom

- Alberti, A., Traebert, J., Traebert, E., Nodari Junior, R. J., & Comim, C. M. (2021). Association between gestational period and obesity in children with the use of dermatoglyphic traits: A preliminary study. *PLOS ONE*, 16(9), e0257153. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0257153>
- Aourangaib, M., Chandra, M., Maham, R., Naz, A., Malathi, H., Qadeer, S., Mateen, R. M., & Parveen, R. (2024). Solving the twin paradox – Forensic strategies to identify the identical twins. *Forensic Science International*, 363, 112205. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2024.112205>
- Ashbaugh, D. R. (1999). *Quantitative-qualitative friction ridge analysis*. CRC Press.

- Chaitanya, L., Breslin, K., Zuñiga, S., Wirken, L., Pośpiech, E., Kukla-Bartoszek, M., Sijen, T., Knijff, P., Liu, F., Branicki, W., Kayser, M., & Walsh, S. (2018). The HirisPlex-S system for eye, hair and skin colour prediction from DNA: Introduction and forensic developmental validation. *Forensic Science International: Genetics*, 35, 123–135. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.04.004>
- Champod, C., Lennard, C. J., Margot, P., & Stoilovic, M. (2016). *Fingerprints and other ridge skin impressions*. CRC Press.
- Dale, C. (2004). *The practice of crime scene investigation*. CRC Press.
- Dias, H. C., Cunha, E., Real, F. C., & Manco, L. (2022). Challenges and (un)certainties for DNAm age estimation in future. *Forensic Sciences*, 2(3), 601–614. <https://doi.org/10.3390/forensicsci2030044>
- Fiorito, G., McCrory, C., Robinson, O., Carmeli, C., Rosales, C. O., Zhang, Y., Colicino, E., Dugué, P. A., Artaud, F., McKay, G. J., Jeong, A., Mishra, P. P., Nøst, T. H., Krogh, V., Panico, S., Sacerdote, C., Tumino, R., Palli, D., Matullo, G., ... Polidoro, S. (2019). Socioeconomic position, lifestyle habits and biomarkers of epigenetic aging: A multi-cohort analysis. *Aging*, 11(7), 2045–2070. <https://doi.org/10.18632/aging.101900>
- Garzón-Alvarado, D. A., & Ramírez Martínez, A. M. (2011). A biochemical hypothesis on the formation of fingerprints using a Turing patterns approach. *Theoretical Biology and Medical Modelling*, 8, 24. <https://doi.org/10.1186/1742-4682-8-24>
- Glover, J. D., Sudderick, Z. R., Shih, B. B., Batho-Samblas, C., Charlton, L., Krause, A. L., Anderson, C., Riddell, J., Balic, A., Li, J. X., Klika, V., Woolley, T. E., Gaffney, E. A., Corsinotti, A., Anderson, R. A., Johnston, L. J., Brown, S. J., Wang, S., Chen, Y. H., Crichton, M. L., & Headon, D. J. (2023). The developmental basis of fingerprint pattern formation and variation. *Cell*, 186(5), 940–956. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2023.01.015>
- Guardiola-Ripoll, M., Sotero-Moreno, A., Chaumette, B., Kebir, O., Hostalet, N., Almodóvar-Payá, C., Moreira, M., Giralt-López, M., Krebs, M.-O., & Fatjó-Vilas, M. (2024). Genetic and neurodevelopmental markers in schizophrenia-spectrum disorders: Analysis of the combined role of the CNR1 gene and dermatoglyphics. *Biomedicines*, 12(10), 2270. <https://doi.org/10.3390/biomedicines12102270>
- Hannum, G., Guinney, J., Zhao, L., Zhang, L., Hughes, G., Sadda, S., Klotzle, B., Bibikova, M., Fan, J. B., Gao, Y., Deconde, R., Chen, M., Rajapakse, I., Friend, S., Ideker, T., & Zhang, K. (2013). Genome-wide methylation profiles reveal quantitative views of human aging rates. *Molecular Cell*, 49(2), 359–367. <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2012.10.016>
- Hawthorne, M. R. (2008). Fingerprint pattern types and associated terminology. In *Fingerprints* (pp. 27–54). CRC Press.
- Hefetz, I., Pasternak, Z., Liptz, Y., & Bet-Yosef, M. (2022). Preliminary investigation of the ability of fingerprint examiners in detection of sib-sib relationships based upon finger and palm prints similarities. *Forensic Science International*, 337, 111381. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2022.111381>

- Ho, Y. Y. W., Evans, D. M., Montgomery, G. W., Henders, A. K., Kemp, J. P., Timpson, N. J., St Pourcain, B., Heath, A. C., Madden, P. A. F., Loesch, D. Z., McNevin, D., Daniel, R., Davey-Smith, G., Martin, N. G., & Medland, S. E. (2016). Common genetic variants influence whorls in fingerprint patterns. *Journal of Investigative Dermatology*, 136(4), 859–862. <https://doi.org/10.1016/j.jid.2015.10.062>
- Holt, S. B. (1968). *The genetics of dermal ridges*. Charles C Thomas.
- Hong, S. R., Jung, S. E., Lee, E. H., Shin, K. J., Yang, W. I., & Lee, H. Y. (2017). DNA methylation-based age prediction from saliva: High age predictability by combination of 7 CpG markers. *Forensic Science International: Genetics*, 29, 118–125. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.04.006>
- Horvath, S. (2013). DNA methylation age of human tissues and cell types. *Genome Biology*, 14(10), R115. <https://doi.org/10.1186/gb-2013-14-10-r115>
- Horvath, S., & Raj, K. (2018). DNA methylation-based biomarkers and the epigenetic clock theory of ageing. *Nature Reviews Genetics*, 19(6), 371–384. <https://doi.org/10.1038/s41576-018-0004-3>
- Horvath, S., Zhang, Y., Langfelder, P., Kahn, R. S., Boks, M. P. M., van Eijk, K., van den Berg, L. H., & Ophoff, R. A. (2012). Aging effects on DNA methylation modules in human brain and blood tissue. *Genome Biology*, 13(10), R97. <https://doi.org/10.1186/gb-2012-13-10-r97>
- Hwa, H. L., Lin, C. Y., Yu, Y. J., Linacre, A., & Lee, J. C. I. (2024). DNA identification of monozygotic twins. *Forensic Science International: Genetics*, 69, Article 102998. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2023.102998>
- Irmak, M. K. (2010). Multifunctional Merkel cells: Their roles in electromagnetic reception, finger-print formation, Reiki, epigenetic inheritance and hair form. *Medical Hypotheses*, 75(2), 162–168. <https://doi.org/10.1016/j.mehy.2010.02.011>
- Jin, X., Ren, Z., Zhang, H., Wang, Q., Liu, Y., Ji, J., & Huang, J. (2022). Systematic selection of age-associated mRNA markers and the development of predicted models for forensic age inference by three machine learning methods. *Frontiers in Genetics*, 13, Article 924408. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.924408>
- Kattamreddy, A. R. (2023). Cracking the code: Can forensic genetics distinguish identical twins? A technical perspective. *Sri Lanka Journal of Forensic Medicine, Science & Law*, 14(2), 46–51. <https://doi.org/10.4038/sljfmsl.v14i2.7938>
- Lee, H. Y., Jung, S. E., Lee, E. H., Yang, W. I., & Shin, K. J. (2016). DNA methylation profiling for a confirmatory test for blood, saliva, semen, vaginal fluid and menstrual blood. *Forensic Science International: Genetics*, 24, 75–82. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2016.06.007>
- Li, J., Glover, J. D., Zhang, H., Peng, M., Tan, J., Mallick, C. B., Hou, D., Yang, Y., Wu, S., Liu, Y., Peng, Q., Zheng, S. C., Crosse, E. I., Medvinsky, A., Anderson, R. A., Brown, H., Yuan, Z., Zhou, S., Xu, Y., Kemp, J. P., ... Wang, S. (2022). Limb development genes underlie variation in human fingerprint patterns. *Cell*, 185(1), 95–112.e18. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.12.008>
- López-Otín, C., Blasco, M. A., Partridge, L., Serrano, M., & Kroemer, G. (2013). The hallmarks of aging. *Cell*, 153(6), 1194–1217. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2013.05.039>

- López-Otín, C., Blasco, M. A., Partridge, L., Serrano, M., & Kroemer, G. (2023). Hallmarks of aging: An expanding universe. *Cell*, 186(2), 243–278. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.11.001>
- Lujan, S. A., Longley, M. J., Humble, M. H., Lavender, C. A., Burkholder, A., Blakely, E. L., Alston, C. L., Gorman, G. S., Turnbull, D. M., McFarland, R., Taylor, R. W., Kunkel, T. A., & Copeland, W. C. (2020). Ultrasensitive deletion detection links mitochondrial DNA replication, disease, and aging. *Genome Biology*, 21, 248. <https://doi.org/10.1186/s13059-020-02138-5>
- Mittelbrunn, M., & Kroemer, G. (2021). Hallmarks of T cell aging. *Nature Immunology*, 22(6), 687–698. <https://doi.org/10.1038/s41590-021-00927-z>
- Naue, J., Hoefsloot, H. C. J., Kloosterman, A. D., & Verschure, P. J. (2018a). Forensic DNA methylation profiling from minimal traces: How low can we go? *Forensic Science International: Genetics*, 33, 17–23. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.11.004>
- Naue, J., Sängler, T., Hoefsloot, H. C. J., Lutz-Bonengel, S., Kloosterman, A. D., & Verschure, P. J. (2018b). Proof of concept study of age-dependent DNA methylation markers across different tissues by massive parallel sequencing. *Forensic Science International: Genetics*, 36, 152–159. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.07.007>
- O'Brien, G., & Murphy, K. (2020). Fingerprint patterns through genetics. *Journal of Emerging Investigators*, 2, Article 20-012. <https://doi.org/10.59720/20-012>
- Petronis, A. (2006). Epigenetics and twins: Three variations on the theme. *Trends in Genetics*, 22(7), 347–350. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2006.04.010>
- Schneider, P. M., Prainsack, B., & Kayser, M. (2019). The use of forensic DNA phenotyping in predicting appearance and biogeographic ancestry. *Deutsches Ärzteblatt International*, 116(51–52), 873–880. <https://doi.org/10.3238/arztebl.2019.0873>
- Srihari, S. N., Srinivasan, H., & Fang, G. (2008). Discriminability of fingerprints of twins. *Journal of Forensic Identification*, 58(1), 109–127.
- Sturm, Á., Sharma, H., Bodnár, F., Aslam, M., Kovács, T., Németh, Á., Hotzi, B., Billes, V., Sigmond, T., Tátrai, K., Egyed, B., Téglás-Huszár, B., Schlosser, G., Charmpilas, N., Ploumi, C., Perczel, A., Tavernarakis, N., & Vellai, T. (2023). N6-Methyladenine progressively accumulates in mitochondrial DNA during aging. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(19), 14858. <https://doi.org/10.3390/ijms241914858>
- Vaiserman, A., & Krasnienkov, D. (2021). Telomere length as a marker of biological age: State-of-the-art, open issues, and future perspectives. *Frontiers in Genetics*, 11, Article 630186. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.630186>
- Van Baak, T. E., Coarfa, C., Dugué, P.-A., Fiorito, G., Laritsky, E., Baker, M. S., Kessler, N. J., Dong, J., Duryea, J. D., Silver, M. J., Saffari, A., Prentice, A. M., Moore, S. E., Ghantous, A., Routledge, M. N., Gong, Y. Y., Herceg, Z., Vineis, P., Severi, G., ... Waterland, R. A. (2018). Epigenetic supersimilarity of monozygotic twin pairs. *Genome Biology*, 19(1), 2. <https://doi.org/10.1186/s13059-017-1374-0>
- van Dongen, J., Gordon, S. D., McRae, A. F., Odintsova, V. V., Mbarek, H., Breeze, C. E., Sugden, K., Lundgren, S., Castillo-Fernandez, J. E., Hannon, E., Moffitt, T. E., Hagenbeek, F. A.,

- van Beijsterveldt, C. E. M., Hottenga, J. J., Tsai, P.-C., Min, J. L., Hemani, G., Ehli, E. A., Paul, F., ... Boomsma, D. I. (2021). Identical twins carry a persistent epigenetic signature of early genome programming. *Nature Communications*, 12(1), 5618. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-25583-7>
- Vidaki, A., & Kayser, M. (2017). From forensic epigenetics to forensic epigenomics: Broadening DNA investigative intelligence. *Genome Biology*, 18, Article 238. <https://doi.org/10.1186/s13059-017-1373-1>
- Vidaki, A., Ballard, D., Aliferi, A., Miller, T. H., Barron, L. P., & Syndercombe Court, D. (2017a). DNA methylation-based forensic age prediction using artificial neural networks and next generation sequencing. *Forensic Science International: Genetics*, 28, 225–236. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.02.009>
- Vidaki, A., Díez López, C., Carnero-Montoro, E., Ralf, A., Ward, K., Spector, T., Bell, J. T., & Kayser, M. (2017b). Epigenetic discrimination of identical twins from blood under the forensic scenario. *Forensic Science International: Genetics*, 31, 67–80. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.07.014>
- Vidaki, A., Giangasparo, F., & Syndercombe Court, D. (2016). Discovery of potential DNA methylation markers for forensic tissue identification using bisulphite pyrosequencing. *Electrophoresis*, 37(21), 2767–2779. <https://doi.org/10.1002/elps.201600261>
- Vidaki, A., Kalamara, V., Carnero-Montoro, E., Spector, T. D., Bell, J. T., & Kayser, M. (2018). Investigating the epigenetic discrimination of identical twins using buccal swabs, saliva, and cigarette butts in the forensic setting. *Genes*, 9(5), Article 252. <https://doi.org/10.3390/genes9050252>
- Walsh, S., Pośpiech, E., & Branicki, W. (2016). Hot on the trail of genes that shape our fingerprints. *Journal of Investigative Dermatology*, 136(4), 740–742. <https://doi.org/10.1016/j.jid.2015.12.044>
- Weidner, C. I., Lin, Q., Koch, C. M., Eisele, L., Beier, F., Ziegler, P., Bauerschlag, D. O., Jöckel, K. H., Erbel, R., Mühleisen, T. W., Zenke, M., Brümmendorf, T. H., & Wagner, W. (2014). Aging of blood can be tracked by DNA methylation changes at just three CpG sites. *Genome Biology*, 15(2), R24. <https://doi.org/10.1186/gb-2014-15-2-r24>
- Xiang, Z., Yang, Y., Chang, C., & Lu, Q. (2017). The epigenetic mechanism for discordance of autoimmunity in monozygotic twins. *Journal of Autoimmunity*, 83, 43–50. <https://doi.org/10.1016/j.jaut.2017.04.003>
- Yet, I., Tsai, P. C., Castillo-Fernandez, J. E., Carnero-Montoro, E., & Bell, J. T. (2016). Genetic and environmental impacts on DNA methylation levels in twins. *Epigenomics*, 8(1), 105–117. <https://doi.org/10.2217/epi.15.90>
- Zapico, S. C., & Ubelaker, D. H. (2022). Application of aspartic acid racemization for age estimation in a Spanish sample. *Biology (Basel)*, 11(6), Article 856. <https://doi.org/10.3390/biology11060856>

- Zbiec-Piekarska, R., Spólnicka, M., Kupiec, T., Parys-Proszek, A., Makowska, Ż., Pałeczka, A., Kucharczyk, K., Płoski, R., & Branicki, W. (2015). Development of a forensically useful age prediction method based on DNA methylation analysis. *Forensic Science International: Genetics*, 17, 173–179. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.05.001>
- Zgutka, K., Tkacz, M., Tomasiak, P., & Tarnowski, M. (2023). A role for advanced glycation end products in molecular ageing. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(12), Article 9881. <https://doi.org/10.3390/ijms24129881>

A cikkben szereplő online hivatkozások

- URL1: Article discussing whether identical twins have the same fingerprints. www.healthline.com/health/do-identical-twins-have-the-same-fingerprints#forming-fingerprints
- URL2: Educational resource on the genetic and environmental factors influencing fingerprints. <https://medlineplus.gov/genetics/understanding/traits/fingerprints/>
- URL3: UMBC article explaining the development of individual fingerprints and their uniqueness. <https://umbc.edu/stories/how-did-i-get-my-own-unique-set-of-fingerprints/>

A cikk APA szabály szerinti hivatkozása

- Petrétei D., Lontai M., & Pamzsav H. (2025). Epigenetika, azaz a „genetikán túl” – II. rész. *Belügyi Szemle*, 73(8), 1617–1635. <https://doi.org/10.38146/BSZ-AJIA.2025.v73.i8.pp1617-1635>

Nyilatkozatok

Összeférhetetlenség

A szerzők nem jelentettek összeférhetetlenséget.

Finanszírozás

A szerzők nem kaptak pénzügyi támogatást a kutatáshoz, a szerzőséghez és/vagy a cikk publikálásához.

Etikai nyilatkozat

Jelen cikkhez nem kapcsolódik adatkészlet.

Nyílt hozzáférésről szóló tájékoztatás

Jelen cikk a Creative Commons Attribution 4.0 International License (CC BY NC-ND 2.0) (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/2.0/>) feltételei szerint publikált Open Access közlemény, melynek szellemében a cikk bármilyen médiumban szabadon felhasználható, megosztható és újraközölhető, feltéve, hogy az eredeti szerző és a közlés helye, illetve a CC License linkje feltüntetésre kerülnek.

Levelező szerző

A cikk levelező szerzője Pamzsav Horolma, aki a pamzsavh@nszkk.gov.hu e-mail címen érhető el.