

**Pádár Zsolt - Kovács Gábor - Nogel Mónika -
Czebe András - Zenke Petra - Kozma Zsolt**

**Genetika és bűnüldözés – Az igazságügyi
célú DNS-vizsgálatok első negyedszázada
Magyarországon I.¹**

**Genetics and Law Enforcement - The First Quarter of a Century
of Forensic DNA-testing in Hungary I.**

Absztrakt

A kriminalisztikai célú DNS-vizsgálat mára a bűnüldözés egyik legfontosabb eszköze lett. Szakszerű alkalmazásával fontos információkat szolgáltat a bűncselekmény elkövetőjéről. Hazánkban az 1990-es években kezdődött meg a forenzikus DNS-vizsgálat. A közlemény célja ennek az eseménydús időszaknak a bemutatása. A tanulmány terjedelmi okokból két részben jelenik meg. Az első rész a legfontosabb ügyeket, a technológiai fejlődést mutatja be.

Kulcsszavak: kriminalisztikai célú DNS-vizsgálatok, DNS, igazságügyi genetika

Abstract

DNA profiling has become one of the most important and significant tools of criminal investigation. By proper use critical and decisive information can be provided about a perpetrator. Usage of DNA test results for forensic purposes began the 1990's in Hungary. The aim of this study is to provide an overview of this eventful period. Due to its extent the paper is published in two parts. This first part presents the most important cases and the development of the technology.

Keywords: forensic DNA, DNA, forensic genetics

¹ A tanulmány a „Felsőoktatási és Ipari Együttműködési Központ a Széchenyi István Egyetemen - GI-NOP-2.3.4-15-2016-00003 projekt Kriminalisztika alprojekt” c. kutatás eredményeit használta fel. A tanulmány második része a Belügyi Szemle 2019/12. számában jelenik meg.

Bevezetés

Hazánkban negyedszázada kezdődött meg a kriminalisztikai célú DNS-vizsgálat. Ez a tény már önmagában is indokolja a visszatekintést, hiszen a kriminalisztikát és a büntető igazságszolgáltatást alapjaiban megváltoztató eljárás hazai mérföldköveinek áttekintő feldolgozásával mindezidáig adós maradt a tudomány. Ezért a közlemény szerzői arra vállalkoztak, hogy egy összefoglaló tanulmány keretében esettanulmányokkal követik végig a felvetődő újabb és újabb szakkérdéseket, elemzik a DNS-vizsgálatok technikai fejlődését, az elmúlt negyedszázad kihívásait, megoldásait és a jogi környezet változását.

Melyik volt az első hazai ügy? Mi is történt az elmúlt időszakban? Hogyan változtak a módszerek, és hogyan változtak a kriminalisztikai problémák? Milyen kérdéseket kellett megválaszolni a szakértőknek, és ehhez milyen módszereket alkalmaztak? A szerzők az egyes mérföldköveket, a forenzikus DNS-vizsgálatok fejlődését és hosszmetzeti elemzését egy-egy eset ismertetésével vezetik be. Ezek az ügyek nemcsak a DNS-vizsgálatok, de a hazai kriminalisztika mérföldkövei is, mivel mindegyik eset a felvetett szakkérdés, a vizsgálati módszer, illetve a megoldás tekintetében is a DNS-vizsgálatok hazánkban elsőként alkalmazott új módszereit írja le. Tehát valamennyi eset az adott módszer magyarországi első alkalmazásának bizonyítéka.

Az igazságügyi genetika az ezredforduló óta önálló tudományterületként működik és használja fel a genetika – például molekuláris genetika – módszereit, tudományos eredményeit. Önálló voltát támasztja alá az is, hogy igazságügyi genetikai kutatások a genetika más területére vonatkozó eredményeket is szolgáltathatnak (például a DNS polimorfizmusok molekuláris struktúrája, új szekvencia adatok, populációgenetikai értékek, jellemzők stb.). Törvényszéki aspektusból a természettudomány – a genetika – csak eszköz, amelynek segítségével a kriminalisztikai hipotézisek megerősíthetők, avagy elvethetők. (Pádár, 2006) A tudományterület önállósodása – más, korábban határ- vagy multidiszciplináris tudományágak evolúciójával analóg módon – bizonyos tudományos koncepciók, besorolások és dogmák megváltozásával járt. Habár a változások érvényre jutása eltérő lehet, napjainkra az igazságügyi genetika, mint az alkalmazott tudományok autonóm tudományterülete szinte minden országban az igazságszolgáltatás részévé vált (Brinkmann és tsaiés tsai., 2003), és számos vonatkozásában kiszélesítette a bűncselekmények felderítésének és bizonyításának lehetőségét. Helyszíni biológiai anyagmaradványok faji-, egyedi (személyi) eredetének meghatározása, helyszín-helyszín kapcsolatának vizsgálata, ismeretlen személyazonosságú holttestek, maradványok azonosítása, leszármazási viszonyok elemzése mellett polgári jogi (például apasági teszt), történelmi,

kegyeleti (például sir, tömegsír) vizsgálatok céljára használható fel. A technológia fejlődésével további lehetőségek körvonalazódnak a gyanúsított által hátrahagyott anyagmaradványból, akár egyetlen sejtjéből (Oorschot és tsai., 1997), a külső, megnyilvánuló tulajdonságainak (haj- és szemszín stb.) kiderítésére, a megállapított adatok informatikai alapon történő rendszerezésére, adatbázissá szervezésére, a nem emberi eredetű anyagok azonosítására. Ezek az eredmények nemcsak a bűnüldözésben hasznosulhatnak, hiszen a média felelős partnerségével, valamint az ismeretterjesztés korszerű módjainak felhasználásával generációkat átfogó, széleskörű társadalmi tudatosulást, a bűnözéssel szembeni visszatartó erőt indukálhat, ezzel is segítve a társadalom bűnmegelőzési stratégiáját. (Jerry és tsai.és tsai., 1998)

A kriminalisztikai célú DNS-vizsgálat tehát mára a bűnüldözés egyik legfontosabb eszköze lett. Szakszerű alkalmazásával fontos információkat szolgáltat a bűncselekmény elkövetőjéről. Ahhoz, hogy a DNS-vizsgálat adta korszerű lehetőségeket kiaknázhassuk szükséges, hogy a büntetőeljárás garanciái maradéktalanul érvényesüljenek a minták összegyűjtése, a vizsgálat, az eredmények kiértékelése (következtetés), az adattovábbítás és az adatcsere során. A vizsgálat eredményein nyugvó szakértői vélemény hitelt érdemlőségét ugyanis – egyéb követelmények mellett – a DNS-profil meghatározásra alkalmas anyagmaradvány rögzítésének és a DNS-profil meghatározásának szakmai-módszertani követelményeinek betartása biztosítja, márpedig az államok közötti bűnügyi információáramlás egyik kulcskérdése, hogy az adat forrása – a szakvélemény – hitelt érdemlő legyen. (Nogel, 2018)

Esettanulmányok

A korábban említett és alább ismertetett esttanulmányokra a későbbiek során több helyen is hivatkozunk, illetve visszautalunk közleményünkben, mivel némelyik több témát is érintően sajtószerű vagy kiemelkedő mérföldkövek tekinthető.

Az első – Szerológia vagy DNS?

1992. szeptember 22.: A Debreceni Egyetem főépülete mellett egy etióp származású orvostanhallgató nő holttestét találták meg. A holttest vizsgálatát követően megállapítást nyert, hogy halálát több, feltehetően késsel történt szúrás okozta. A helyszíni szemle során a helyszínről cigarettavégeket, majd a gyanúsított, szintén etióp állampolgárságú egyetemi hallgató szobájából kést, ruhaneműket, valamint szék-ülőrészt foglaltak le. A lefoglalt bűnjeltárgyak egy részén vér-

gyanús szennyeződések voltak. A vérszennyeződések és a sértett vérmintájának összehasonlítására² az eljáró hatóság a Belügyminisztérium Bűnügyi Szakértői és Kutatóintézet szerológus³ szakértőjét rendelte ki. Az ügyben készült szakértői vélemények immár nemcsak a hagyományos szerológiai markereket tartalmazták, hanem Magyarországon először – az 1993 őszén kiadott kiegészítő véleménnyel – a DNS-molekula közvetlen vizsgálatán alapuló, úgynevezett szekvencia- (HLADQA) és hosszpolimorf markerek (D1S80 és ApoB lokuszok) vizsgálati eredményét is. (Pádár és tsai., 1993; Pádár, 2005)

A második – Mitokondriális DNS-vizsgálat, hazánkban először

1993. június 9.: Egy fiatal lány az esti órákban futni indult Nyíregyházán a sós-tói erdőbe. Megbeszélte találkozájára azonban nem került sor, a lány hollétéről hosszabb ideig nem volt információ. Hónapokkal később részlegesen mumifikálódott nő maradványaira bukkannak az erdőben és azt feltételezték, hogy az eltűnt lány tetemére találtak rá. Az eljáró hatóság emberölés gyanúja miatti eljárásban a boncolás során biztosított légyszövet- illetve csontmaradványokból és a két feltételezett szülő vérmintájából szerológiai vizsgálatot rendelt el. A holttestből biztosított minták szerológiai vizsgálata nem járt eredménnyel. A mintákból kivont DNS-ből manuális eljárással szekvencia-polimorf (HLADQA), VNTR (D1S80) és STR (HUMTHO1 és HUMVWA) markerek (lokuszok) vizsgálata történt, a genotípusok a biológiai anyaság, illetve apaság szempontjából statisztikailag is jellemezhetőek voltak. A kalkulált valószínűség a feltételezett apaság vonatkozásában kb. 99,31%, a feltételezett anyaság vonatkozásában kb. 99,28% volt. Az eljáró bíróság az értékeket nem tartotta a bizonyossággal felérőnek, ezért Magyarországon először, az anyai leszármazás vizsgálatára mitokondriális DNS-analízisre került sor. A vizsgálatokban a hazai technikai feltételrendszer hiányosságai miatt a római Università Cattolica del Sacro Cuore kooperált. Az 1996 tavaszán elkészült szakértői vélemény a csontmaradványból és a feltételezett anya mintájából a mitokondriális DNS variábilis szakaszának egyezését állapította meg. Az egyezésre valószínűségi statisztika még nem állt rendelkezésre, a szükséges adatok csak évek múlva váltak elérhetővé. (Egyed és tsai., 2004)

2 Kérdésként merült fel a vérszennyeződés szöveti eredetének megállapítása is, de az akkor még – a ma már elérhető state of the art technológia hiányában – nem volt megválaszolható.

3 Az igazságügyi szerológia az igazságügyi genetikai szakterületi előzménye. A biológiai minták azonosításához a vér- és szérumszövetek, szöveti antigének (HLA), fehérjék és izoenzimek vizsgálati módszereit használta fel. (Rex-Kiss és tsai., 1971)

A harmadik – Ember, vagy állat?

2000. március 19.: Budapest egyik sporttelepén egy fiúgyermek félig lemeztelenített holttestét találták meg. A holttesten kiterjedt, roncsolt sérülések voltak. A helyszíni szemle, a vallomások és az elsődleges orvosszakértői vizsgálatok alapján indított nyomozással ellentétben – mely különös kegyetlenséggel elkövetett, szexuális motivációjú emberölést valószínűsített –, a brutális szatír hipotézisét az állatorvos bevonásával történő későbbi, bonctermi vizsgálat kutyák általi támadásként interpretálja. Az eljáró hatóság genetikai vizsgálatot rendelt el, melyet – Magyarországon először –, a feltételezett elkövető egyedek (kutyák) és a bűnjeleken esetlegesen fellelhető, kutya eredetű biológiai anyagmaradványok vizsgálatára, egyedi azonosítására terjesztett ki. A genetikai szakértői vélemény a szőrszalak, nyál- és vérfoltok kutya-specifikus STR markerekkel végzett analízisével, illetve a sértett halálos sérüléseit okozó két kutya azonosításával a gondatlanságból elkövetett emberölést támasztotta alá (Pádár és tsai., 2002).

A negyedik – Nyomozás vagy bizonyítás?

2008. július 21.: Kora hajnalban Galgagyörkön egy ismeretlen tettes több lövést adott le családi házakra. A helyszínről biztosított lőszerhüvelyeken található biológiai anyagmaradványok azonosítására az eljáró hatóság genetikai vizsgálatot rendelt el. Ezzel kezdetét vette az a folyamat, melynek során a szakértői vizsgálat több, eleinte egymástól függetlenül feltételezett bűntett helyszínéről biztosított bűnjelre és biológiai anyagmaradványra terjed ki. A különböző helyszínekről származó kevert genetikai profilok és a kiegészítő férfiági leszármazási markerek együttes szakértői értékelése Magyarországon először adott hatékony támogatást, illetve később bizonyítási eszközt rokonságban álló személyek által, csoportosan és sorozatban elkövetett cselekmények (esetünkben rémtettek – közismerten romagyilkosságok) felderítésében. (URL1)

Az ötödik – Nyomozás adatbázis nélkül

2008. november 22.: Félig lemeztelenített fiatal lány holttestére találtak rá Kiskunlacháza egyik erdős belterületén. A halál oka fulladás, a boncolás eredménye alapján erőszakos közöset valószínűsítettek. Az eljáró hatóság genetikai vizsgálatot rendelt el, amely a helyszínről, illetve a sértettől biztosított tárgyak, ruházat, valamint biológiai anyagmaradványok vizsgálatára terjedt ki. A genetikai profil meghatározása férfiági leszármazási markerek vizsgálatával egészült ki, amely Magyarországon először, a gyanúsítottak tömeges szűrővizsgálatá-

val párosult. Az elkövető genetikai azonosítása a változó nyomozati verziók mellett sikerrel járt, a vizsgálatok időigénye miatt közel fél év elteltével hozott eredményt. (Török, 2010)

A hatodik – Nyomozás az adatbázisban

2013. szeptember 26.: Budapest egyik erdős belterületén lemeztelenített nő holttestére találtak. A helyszín vizsgálata alapján szexuális célú bántalmazást valószínűsítettek, a sértett halálának oka zsinogelés, fulladás volt. Az eljáró hatóság genetikai vizsgálatot rendelt el, mely a helyszíni szemlén rögzített zsinogdarabokra, a környezeti növényzeten észlelt vérszennyeződésekre, a sértett testéről biztosított törletekre, a sértetti telefontokra, illetve a biológiai anyagmaradványok autoszómás- és Y-kromoszómás markereinek meghatározására terjedt ki. A férfiági leszármazási markerek vizsgálatával kombinált genetikai profil meghatározás Magyarországon először, a bűnügyi DNS nyilvántartás és rokonsági kapcsolatok számszerű valószínűsítésének összekapcsolásával segítette a nyomozást. (Klinga és tsai., 2016)

A hetedik – Ez állati

2016. március 31.: Egy természetvédelmi őr telefonon bejelentést tett, hogy aznap reggel Sellyén a villanyoszlopon levő fészékben lelőttek egy fokozottan védett fehér gólyát. A szemle során mintavételi pálcával vérgyanús szennyeződések rögzítettek. Öt nappal később a kisváros erdős külterületén elrejtett, műanyag zsákba csomagolt, lefejezett gólya tetemre bukkantak. Az eljáró hatóság genetikai vizsgálatot rendelt el, mely Magyarországon először, fokozottan védett élő szervezet egyedére elkövetett természetkárosítás büntetében az igazságügyi genetikai vizsgálatokat vadvilági eredetű biológiai anyagmaradványok azonosítására terjesztette ki. (Zenke és tsai., 2019)

Napjainkban az – eltérő, esetenként ellentmondó jogi környezet mellett is – a nemzetközi tendencia, hogy részben a bűnözési gyakorlat, a bűnözői kreativitás, esetleg a pereskedési hajlam megváltozásának köszönhetően a törvényszéki eljárásokba különböző tudományterületek, szakterületek, foglalkozások vagy művészeti ágak képviselőit egyre gyakrabban vonják be. A szigorúan tudományos megközelítéseken és a fogalmi jelentések tisztázásán túlmenően azonban az is lényeges kérdés, hogy a különféle tudományterületek miképpen integrálhatók hatékonyan a jogalkalmazás vagy a bűnügyi nyomozás szolgálatába. A genetikát – az informatika mellett – sokan a 21. század tudományának tartják, ezeken a területeken az új ismeretek megjelenése még a laikusok számára is

érzékeltetően felgyorsult. A molekuláris genetika számos élőlény genomiális DNS-szekvenciáját tárta, illetve tárja fel, amit jelenleg egyetlen, megfelelően felszerelt laboratórium napokon belül képes teljesíteni. Mindez teret enged a nem emberi eredetű biológiai anyagmaradványok igazságügyi elemzésének is. A korábban különböző tudományterületek határmezsgyéjén kialakuló, DNS alapú azonosítással foglalkozó igazságügyi genetika napjainkban önálló tudományterületként a bűnüldözés és az igazságszolgáltatás integráns részét képezi, egyúttal mélyreható változásokat is indukált a bűnügyi tudományok terén. (Bell és tsai., 2018) Megfelelő módon elvégzett vizsgálatainak nemzetközileg is elfogadható bizonyítékként szolgálják szinte minden ország egyébként önálló büntetőeljárás szabályrendszerét, számos vonatkozásban kiszélesítve a bűncselekmények felderítésének és bizonyításának lehetőségét (Pádár és tsaiés tsai., 2001a). Fenti esetek a komplexitás igénye nélkül reprezentálják azt a fejlődési folyamatot, amely révén a genetika eszköztárának igazságügyi felhasználása az elmúlt huszonöt év alatt Magyarországon is megkerülhetetlenné vált.

Szerológia vs. DNS, minta, mintabiztosítás, kontamináció, problémás minták

Az igazságügyi genetika Magyarországon betöltött jelenlegi szerepét ismerve talán nehezen képzelhető el az a kezdeti, konzervatív szakmai- és jogi dogmákkal párosuló szkepticizmus, ami hazai kialakulását jellemezte. A kriminalisztikai gyakorlatban évtizedeken át többé-kevésbé sikeresen használt szerológiai vizsgálatok jelentették azt a szakmai alapot, amire építeni lehetett, ugyanakkor a régi keretek feszegetése, kitágítása sok olyan erőfeszítést is igényelt, melynek hasznosítása nagyobb hatékonysággal is történhetett volna. Mégis, talán a társadalmi-politikai változásoknak is köszönhető korszellem nyitottságából fakadóan – habár évek alatt, de – nemzetközi viszonylatban sem lemaradva, az igazságügyi orvostan egyik interdiszciplináris területe nálunk is átkeresztelődött igazságügyi hemogenetikára (Lontainé és tsaiés tsai., 2002), majd genetikára. (Pádár, 2005)

Annak ellenére, hogy a szerológiai vizsgálatok számtalan biológiai anyagmaradványnál korlátokba ütközött (Woller, 1997), az új technológia rendszer-szintű megalapozásának innovatív igénye sokáig csak a drága jelzőre egyszerűsödött. Nem véletlen tehát, hogy az első eseti alkalmazásától számítva viszonylag hosszú ideig csak kiegészítő szerepkört töltött, tölthetett be a magyar szakértői gyakorlatban. A példák azt mutatják, hogy a tudományos-technológiai élvonallal szemben fennálló fejlettségi deficit tolerálható mértéke néha még előnyöket is hordozhat. Ennek nyeresége a sikertelen vagy kudarcba forduló fejlesztések

elkerülésében mutatkozik meg. Habár az első igazságügyi célú – egyébként családegyesítés miatt elvégzett – alkalmazásnak tulajdoníthatóan közismertté vált DNA fingerprint (DNS-ujjlenyomat) fogalmához kapcsolódó módszertant (Jeffreys és tsaiés tsai., 1985), a restrikciós fragment-hosszpolimorfizmust (RFLP) szórványosan Magyarországon is kipróbálták (Lászik és tsaiés tsai., 1995), azonban bűnügyi alkalmazása – több, nálunk fejlettebb országtól eltérően – nem történt meg. (Woller és tsaiés tsai., 1997) Ennek köszönhetően Magyarországon a későbbiekben nem vált szükségessé az a költséges procedúra, amely az élenjáró országokban lezajlott, és sajátosságai miatt az igazságügyi felhasználásból kivezetésre került módszerekkel generált adatbázis⁴ jellegű genetikai adatok konvertálását igényelte. A biológiai minta DNS tartalmának originális mennyiségét felhasználó RFLP technika mellett ugyanis a 80-as évek végén, az eredeti tartalom művi, in-vitro felsokszorozásán, az úgynevezett polimeráz láncreakción (PCR) alapuló eljárások jelentek meg. (Gyllensten, 1988) A HLA-DQA marker az új, PCR technikával megvalósított, tudományos irodalomban először közölt genetikai tipizálása ugyanakkor már négy év múlva (vesd össze: Az első.), 1992-ben a magyar törvényszéki eljárások részévé vált. (Pádár, 2005)

A közvetlen hazai illetve informális nemzetközi tapasztalatoknak köszönhetően a nem szövetspecifikus vizsgálat (vagyis különböző típusú biológiai anyagmaradványokból nyerhető kompatibilis információ) felismerése, valamint a rendkívül csekély mennyiségű bűnjelmintákból is nagyfokú kizárást, illetve származási valószínűsítést eredményező vélemények iránti jogalkalmazói elköteleződés miatt fokozódó igény merült fel a DNS törvényszéki alkalmazására a bűnügyi és a polgári jogi (vélelmezett szülőség) esetek terén egyaránt. (Woller és tsaiés tsai., 1997) Így 1997-re már több száz ügyben, mintegy négyezer bűnügyi minta vizsgálata történt meg. (Pádár és tsaiés tsai., 1997)

Az új vizsgálati lehetőségek új kihívásokat is jelentettek. A fejlesztéstől a gyakorlatig tartó átmenet viszonylagos gyorsasága a hatóság számára nyújtott informális csatornák vagy továbbképzések (Pádár és tsaiés tsai., 1994a; és tsai., 1994b; és tsai., 1994c) mellett sem volt képes a berögzült konvenciók megfelelően hatékony átformálására, ami a nemzetközi példákhoz hasonlóan (URL2) Magyarországon is konfliktusok forrásává vált. A DNS-molekula kívánt szakaszának detektálását lehetővé tevő extenzív felszaporítása, amplifikálása nemcsak pozitív lehetőséget, hanem az eljáró hatóságok számára addig nem tudatosult rizikót is jelentett a biológiai minták kriminalisztikai felhasználásában. (Pádár, 1995) A megnövelt érzékenység a minta teljes DNS tartalmára

vonatkozik, ami magában foglalja nemcsak a vizsgálni kívánt cél-fragmenseket, hanem a járulékosan rá-, illetve belekerült különböző eredetű, szennyezésként definiálható örökítő anyagok összességét is. A kontamináló DNS, illetve annak forrása legtöbbször nem észlelhető, így a helyszínen, boncteremben, laboratóriumban történő aktivitás, az eljárásban szereplő folyamatok sorrendisége – beleértve a különböző szakértői vizsgálatok sorrendiségét is – megváltoztathatja, megkérdőjelezheti vagy el is lehetetlenítheti a szakértői vizsgálatok eredményét. (Kovács és tsaiés tsai., 2015) Mindezek fokozott jelentőséggel érvényesültek és érvényesülnek az eljárások későbbi szakaszában, a bíróság előtt. (Pádár és tsai. 1997) A vizsgálható és az eljárás számára releváns minták elvesztése, figyelmen kívül hagyása (Christianson, 2006) még kontrollált körülmények mellett is megvalósulhat. A helyszín vizsgálatának hiányosságai, a többé-kevésbé degradált tetemek bonctermi mintabiztosítási protokollja (Pádár és tsaiés tsai., 2018a), valamint a látszólag helyesen, esetenként a vizuális észlelettel is megerősítve, mégsem megfelelő módon vagy eszközzel történő mintavétel miatti hiba a legkülönbözőbb esetek – általában légyszöveti – mintatípusainak széles spektrumát érintheti. (Zenke és tsaiés tsai., 2017)

A légyszöveti mintatípusok egy része nemcsak elvileg, hanem gyakorlatilag is transzferábilis, azaz felületről-felületre átvihető. Ez sok esetben rendkívül előnyös a kriminalisztika számára, mivel az elkövető olyan felületeken hagyhat biológiai nyomot, melyek a hétköznapi gondolkodás vakfoltjába esnek, így nagymértékben megnövelik számos bűncselekménytípus sikeres felderítését és bizonyítását. Az emberi testet túlnyomó részben ugyanis megújuló sejtek (szövetek) alkotják, így a sejtmeújulás-sejtvesztés környezeti interakciója többféle biológiai mikronyomot hozhat létre, melynek eredeti DNS-mennyiségét a PCR amplifikálni képes. Természettudományos paradigmaként, a csodát véletlenként értelmezve azonban kijelenthető, hogy az előnyök környezettől függően hátrányként is manifesztálódhatnak, így a felsokszorozás nem csak a kívánt jelet (például az elkövető tulajdonságát), hanem a zajt, a szennyező DNS tulajdonságát is érinti. Ez a jelenség sokszor nemcsak a releváns információ módosulását – egyszemélyi genetikai profil helyett több személytől származtatható keveredés detektálását –, hanem annak eltűnését, helyette ugyanakkor dezinformáló biológiai nyomhagyó kimutatását jelenti. (Pádár és tsaiés tsai., 1996)

Éles különbséget kell tenni ugyanis a vizsgálatra kerülő minták között abban, hogy azok mintavételi körülményei mennyire ismertek és kontrolláltak. Ennek megfelelően lényeges különbség van az ismeretlen eredetű és előzményű (például bűncselekmények helyszínéről biztosított), illetve a szigorú előírásoknak megfelelő (például személyi összehasonlító) minták között. Az általános vélekedéstől eltérően a DNS-vizsgálatok nem egyformák, többek között a klinikai,

4 Az első generációs adatbázisok az RFLP módszerrel végzett vizsgálatokra épültek. Vesd össze jelen tanulmány Adatbázisok, nyilvántartások, statisztika című fejezetével.

medicinális és igazságügyi felhasználás vonatkozásában sem. A célok és eljárások különbsége különös jelentőséggel bír az eseti kihívásokat reprezentáló, diverz bűnügyi mintatípusok vonatkozásában. A személyi összehasonlító minták eredeti állapotot megőrző, körültekintő, bomlási folyamatokat minimalizáló, megfelelő mennyiségű biztosítása, optimalizált vizsgálati rendszerben történő analízise a jó minőségű és elegendő mennyiségű analitikai adat interpretálásának egyértelmű sikerét és megbízhatóságát garantálja. Ezen kondíciók összessége a bűnügyi helyszínek mintáira számottevően nem jellemző, és még a megfelelőnek és optimálisnak tartott minták is szeszélyesen sajátos módon viselkedhetnek a szakértői eljárás során. (Butler, 2012) A biológiai minták életszerű leképződéséből származó összetettsége, több személyre visszavezethető eredete több bűncselekmény típusban (testi sértés, szexuális erőszak) is elkerülhetetlen, természetes. (Egyed és tsaiés tsai., 1998) Ezek mellett az eszközhasználat (Egyed és tsai és tsai., 2003) vagy egyszerűen a megragadás, az egyszerű érintések is létrehozhatnak olyan biológiai nyomokat és mikronyomokat, amelyek összetett vagy komplex értékelést igényelnek. (Belső és tsaiés tsai., 2002) Az anyag nagyon kis mennyisége, illetve nagyfokú degradálódása a vizsgálati mintában önmagában is okozhat olyan analitikai egyenetlenségeket, melyek az eredmények interpretálását rendkívül megnehezíthetik. (Pádár és tsaiés tsai., 2003) Amennyiben ez még olyan gyatra, fél-professzionális mintabiztosítási gyakorlattal is párosul, ami figyelmen kívül hagyja, esetleg nem ismeri, vagy nem ismeri fel a biztosítandó minta eredeti természetéből fakadó jellemzőket és korlátokat, akkor a szakértői vizsgálat érdemben ellehetetlenül. A vizsgálati módszerek fejlődése, érzékenységének növelése ezt a jellegű problémát mindeztáig nem tudta orvosolni. Egy mintavételi pálcára biztosított, nem eredendő, hanem átvitt (transzfer) DNS nyom még a biztosítás helyének feltüntetése mellett is olyan szubjektív elemekkel rendelkezhet, mint a nyombiztosító eszköz és anyag minősége, adekvát volta, előélete, története, használatának megfelelősége, a mintabiztosító manuális készsége és sajátossága, ami fokozhatja a polimeráz láncreakció egyébként is fennálló sztochasztikus jellegét. Fentieknek köszönhetően az eseti (helyszínről származó) minták értelmezése, véleményezése olyan mértékű félreértés kockázatát is jelentheti, aminek védhetősége szakmai szempontok alapján akkor is esélytelen, ha a véleményező esetleg kísértésbe esik és azt megpróbálja. (Butler, 2015) A komplex genetikai bizonyíték interpretálása során a kiindulási hipotézis(ek) definiálása a bíróság feladata⁵, és – habár a kognitív torzítás

⁵ A statisztikai valószínűség numerikus kifejezéséhez szükséges kiindulási hipotézis meghatározása, habár a magyarországi gyakorlatban ez nem jellemző, a jogalkalmazó (bíróság) feladata, nem a szakértőé. Vesd össze jelen tanulmány Tudomány és szakértelem című fejezetével.

(Kovács és tsaiés tsai., 2017), mint jelenség ismerete, csökkentése a szakértői munkafolyamat része –, a jogalkalmazás redundáns jellegéből fakadóan annak mérlegelése, figyelembevétele a bizonyítékok teljes körű feltárása során a bíró számára is szükséges lehet. Az újabb technológiák lehetőségeire támaszkodva folyamatosan történnek kísérletek a problémakör laboratóriumi munkával történő kompenzálására – ami kevert profilok értelmezésekor akár megoldáshoz is vezethet (Anslinger és tsaiés tsai., 2019) –, de az is nyilvánvaló, hogy az olcsóbb, egyszerűbb és az egyértelmű interpretációnak alapot jelentő megoldáshoz vezető út a releváns minták professzionális biztosítása.

A forenzikus tudományokkal szemben támasztott követelmények célzott, tervszerű és szabályozott megvalósítása során nem feledkezhetünk meg azon kognitív technológiák szerepének átfogó vizsgálatáról sem, amelyek az igazságügyi szakértők eljárási garanciákkal átszőtt tevékenységében egyes információfeldolgozási műveletek elvégzésére hivatottak. Mivelhogy a szakértői bizonyítás hatékonyságának előmozdítására törekvő rendszerek téves útra terelhetik a forenzikus logikán nyugvó azonosítás folyamatát, fel kell mérnünk e kognitív szereplők (ember-gép) között végbemenő információtranszfer minőségét és mennyiségét. Megjegyezzük, hogy a jelenség következőkben részletezett ismertetése során jól látható, hogy míg külföldön ez a tudományos diskurzus középpontjában van, hazánkban ugyanakkor csaknem ismeretlen.

A forenzikus azonosítás folyamatában – az informatika fejlődésével párhuzamosan – az igazságügyi szakértőkre kiemelkedő szerep hárul. (Risinger és tsaiés tsai., 2002) Az igazságügyi genetika területén ez különösen igaz a több személytől származó, kevert biológiai anyagmaradványok vizsgálata során. Az ismeretlen mintahagyó személyek valós számának meghatározása, a kevert biológiai nyomban jelenlévő részleges DNS-profilok definiálása, valamint a közeli rokonoktól, avagy a különböző populációs csoportba tartozó személyektől származó genetikai profilok, illetve ezek kombinációinak statisztikai interpretációja jelenleg meglehetősen problematikus. Mindez a már említett minta-kontamináció (Kovács és tsaiés tsai., 2015) – esetleg későn felismert (Thompson, 2013) – rizikójával együtt tovább növeli a feladat komplexitását. Ezért különös figyelmet kell szentelnünk a szakértői véleményalkotás teljes folyamatában az emberi kogníció neurobiológiai architektúrájának a korai információszerzéstől az azonosító tárgyak laboratóriumi vizsgálatán át, egészen a szakértői következtetések levonásáig. Az újabb kutatások eredményei azt hangsúlyozzák, hogy a fogalom-, ítélet- és következtetésalkotás mind központi összetevői e különleges szakértelem birtokában végzett hivatásnak. (Dror, 2015a) A forenzikus logika vizsgálata során azonban nem feledkezhetünk meg a technológia szerepéről sem. A kognitív technológiák napjainkban már szükségszerű elemei

a forenzikus azonosításnak, így fel kell tárnunk és meg kell értenünk a használatukból fakadó potenciális veszélyforrásokat is. (Dror, 2005)

Az emberi kogníció olyan összetett rendszeren alapul, amelynek információfeldolgozó képessége bizonyos szempontokból korlátozott. Az emberi agy ezért egyszerűsítő mechanizmusokat – így például felülről lefelé haladó megismerési folyamatokat⁶, tömbösítést⁷ vagy szelektív figyelmet⁸ – alkalmaz, amelyek segítségével enyhít kognitív terheltségén. (Dror, 2015b) Annak ellenére, hogy e mechanizmusok a tapasztalat – így különösen a szakértelem – révén folyamatosan erősödnek, ugyanakkor az emberi kogníció hatékony és eredményes működését tévútra is terelhetik. (Matlin, 2013) Előzetesen megszerzett tapasztalataink, elvárásaink és szükségleteink torzíthatják az anyagi világ jelenségeinek feldolgozását. (Raymond, 1998) E kognitív tényezők akkor válnak különösen meghatározóvá, amikor rossz minőségű, bizonytalan és nehezen meghatározható információk képezik döntéshozatalunk alapját. (Dror, 2011) A forenzikus azonosítás és az emberi megismerés természetének vizsgálata ily módon napjainkban egy új kutatási területre hívja fel a figyelmet: a forenzikus kognitív infokommunikációra. (Kovács és tsai., 2017) Fontos megjegyeznünk, hogy a kognitív szennyeződések jelenléte nem jelenti feltétlenül azt, hogy a levont következtetések hibásak volnának, avagy azok hiányában egészen más konklúzióra került volna sor, hiszen annak kimenetele függ a döntési határértéktől és a szennyezettség mértékétől is. (Dror, 2009) A számítástechnika fejlődésének köszönhetően azonban egyre több olyan szakértői feladat áll karnyújtásnyira az emberéhez hasonló kognitív műveletek végrehajtására képes technológiától, amelyek egykoron csupán különleges szakértelem birtokában voltak végrehajthatók. (Dror, 2007)

A forenzikus azonosítás szaktudományain belül a kognitív infokommunikáció (Baranyi, 2015) egyre több aspektusban nyilvánul meg. A kognitív technológiák képesek olyan információkat tárolni, szolgáltatni a szakértők számára, amelyekkel a nyomokat és anyagmaradványokat még hatékonyabb vizsgálatnak tudják alávetni. Enyhíthetnek a szakértő kognitív terhelésén, a rájuk bízott feladatok végrehajtásával – mintegy a szakértő árnyékában működve, működtetve – az emberi kogníció korlátait szélesítik ki. Másrészt a szakértőkkel szoros összhangban, együttműködve, működtetve például a multikomponensű profil keveredések vagy a rokonsági kapcsolatok számszerű valószínűsítésének elemzésénél (Klinga és tsaiés tsai., 2016) olyan hatalmas méretű adatbázisok

6 Az információk feldolgozását előzetes elvárások, tapasztalatok alakítják.

7 Az információk rendező elvének módosítása.

8 Bizonyos információk figyelmen kívül hagyása.

létrehozását, összekapcsolását és vizsgálatát teszik lehetővé, amelyet nélkülük szinte lehetetlen lenne kivitelezni. Harmadrészt, a technológia és az automatizálás lehetőségét kihasználva, a szakértői közreműködést jelentősen redukálva, illetve kiváltva tölthetnek be jelentős szerepet a forenzikus azonosítás folyamatában (például légalkohol koncentráció mérése szakértői kalibráció mellett).

A forenzikus kognitív infokommunikáció jelenségét voltaképpen két végpont között kell értelmeznünk. Amíg az egyik oldalon a mindenféle technológiai támogatást mellőző emberi megismerés áll, addig a másik oldalon egy olyan mesterségesen létrehozott kognitív rendszer, melyben immáron a technológia bír különleges szakértelemmel. (Dror, 2010)

A forenzikus azonosítás számos területén – ezért a szerzőkben is – kételyek merülnek fel afelől, hogy e két kognitív szereplő vajon az azonosítás folyamatában kiegyensúlyozott módon működik közre, avagy melyik, mikor tölt be dominánsabb szerepet a másiknál? Ahhoz, hogy a forenzikus tudományok területén a lehető legtöbb pozitívítást juttassuk érvényre az ember és a technológia interakciójából, először is meg kell értenünk a forenzikus kognitív infokommunikációban rejlő lehetőségeket és kockázatokat. A szakértők és a kognitív technológiák között létrejövő kommunikáció sikere a kognitív folyamatok megfelelő szétosztásán, így az általuk nyújtotta előnyök felhasználásán, illetve gyenge pontjaik mellőzésén alapul. E kognitív technológiák ugyanis az esetek többségében kizárólag a használatukra vonatkozó műszaki utasításokkal kerülnek telepítésre, figyelmen kívül hagyva az egyes kognitív szereplők között megvalósuló kommunikáció optimalizálását, az emberi megismerés modern számítógépes környezethez való alkalmazkodását, vagy az abból fakadó kognitív torzítások minimalizálását. (Dror és tsaiés tsai., 2011)

A fentiek alapján megállapítható, hogy mind a szakértők, mind pedig az általuk felhasznált technológiák erős, ugyanakkor sebezhető kognitív elemekkel rendelkeznek. A közöttük megvalósuló kognitív infokommunikáció ezért mielőbbi harmonizációra szorul. Az ember-technológia interakció megértése, valamint annak kognitív szereplői által nyújtotta előnyök integrálása kulcsszerepet játszhat a további leghatékonyabb, illetve leghatásosabb forenzikus technológiai fejlesztésekben.

Technológiai fejlődés, markerek, populációk

Az új kihívások és igények is új vizsgálati fejlesztéseket indukálnak, ami a kezdetektől fogva jellemző. (Pádár és tsaiés tsai., 2018b) Nem alaptalan tehát az informatikával történő párhuzamba állítás, annál is inkább, mivel a kezdeti

manuális (vesd össze A második című fejezettel) vizsgálatokat (Woller és tsaiés tsai., 1995; és tsai., 1996) követő analitikai módszerek már az IT támogatta berendezések segítségével történtek. (Füredi és tsaiés tsai., 1997) A genetikai vizsgálatok információs-technológiai igényeit egyrészt az fokozta, hogy a VNTR markereket (változó számú, tandem szerűen ismétlődő szakaszokat tartalmazó, például D1S80) a gyakorlatban újak váltották fel. (Woller és tsaiés tsai., 1997) Ezekben az STR markerekben (short tandem repetition) a változó számú, tandem szerűen ismétlődő szakaszok a VNTR-eknél rövidebbek, így nemcsak a fizikailag rövidebb szakaszok felsokszorozására nyílt lehetőség a bomlottabb, régi biológiai anyagmaradványokból, hanem válogatott csoportosításukkal a későbbiekben több tulajdonság egyidejű, együttes, úgynevezett ko-ampifikálását is el lehetett végezni. (Kozma és tsaiés tsai., 1998) Könnyen belátható, hogy ezekkel a multiplex vizsgálatokkal egyszeri, csekély mennyiségű DNS felhasználásával sokkal több tulajdonság meghatározása vált napi rutinná, ami nemcsak az analitikai folyamatban (Füredi és tsaiés tsai., 1997), hanem az adatok nyilvántartásában is egyre inkább az információs technológiára támaszkodott.

A több markert (lokuszt) felölelő, az apától és az anyától újrakeveredve öröklődő, rekombináldó tulajdonság- (allél-) együttesek, a genetikai profilok immár az egyed azonosságának megállapítását célozták meg. Na, de mennyire egyedi is az a DNS profil? A jogalkalmazói kérdés megválaszolásához az igazságügyi genetikai olyan háttérvizsgálatait kellett elindítani, aminek közvetlen hasznát a véleményekben feltüntetett genetikai profil gyakoriságában, illetve a hipotézis-tesztelésen alapuló valószínűségi hányadosban (Likelihood Ratio: LR) kell keresni. Ezekhez a numerikus értékekhez a releváns népesség-csoportok (esetünkben a Magyarországhoz köthető populációk) reprezentatív felmérése vált szükségessé ahhoz, hogy a bűnjelmintákból végzett vizsgálatokat (vesd össze: A második című fejezettel) értékelni lehessen. A folyamatos adatbővítés (Füredi és tsaiés tsai., 1998; Egyed és tsaiés tsai., 2000; Füredi, 2003; Egyed és tsaiés tsai., 2006a) nemcsak a magyarországi igazságügyi munkát, hanem a tudományterület nyílt forrású, nemzetközi adatbázisait (URL3; URL4) is gyarapította. Az adatbázisok konstrukciója és szakmai felügyelete napjainkban is módot ad a különböző, nemcsak európai országokban élő etnikumok adatainak összehasonlítására.

Törvényszéki kontextusban a genom (a sejtek genetikai állományának összessége) különböző jellemzőkkel bíró (sejtmagi–nem sejtmagi, kódoló–nem kódoló, egy pont–egy szakasz, csak–nemcsak szekvenciálisan változó, rekombináldó–nem rekombináldó) részei lehetnek érdekesek. A markerek kiválasztása egyaránt igényli a szakmai, illetve jogi és etikai megfontolásokat. (Ram, 2015) Az X-kromoszómán lokalizált tulajdonságok iránti érdeklődés leginkább

a hiányos (kérdéses) szülősséggel párosuló polgári perekben mutatkozik meg, ahol az egyébként használt, rekombináldó markerek nem biztosítanak kellőképpen magas valószínűséget a leszármazás megállapításához. (Pamjav és tsaiés tsai., 2011) A férfiakban és nőkben eltérő számban jelenlévő X-kromoszóma részben rekombinációs (anyai), részben nem rekombináldó (apai) variációjának kriminalisztikai aspektusából a kevert helyszíni minták természetének megállapításához adhat segítséget. A genetikai változatosságot egyébként legnagyobb mértékben a genom egy-egy pontján, egyetlen nukleotid (a DNS szerkezeti egysége) pozícióban megnyilvánuló variabilitások – egy nukleotidos, szubsztitúciós polimorfizmusok (SNP) – jelentik. Mivel csak négy különböző nukleotid alkotja a DNS-láncot, a polimorfizmus meglehetősen korlátozott, annál is inkább, mivel kettő vagy több mutáció megjelenése az adott pozícióban meglehetősen ritka. Ezért, habár leírtak tri- és tetra-allélikus SNP-eket is, a tömeges előfordulás miatt ezeket a markereket bi-allélikus markerekként csoportosítjuk. A fentebb említett, egy-egy szakaszon több előforduló tulajdonság lehetőségét hordozó (például STR) lokuszokat ezzel szemben multi-allélikus markerekként tartjuk számon. Belátható, hogy az egyedek megkülönböztetéséhez a kevésbé variábilis tulajdonságokból számszerűen több vizsgálatra van szükség. Mivel az SNP-k stabilabbak, kevésbé mutálódnak, mint az STR-ek, történtek fejlesztések az individualizáláshoz kapcsolható felhasználásukhoz, de az STR markerek dominanciáját és nyilvántartási szerepvállalását napjainkig nem tudták megingatni. Szerepvállalásuk a szintén bi-allélikusnak tekinthető inszerciós–deléciós markerekkel együtt azonban jóval nagyobb jelentőségűnek bizonyul a populáció-diverzitás, a földrajzi, etnikai eredet (Kis és tsaiés tsai., 2012) tisztázásánál, illetve a látható, fenotípusos jellegek meghatározásánál (Kozma és tsaiés tsai., 2013), ami a bűnügyi nyilvántartások mellett az igazságügyi genetikai újabb, nyomozást segítő lehetőségeit jelenti. (Kayser és tsaiés tsai., 2017)

A szexuális bűncselekmények férfi–női keveredésű anyagmaradványai, a nagymértékben bomlott vagy égett holttestek és csontmaradványok, illetve a releváns hozzátartozók hiánya a polgári származási perekben új marker csoportok igényét hozták felszínre, melyek a köztudatban leszármazási markerként terjedtek el. Ezek a genetikai jellemzők az úgynevezett testi kromoszómás (autoszómás) tulajdonságoktól eltérően generációról–generációra szinte változatlanul öröklődnek, így nem közvetlenül az egyed azonosságára, hanem annak leszármazási vonalára adnak felvilágosítást, természetesen kisebb megkülönböztetési eséllyel, mint a rekombináldó markerek. Az anyai leszármazást alátámasztó, nem a sejtmagban, hanem a mitokondriumok DNS-ében található szakaszok variánsait haplotípusoknak nevezzük. Vizsgálatuk rendkívül bomlott (vesd össze A második című fejezettel), vagy sejtmagi DNS-t egyáltalán nem tartalmazó biológiai

nyomokból, illetve nyomtranszferekből is információt biztosít. (Egyed, 2007) A megkülönböztetést (polimorfizmust) a mitokondriális DNS (mtDNS) homológ szakaszain tapasztalható szekvencia (nukleotid-sorrend) eltérések jelentik, amit a nemzetközileg referenciaként elfogadott szekvenciához illetve pozícióként definiálunk. Az öröklődés jellege miatt a haplotípusok nem egyediek, az egyezés esetén magyarországi populációs adatokra is épülő, megfigyelési gyakoriságon alapuló, véletlen egyezési valószínűséget kalkulálunk. (URL3) Mivel a vizsgálat érzékenysége a sejtmagi DNS-vizsgálatokhoz mérten is akár ezerszer nagyobb, belátható, hogy a technikai kivitelezéshez rendkívül szigorú követelmények megvalósítása és betartása szükséges, ami meglehetősen nagy anyagi forrásigényt jelent. A megvalósítási nehézségek a módszer korai megjelenéséhez képest meglehetősen késleltették a rutinszerű alkalmazás lehetőségét. (Brandstatter és tsai.és tsai., 2007; Egyed és tsai.és tsai., 2007)

A férfiági leszármazást bizonyító Y-kromoszómán elhelyezkedő lokuszok összességéről, hasonlóan a mitokondriális polimorfizmushoz, haplotípusokról beszélünk. Az Y-haplotípus a mintákban található, kizárólag férfi eredetű összetevők apai ágú rokonsági vonalának meghatározására alkalmas. (Füredi és tsai., 1999; Egyed és tsai., 2006b) Kriminálisztikai jelentősége több szempontból is alátámasztható, és nem csak abban áll, hogy a nemi bűncselekmények kevert váladékaiból a férfi eredetű komponens(ek) kimutatása – azok abszolút és relatív csekély mennyisége mellett is – lehetővé válik. A férfiági rokonság megállapításának lehetősége többek között a nyomozás folyamatának támogatásában is új dimenziót nyitott. Habár történetek kísérletek az autoszómás markerek alapján a genetikai profilok (etnikai) eredetének valószínűsítésére vonatkozóan is (Klitschar és tsai., 2003), gyakorlati alkalmazásuk nem hozott érdemi sikereket. A testi kromoszómális markerek genetikai profilját azonban a haplotípus információval kiegészítve esetenként az egyéb kevert anyagmaradványokban kimutatott allél-donorok genetikai rokonságára biztosabban lehet következtetni. Két személy közel azonos mennyiségű DNS-éből származó, azonos férfiági leszármazást mutató kevert genetikai profiljának szakértői interpretálása⁹ – ami ugyan a helyszíni minták esetén rendkívül bonyolult lehet (Ram, 2016) – a testvéri kapcsolatot, a térben és időben különböző helyszínekről biztosított minták elemzése pedig csoportos és sorozatos elkövetést is valószínűsíthet (vesd össze A negyedik című fejezettel). Az Y-haplotípusok egyezése esetén a mitokondriális haplotípusokhoz hasonlóan populációs adatokra épülő, megfigyelési gyakoriságon alapuló véletlen egyezési valószínűséget kalkulálunk. (URL4) Ismeretlen elkövető esetén bűnügyi nyilvántartási támogatás

9 A szakértőt, illetve szakértői interpretálást meg kell különböztetnünk az analitikustól és az analízistől. Vesd össze jelen tanulmány Tudomány és szakértelem című fejezetével.

nélkül a tájékozódó jellegű szűrővizsgálat a leszármazási vonal visszakövetésével nagyobb potenciális elkövetői kört ölelhet fel, ami a kizárások szempontjából is jelentős segítség lehet a nyomozások során (vesd össze Az ötödik című fejezettel). Az átörökítés „szinte változatlan” jellege természetesen nem jelent állandóságot a stabilabb, illetve gyorsabban megváltozó (mutálódó) tulajdonságok vizsgálatának kombinálásával a férfiági rokonsági kapcsolatok még inkább pontosíthatók. (Alghafri és tsai., 2018) A hosszbeli különbséggel rendelkező markerek mellett kiegészítőként a filogenetikai információt is hordozó, a mintahagyó geográfiai, etnikai eredetét valószínűsítő, Y-kromoszómás, bi-allélikus markerek (SNP polimorfizmusok) felhasználására is van mód, de ez kriminalisztikai szempontból nem bír meghatározó jelentőséggel. (Vágó–Zalán, 2012)

Adatbázisok, nyilvántartások, statisztika

Ahogy azt már korábban említettük, a törvényszéki genetika és az informatika kapcsolata szinte a kezdetektől fennáll. A megfigyelésekből (detektált vizsgálati eredmény, adat) analízissel létrehozott információ (a detektált eredmény allélként történő azonosítása) egyre nagyobb számban történő generálása meglehetősen korán tette szükségessé az azok szoftveres algoritmusok által támogatott, rendezett csoportosítását, kezelhetőségét és archiválását. Az adatgyűjtés számos forrásból táplálkozott, melynek éppúgy részét képezte a helyszínen történő mintavétel (helyszíni mintabiztosítás), mint a személyi mintavétel (gyanúsítottak, elítéltek, hozzátartozók, egyéb önkéntesek), vagy éppenséggel a laboratóriumi eljárás alatt történő mintavétel és adatgyűjtés. Nem hagyható figyelmen kívül a tudományos adatgyűjtés sem (URL5), hiszen egy strukturált adatbázis kialakításának első lépése annak eldöntése, hogy mi legyen a nyilvántartott adat. Ez a döntéshozatal megalapozottan csak tudományos, technikai, törvényi és etikai szempontoknak való megfeleltetés után lehetséges. Az adathalmazok bővülésével kormányzati, illetve privát adatbázisok szerveződtek. Léteznek nemzeti, szövetségi és nemzetközi szinten szerveződők, illetve nyilvánosak (URL3, URL4) és zárt informatikai hálózatban elérhetőek, de igazságügyi szempontból a megbízhatóság és a hitelesség ellenőrzése, validálása minden esetben, s nemcsak a szakmai szempontok, hanem IT valamint jogi, törvényességi szempontok alapján is szükséges. A képet árnyalja, hogy már vannak ismert példák a helyi, sokszor a hatóság keretein belül létező, de nem, illetve nem teljes mértékben a törvényességi feltételeknek megfelelő, azok alapján ellenőrzött adatbázisokra is, melyek kriminalisztikai hasznossága ugyan nem zárható ki, de jogalkalmazói szempontokból mindenképpen ambivalensek és vitathatók. (Murphy, 2015)

A DNS-profil nyilvántartás adatai alkalmasak lehetnek a populáció-genetikai jellemzők statisztikai re-interpretálására (Szabolcsi és tsai., 2015), de mindemellett – mintegy a rendőrségi adatbázisok speciális megnyilvánulásaként – nemcsak genetikai, hanem kriminalisztikai, kriminológiai szempontú információt is nyújthatnak. Zárt hozzáférése azonban nyilvánvalóan szűk határt szab azoknak a kutatásoknak, amelyek akár a hatékonyság, akár a megelőzés szempontjából elemezhető eredményt produkálhatnak. Habár néhány jogi aspektusú diplomamunka, elemzés a magyar DNS nyilvántartással kapcsolatosan is készült az évek során, ezek tudományos szempontú impaktja nem igazán értékelhető. Az esetleges összefüggések megállapítása, feltárása segíthetne tisztázni például, hogy van-e, és hogyan alakul a találati hatékonyság a magyar nyilvántartásban a helyszíni minták szemben a személyi minták számának és arányának változásával, kimutathatók-e, és milyen mértékűek például az inter-populációs, etnikai és migrációs megoszlások. A genetika innovatív, tudásszintű alkalmazásával (vesd össze A hatodik című fejezettel) ugyanis az adatbázis adataiban a genetikai profilok rokonsági kapcsolatának elemzésével demonstratívan csökkentheti például a nyomozás idejét, költségét és a sorozatban elkövetett cselekmények lehetőségét. (Klinga és tsai.; 2016) Meg kell jegyeznünk azonban, hogy a nyomozások sikeres elősegítése ellenére a bűnügyi nyilvántartásokat felhasználó rokonságvizsgálatot számos kritika is illeti. (Murphy, 2015) Nyilvánvaló, hogy a körültekintő, de sikeres alkalmazáshoz a bölcsesség szintjén történő, eseti vonatkozású szakértői mérlegelés a magasan fejlett szoftveres támogatás mellé mellett is megkerülhetetlen tényező, hiszen alapvetően tisztában kell lenni azzal, hogy pontosan milyen és melyik változó vehető figyelembe, illetve az miként használható fel az ügy speciális körülményei közepette¹⁰. A DNS nyilvántartások jelenlegi trendjei közé tartozik még a nemzeti adatbázisok kiterjesztése, számszerű adatainak növelése is – különös tekintettel a helyszíni nyomokra –, ami a nemzetközi jogi harmonizáció alapján intenzívebb nemzetközi adatcserére teszi alkalmassá. (Amankwaa, 2019) Mindezek a globális kihívások (például az elkövető nagyobb földrajzi területen történő mozgása) hatékonyabb megoldáshoz vezethetnek, bár felmerül annak a lehetősége is, hogy a nem elítélt elkövetők kriminalisztikai jellemzői az elítélteként bekerült adatbázis-donorokétól eltérő.

A DNS-vizsgálatok hasznosságát Magyarországon a jogalkalmazók eleinte csak a bizonyítási eljárásban, a személy azonosságának megállapításában tapasztalták és értékelték meg. A bizonyítás versus nyomozás szempontjából vizsgált,

értékelvű jogalkalmazói megközelítések és hiányos információ alapján kialakított következtetések, a bizalom hiánya szakaszos, sokszor megtorpanásokkal terhelt folyamatot eredményezett a genetikai adatok és az információs technológia összehangolt, hatékony felhasználásában. A magyarországi DNS nyilvántartás mindezek mellett, vagy ellenére napjainkban már a magyar bűnüldözői rendszer kikerülhetetlen részét képezi. Első törvényi megalapozását tekintve a második generációs európai adatbázisok körébe tartozik (1999. évi LXXXV. tv.; Woller, 1997), genetikai alapjául STR lokuszok együttese, informatikai alapjául a kombinált DNS indexáló rendszer (CODIS) szolgál. A nemzetközi automatikus találati hozzáférést és adatcserét a Prümi Szerződés keretében rendezik. (Santos és tsai., 2017; Toom, 2018)

Ahogy arra már az előbbiekben is utaltunk, a genetikai analízis eredményét interpretálni kell. A Mennyire egyedi is az a DNS profil? kérdéshez a releváns populációs-adatbázisokban megfigyelt allél-gyakoriságokat vesszük alapul. Ezekből kalkulálható az a valószínűség, ami arra ad választ, hogy a megfigyelt genetikai profil milyen eséllyel származik inkább egy adott személytől, azzal szemben, hogy egy másik, ismeretlen személytől származna. Ha az információ jó minőségű, vizsgálati ambivalenciával nem rendelkező, egyszerű, egy személyre visszavezethető profil, az interpretáció az egyszerű probléma megoldásával jellemezhető. Az egyszerű problémát néhányunk még papír és egy ceruza segítségével is képes megoldani. Amennyiben összetett, és a mintában megfigyelt tulajdonságok száma alapján legalább két-három potenciális allél-donort kell feltételezni, úgy összetett probléma-megoldó algoritmus alapján kell kalkulálnunk. Ennek kivitelezése az előbbi módon nagyságrenddel több időt, illetve számítási hibalehetőséget jelentene. Az eseti minták jelentős része azonban – különösen, ha a mintabiztosítás nem kellőképpen professzionális – viszonylag rossz minőségű, vizsgálati egyenetlenségekkel terhelt, kevert (a potenciális donorok száma több és tág határok között adható meg) genetikai profilt képes produkálni, ami a probléma komplex megoldási igényét jelzi. A problémák megoldásánál ismét az információs technológia közreműködésére kell alapoznunk. A valószínűséget tesztelő algoritmusok, szoftverek (például LRmix Studio, STRMix, TrueAllele) szerepe egyre szélesebb körben elterjedt, egyre több szimulációt képesek végrehajtani, ami akár a legvalószínűbb és legelfogadhatóbb magyarázathoz is vezethet. Nem kétséges, az IT megoldások, szimulációk, predikciók alapját azok az egyre növekvő számú megfigyelések adják, amelyekben az egyszemélyi profilok biztos megfigyelési adatai jelentik az originális adatbázist. (Szabolcsi és tsai., 2015) Ki kell jelenteni azonban azt is, hogy akár a gépi tanulást megvalósító szoftverek esetében is felmerülnek olyan, a jog által rendkívül vitatott kérdések, amelyek nemcsak technikai

¹⁰ A programok alkalmazott paraméterei változtathatók. Vesd össze jelent tanulmány Tudomány és szakértelm című fejezetével.

paraméterek kiválasztásával, előzetes beállításával, azok megfelelésével, megbízhatóságuknak kellő számú visszaigazolásával kapcsolatosak, hanem a döntés személyes voltával is¹¹.

Nonhumán genetika

A genetikus szakértői gyakorlatban olyan esetek is előfordulhatnak, ahol az állatok kiemelt szerepet kapnak. Lehetnek elkövetők, sértettek, szemtanúk, vagy csupán gondatlanul okoztak kárt, rosszkor voltak rossz helyen. A hatóságok részéről az állatokkal kapcsolatos bűncselekmények általában az emberrel kapcsolatos eseteknél alacsonyabb prioritást élveznek, főleg olyan országokban, ahol a gazdasági erőforrásokhoz való hozzáférés limitált. (Iyengar, 2014) A létező kategorizálás mellett is sokszor nehéz és dilemmákkal terhelt az a kérdés, mennyit ér egy állat élete? A gazdasági vagy éppenséggel illegális gazdasági értékek sokszor lehetnek irányadók, hasonlóan az illegális drogok kereskedelméhez. Valószínűleg nem véletlenül, mivel – bár sokak számára nem feltétlenül ismert – a vadvilági bűnözéssel és annak illegális kereskedelmével járó pénzmozgások az illegális drogkereskedelem nagyságrendjével azonosak. (Yadav és tsai., 2016; Nishant és tsai., 2017) Az eszmei értékek érvényre juttatása azonban sokszor nehezen – morális szempontok vagy deficitiek, a felderíthetőségbe vetett hit, bizalom alapján – konvertálható bűnügyi költséggé. Tehát akkor mennyit is ér egy állatviadal áldozata vagy egy lelőtt golyó? (Vesd össze A hetedik című fejezettel.) A jogrendszerből eredeztethető kihívásokra választ adó fejlesztések (Szabolcsi és tsai., 2008) megtérülése a kriminológiai, kriminalisztikai kutatások tükrében valószínűsíthető (Browning, 2015; URL6), ezért az állatokkal, vadvilággal kapcsolatos bűnözés visszaszorítása jogalkotói, jogalkalmazói-rendészeti és társadalmi-oktatási közreműködést egyaránt igényel. Az állatok szexuális abúza sem tekinthető ritkának (Stern és tsai., 2016), ami kriminalisztikai szempontból azért érdemel figyelmet, mivel a szexuális vagy családon belüli erőszaktevők jelentős arányát képviselik azok a személyek, akik korábban állatok sérelmére is elkövettek hasonló cselekményeket. (Febres és tsai., 2014) Az olyan esetek viszont valóban ritkák, mikor egy tacskót vádolnak meg nemi erőszakkal¹².

11 Vesd össze jelen tanulmány Tudomány és szakértelem című fejezetével.

12 A 90 évek végén, egy Pest-megyei városban a felháborodott apa feljelentést tett, hogy a gyermekkorú lányát tacsó fajtájú kutyája megerőszkolta. A sértettől biztosított egyetlen fixált és szövettani festéssel kezelt hüvelykenetet andrológus szakértő és állatorvos-reproduktológus szakértő együtt vizsgálta. Habár a DNS-vizsgálatok Magyarországon már több éve léteztek, kutya azonosítására szolgáló eljárás az eset időpontjában még nem állt rendelkezésre.

Kutyák által elkövetett, gyakran végzetes kimenetelű támadások azonban éves rendszerességgel előfordulnak. A letális támadások sértettjei leginkább olyan védekezőképtelen gyermek- vagy időskorú személyek, akik általában tanúk hiányában segítséget sem kapnak. Ilyen esetekben a tanúk felismerése is korlátozott, legtöbbször annak megállapításához elegendő, hogy csak olyan, nem pedig azt a kutyát látta a tett helyszínén, illetve annak közelében. A szakértői gyakorlatban megjelenő, addig ki nem elégíthető igények motiválták azokat a fejlesztéseket, melyek segítségével az ezredfordulón az igazságügyi genetika, ha korlátozott mértékben is, de megkezdte a nem emberi eredetű biológiai minták azonosítását Magyarországon (vesd össze A harmadik című fejezettel). A DNS biológiai univerzitása lehetővé teszi a humán igazságügyi genetika módszertanának és ismeretének kiterjesztését a nem emberi eredetű anyagmaradványokra is, de az alkalmazható markerek túlnyomó többsége – főleg a kezdetekben – alapvetően nem igazságügyi, hanem konzervációs biológiai fejlesztésekből származott. (Pádár és tsai., 2001b) Az igazságügyi követelményeknek megfelelő felhasználáshoz a humán igazságügyi genetikai vizsgálatokhoz hasonlóan kellett, kell eljárni, ami magában foglalja a markerek igazságügyi célú (Pádár, 2006; Zenke és tsai., 2009; Zenke, 2010), és a szükséges populációs vizsgálatokat egyaránt. (Zenke és tsai., 2007; Zenke és tsai., 2010)

A kutyák (és egyéb háziállatok) kriminalisztikai jelentősége nemcsak közvetlen érintettségükben rejlik (Pádár és tsai., 2001c), hanem nagymértékű, emberhez köthető életterük és előfordulásuk miatt, mint potenciálisan transzferábilis nyomok leképzői többféle bűncselekményben, a helyszín és a holttest csendes szemtanúiként is számításba vehetők. (Pádár és tsai., 2018a; Pádár és tsai., 2018b)

A fentiekkel összhangban kijelenthető, hogy a nem emberi anyagmaradványok vizsgálata napjainkban az igazságügyi genetika intenzíven fejlődő területét képezi. A felhasznált markerek a humán markerekhez hasonló típusúak, de tekintettel a faji sokrétűsége, különbségeik miatt homológ módon csak korlátozottan, leginkább a mitokondriális DNS szakaszaival vizsgálhatók. A mitokondriumok DNS-ében az anyai leszármazási vonal megállapításánál alkalmazott hipervariabilis szakaszokkal ellentétben olyan konzervatív szekvenciák is találhatóak, melyek a fajok egyedei között szinte nem mutatnak eltérést, ugyanakkor más fajok homológ szekvenciájával összehasonlítva demonstratív különbségek állapíthatók meg. A fajok azonosításához képest az egyediség megállapítása sokkal komolyabb erőfeszítéseket igényel, a szükséges erőforrások megteremtése és biztosítása teljességgel kiszámíthatatlan, legfőképp akkor, ha az adott faj adott egyede először kerül a jogalkalmazói igény alapján genetikai vizsgálatra. Belátható ugyanis, hogy a potenciális igények a kriminalisztikai relevanciák és a lehetséges fajok kombinációjából fakadóan rendkívül sokfélék lehetnek.

(Zenke és tsai., 2016) A nem emberi anyagmaradványok vizsgálata kiterjedhet a vízbefűlt holttestekben fellelt moszatokra (Rácz és tsai., 2016), háziállatokra, az orrvadászat és természetkárosítás miatt a vadvilágra (Szabolcsi és tsai., 2014), nem beszélve az egyéb, helyszín-helyszín kapcsolattal és elkövetői aktivitással összefüggésbe hozható vizsgálati kihívásokról. (Quaak és tsai., 2018)

Felhasznált irodalom

1999. évi LXXXV. tv. a büntügyi nyilvántartásról és a hatósági erkölcsi bizonyítványról
Adler, J. A. – McCormick, J. (1998): *The DNA detectives*. Newsweek, 16, 67-71.
Alghafri, R. – Zupanič P. I. – Zupanc, T. – Balažic, J. – Shrivastava, P. et al. (2018): *Rapidly mutating Y-STR analyses of compromised forensic samples*. International Journal of Legal Medicine, 2, 397-403.
Amankwaa, A. O. (2019): *Trends in forensic DNA database: transnational exchange of DNA data*. Forensic Sciences Research, 2019.02.07.
Anslinger, K. – Graw, M. – Bayer, B. (2019): *Deconvolution of blood-blood mixtures using DE-PAArray™ separated single cell STR profiling*. Rechtsmedizin, 1, 30-40.
Baranyi P. – Csapó Á. – Sallai Gy. (2015): *Cognitive Infocommunications (CogInfoCom)*. Cham: Springer International Publishing, Switzerland
Bell, S. – Sah, S. – Albright, T. D. – Gates, S. J. Jr. – Denton, M. B. – Casadevall, A. al. (2018): *A call for more science in forensic science*. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 18, 4541-4544.
Belső Zs. – Egyed B. – Kálnay A. – Kormos Z. – Füredi S. – Woller J. – Pádár Zs. al. (2002): *STR-Analyse von Hautkontaktspuren an Potenziellen Tatwerkzeugen*. 81. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin, Rostock, 2002.09.24-28.
Brandstätter A. – Egyed B. – Zimmermann B. – Duftner N. – Pádár Zs. – Parson, W. et al. (2007): *Migration rates and genetic structure of two Hungarian ethnic groups in Transylvania, Romania*. Annals of Human Genetics, 6, 791-803.
Brinkmann, B. – Carracedo, Á. (2003): *Progress in Forensic Genetics 9: Proceedings from the 19th International ISFG Congress Held in Münster, Germany Between 28 August and 1 September 2001*. Amsterdam – Lausanne – New York – Oxford: Elsevier
Browning, K. (2015): *Social Science Research on Forensic Science: The story behind one of NIJ's newest research portfolios*. NIJ Journal, 275, 1-8.
Butler, J. M. (2015): *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Interpretation*. San Diego: Elsevier
Butler, J. M. (2012): *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Methodology*. San Diego: Elsevier
Christianson, S. (2006): *Bodies of Evidence: Forensic Science and Crime*. New York: Lyons Press
Dror, I. E. (2009): *On proper research and understanding of the interplay between bias and decision outcomes*. Forensic Science International, 1-3, 17-18.

Dror, I. E. (2011): *The Paradox of Human Expertise: Why Experts Can Get It Wrong*. In: Kapur, N. (szerk.): *The Paradoxical Brain*. Cambridge: Cambridge University Press, 177-188.
Dror, I. E. (2015b): *Cognitive and Human Factors*. In: Peplow, M. (szerk.): *Forensic Science and Beyond: Authenticity, Provenance and Assurance*. Government Office for Science, London, 40-49.
Dror, I. E. – Mnookin, J. L. (2010): *The use of technology in human expert domains: challenges and risks arising from the use of automated fingerprint identification systems in forensic science*. Law, Probability and Risk, 1, 47-67.
Dror, I. E. – Wertheim, K. – Fraser-Mackenzie, P. – Walajtys, Jeff et al. (2011): *The Impact of Human-Technology Cooperation and Distributed Cognition in Forensic Science: Biasing Effects of AFIS Contextual Information on Human Experts*. Journal of Forensic Sciences, 2, 343-352.
Dror, I. E. (2005): *Experts and technology: Do's & Don'ts*. Biometric Technology Today, 9, 7-9.
Dror, I. E. (2007): *Cognitive Technologies and the Pragmatics of Cognition*. Amsterdam – Philadelphia: John Benjamins Publishing Company
Dror, I. E. (2015a): *Cognitive neuroscience in forensic science: understanding and utilizing the human element*. Philosophical Transactions of the Royal Society, 1674, 1-8.
Egyed B. (2007): *Mitokondriális DNS és mikroszatellita polimorfizmusok igazságügyi genetikai aspektusú vizsgálata a Magyar népességben*. Doktori értekezés. Budapest: ELTE TTK Biológia Doktori Iskola
Egyed B. – Brandstätter A. – Irwin, J. A. – Pádár Zs. – Parsons, T. – Parson, W. et al. (2007): *Mitochondrial control region sequence variations in the Hungarian population: analysis of population samples from Hungary and from Transylvania (Romania)*. Forensic Science International: Genetics Supplement Series, 2, 158-162.
Egyed B. – Flaisik A. Á. – Csikai M. – Kormos Z. – Kálnay A. – Füredi S. – Pádár Zs. et al. (2003): *STR analyses of low copy number DNA traces from knife-handles*. 82. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin, International Symposium on Forensic DNA Technologies, Münster, 2003.09.17-20.
Egyed B. – Füredi S. – Angyal M. – Balogh I. – Kádár L. – Pádár Zs. et al. (2006a): *Analysis of the population heterogeneity in Hungary using fifteen forensically informative STR markers*. Forensic Science International, 2-3, 244-249.
Egyed B. – Füredi S. – Pádár Zs. (2006b): *Population genetic study in two Transylvanian populations using forensically informative autosomal and Y-chromosomal STR markers*. Forensic Science International, 2-3, 257-265.
Egyed B. – Füredi S. – Angyal M. – Boutrand, L. – Vanderberghe, A. – Woller J. – Pádár Zs. et al. (2000): *Analysis of eight STR loci in two Hungarian populations*. Forensic Science International, 1-3, 25-27.
Egyed B. – Pádár Zs. – Füredi S. – Kemény G. – Woller J. et al. (1998): *Die Identifizierung der Täter eines Mordes durch die Untersuchung gemischter biologischer Spuren - eine Fallstudie*. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin, Hannover, 1998.09.16-19.

- Egyed B. – Irwin, J. A. – Szamosi G. et al. (2004): *First report of mitochondrial DNA CR variations in the Hungarian population*. Abstracts Talks and Posters. IV. International Forensic Y–User Workshop, Berlin: Chartié – Universitätsmedizin Berlin, 46.
- Febres, J. – Brasfield, H. – Shorey, R. C. – Elmquist, J. – Ninnemann, A. – Schonbrun, Y. C. – Temple, J. R. – Recupero, P. R. – Stuart, G. L. et al. (2014): *Adulthood animal abuse among men arrested for domestic violence*. Violence Against Women, 9, 1059-1077.
- Füredi S. (2003): *Humán polimorf mikroszatellita (short tandem repeat) lokuszok igazságügyi genetikai vizsgálata magyar populációkba*. Doktori értekezés. Budapest: ELTE TTK Biológia Doktori Iskola,
- Füredi S. – Angyal M. – Kozma Zs. – Sétáló J. – Woller J. – Pádár Zs. et al. (1997): *Semi-automatic DNA profiling in a Hungarian Romany population using the STR loci HumVWA31, HumTH01, HumTPOX, and HumCSF1PO*. International Journal of Legal Medicine, 4, 184-187.
- Füredi S. – Kozma Zs. – Woller J. – Pádár Zs. – Angyal M. – Bajnóczki I. – Nishi, K. al. (1998): *Population genetic data on four STR loci in a Hungarian Romany population*. International Journal of Legal Medicine, 1, 72-74.
- Füredi S. – Woller J. – Pádár Zs. – Angyal M. et al. (1999): *Y-STR haplotyping in two Hungarian populations*. International Journal of Legal Medicine, 1, 38-42.
- Gyllensten, U. B. – Ehrlich, H. A. (1988): *Generation of Single-Stranded DNA by the Polymerase Chain Reaction and Its Application to Direct Sequencing of the HLA-DQA Locus*. Proceedings of the National Academy of Sciences, 85, 7652-7656.
- Iyengar, A. (2014): *Forensic DNA analysis for animal protection and biodiversity conservation: a review*. Journal for Nature Conservation, 3, 195-205.
- Jeffreys, A. J. – Wilson, V. – Thein, S. L. (1985): *Individual-specific 'fingerprints' of human DNA*. Nature, 316, 76-79.
- Kayser, M. – Parson, W. (2017): *Transitioning from Forensic Genetics to Forensic Genomics*. Genes, 1, 3.
- Kis Z. – Zalán A. – Völgyi A. – Kozma Zs. – Domján L. – Pamjav H. et al. (2012): *Genome deletion and insertion polymorphisms (DIPs) in the Hungarian population*. Forensic Science International: Genetics Supplement Series, 5, 125-126.
- Klinga D. – Füredi S. (2016): *The successful use of familial searching in six Hungarian high profile cases by applying a new module in Familias 3*. Forensic Science International: Genetics Supplement Series, 24, 24-32.
- Klintschar, M. – Füredi S. – Egyed B. – Reichenpfader B. – Kleiber, M. et al. (2003): *Estimating the ethnic origin (EEO) of individuals using short tandem repeat loci of forensic relevance*. International Congress Series, 1239, 53-56.
- Kovács G. – Czebe A. (2017): *Egyes kognitív, emberi tényezők szerepe a szakértői véleményalkotásban*. Belügyi Szemle, 10, 89-103.
- Kovács G. – Pádár Zs. (2015): *Misinterpretation of sample contamination in a Hungarian case-work*. Forensic Science International: Genetics Supplement Series, 5, 425-427.
- Kozma Zs. – Nagai A. – Woller J. – Füredi S. – Sétáló J. – Ohya, I. – Nishi, K. al. (1998): *Fluorescence based co-amplification and automated detection of STR loci HUMFIBRA and HUMD21S11 in a Hungarian Caucasian population sample*. International Journal of Legal Medicine, 2, 103-104.
- Kozma Zs. – Sándor G. – Pamjav H. – Huszár A. et al. (2013): *Human iris polymorphisms: computer-based and genetic assessments of human iris and possible applications in human identification*. AARMS, 2, 229-246.
- Lászik A. – Pöche, H. – Mauer, V. – Schneider, V. (1995): *Apaság megállapítása a DNS technológia (RFLP) alkalmazásának segítségével*. Orvosi Hetilap, 39, 2117-2119.
- Lontainé Santora Zs. – Hollán Zs. (2002): *A DNS-vizsgálatok helye a szakértői munkában*. Belügyi Szemle, 11-12, 55-62.
- Matlin, M. W. (2013): *Cognition*. Hoboken: Wiley, Hoboken
- Murphy, E. E. (2015): *Inside the Cell: The Dark Side of Forensic DNA*. New York: Nation Books
- Nickerson, R. N. S. (1998): *Confirmation bias: A ubiquitous phenomenon in many guises*. Review of General Psychology, 2, 175-220.
- Nishant, K. – Vrijesh, K. Y. – Ajay, K. R. (2017): *Wildlife Forensic: Current Techniques and their Limitations*. Journal of Forensic Science & Criminology, 4, 402.
- Nogel M. (2018): *Az igazságügyi szakértői vélemények hitelt érdemlősége a büntetőeljárásban*. Doktori értekezés. Pécs: PTE Állam- és Jogtudományi Kar Doktori Iskola
- Oorschot, R. A. H. – Jones, M. K. (1997): *DNA fingerprints from fingerprints*. Nature, 1997.06.19., 767-768.
- Pádár Zs. – Baranyai T. (1994c): *A szövetfüggetlen DNS-polimorfizmus vizsgálatok előnyei szakértői ügyekben*. Magyar Igazságügyi Orvosok Társasága, Budapest, 1994.12.16.
- Pádár Zs. – Egyed B. – Kontadakis, K. – Woller J. – Zöldág L. – Fekete S. et al. (2002): *Canine STR analyses in forensic practice - Observation of a possible mutation in a dog hair*. International Journal of Legal Medicine, 5, 286-288.
- Pádár Zs. – Woller J. – Rajnai K. (1994): *A DNS polimorfizmus vizsgálati lehetőségeinek felhasználása biológiai anyagmaradványok személyi származhatóságának megállapításánál a szakértői gyakorlatban*. BM orvosok '94 Tudományos Konferenciája, Siófok, 1994.03.03.
- Pádár Zs. – Woller J. (1994b): *DNS vizsgálatok lehetőségei a személyazonosításban*. Magyar Jogász Egylet Kriminológiai és Kriminálisztikai Szakosztálya Munkaértekezlete, Budapest, 1994.11.10.
- Pádár Zs. – Zenke P. – Kozma Zs. (2018b): *Chapter 7: Forensic DNA Technological Advancements as an Emerging Perspective on Medico-Legal Autopsy: A Mini Review*. In: Dogan, Kamil Hakan (ed.): *Post Mortem Examination and Autopsy*. In: Dogan, K. H. (szerk.): *Post Mortem Examination and Autopsy*. London: IntechOpen, 105-140.
- Pádár Zs. (1995): *A téves tipizálás lehetőségei degradált mintákon*. Magyar Igazságügyi Orvosok Társasága, Kazuisztikus nap, Budapest, 1995.02.10.

- Pádár Zs. (2005): *A DNS-vizsgálatok szerepe és szakértői problémái emberölési ügyekben*. Belügyi Szemle, 1, 13-29.
- Pádár Zs. (2006): *Kutya eredetű anyagmaradványok igazságügyi genetikai vizsgálata*. Doktori értekezés. Budapest: SZIE Állatorvos-tudományi Doktori Iskola
- Pádár Zs. – Angyal M. – Egyed B. – Füredi S. – Woller J. – Zöldág L. – Fekete S. et al. (2001c): *Canine microsatellite polymorphisms as the resolution of an illegal animal death case in a Hungarian Zoological Gardens*. International Journal of Legal Medicine, 2, 79-81.
- Pádár Zs. – Egyed B. – Füredi S. – Kemény G. – Woller J. et al. (1997): *Current status of criminal DNA analysis in Hungary*. In: Nagy L. (szerk.): *Igazságügyi Orvosok*, 6, Veszprém: Veszprémi Igazságügyi Szakértői Kamara, 143-149.
- Pádár Zs. – Egyed B. – Kontadakis K. – Zöldág L. – Fekete S. et al. (2001b): *Resolution of parentage in dogs by examination of microsatellites after death of putative sire: Case report*. Acta Veterinaria Hungarica, 3, 269-273.
- Pádár Zs. – Füredi S. – Angyal M. (2001a): *Kriminalisztikai (DNS-) vizsgálati lehetőségek újszülött megölésekben*. Belügyi Szemle, 1, 69-73.
- Pádár Zs. – Füredi S. – Fucskó M. – Woller J. et al. (1996): *Kevert biológiai váladékok vizsgálati problémái szakértői ügyekben*. Magyar Igazságügyi Orvosok Társasága XI. Kongresszusa, Debrecen, 1996.08.22.
- Pádár Zs. – Zenke P. – Kozma Zs. (2018a): *Chapter 8: Most Common Medico-Legal Autopsy-Related Human and Nonhuman Biological Samples for DNA Analysis*. In: Dogan, K. H. (szerk.): *Post Mortem Examination and Autopsy*. London: IntechOpen, 141-160.
- Pádár Zs. – Egyed B. – Flaisik A. Á. – Kálnay A. – Kormos Z. – Woller J. – Füredi S. et al. (2003): *Testing of low copy number DNA sources by PowerPlex 16 on potential surfaces of crime*. 3th European-American Course in Forensic Genetics, Zagreb, 2003.09.1-5.
- Pádár Zs. – Woller J. (1993): *The first experiences of the application of DNA polymorphism in criminal cases in Hungary*. 1st International Symposium on Forensic Sciences
- Pamjav H. – Kugler R. – Zalán A. et al. (2011): *X chromosomal recombination study in three-generation families in Hungary*. Forensic Science International: Genetics Supplement Series, 3, 95-96.
- Quaak, F. C. A. – Wal, Y. v. d. – Maaskant-van W, P. – Kuiper I. al. (2018): *Combining human STR and microbial population profiling: Two case reports*. Forensic Science International: Genetics Supplement Series, 37, 196-199.
- Rácz E. – Könczöl F. – Tóth D. – Patonai Z. – Porpáczy Z. – Kozma Zs. – Poór V. – Sipos K. et al. (2016): *PCR-based identification of drowning: four case reports*. International Journal of Legal Medicine, 5, 1303-1307.
- Ram, N. (2016): *Book Review, Inside the Cell: The Dark Side of Forensic DNA, By Erin E. Murphy*. Journal of Law and the Biosciences, 2, 426-435.
- Rex-Kiss B. – Szabó S. (1971): *A magyar vércsoport-szerológia 50 esztendeje*. Orvostörténeti Közlemények, 62-63, 159-173.
- Risinger, M. D. M. – Saks, M. J. – Thompson, W. C. – Rosenthal, R. et. al. (2002): *The Daubert/Kumho Implications of Observer Effects in Forensic Science*. California Law Review, 1, 77-90.
- Santos, F. – Machado, H. (2017): *Patterns of exchange of forensic DNA data in the European Union through the Prüm system*. Science & Justice, 4, 307-313.
- Stern, A. Wayne. – Smith-Blackmore, M. (2016): *Veterinary Forensic Pathology of Animal Sexual Abuse*. Veterinary Pathology, 5, 1057-1066.
- Szabolcsi Z. – Egyed B. – Zenke P. – Borsy A. – Pádár Zs. – Stéger V. – Pásztor L. – Csányi S. – Buzás Zs. – Orosz L. et al. (2014): *Constructing STR Multiplexes for Individual Identification of Hungarian Red Deer*. Journal of Forensic Sciences, 4, 1090-1099.
- Szabolcsi Z. – Farkas Zs. – Borbély A. – Bárány G. – Varga D. – Heinrich A. – Völgyi A. – Pamjav H. et al. (2015): *Statistical and population genetics issues of two Hungarian datasets from the aspect of DNA evidence interpretation*. Forensic Science International: Genetics Supplement Series, 19, 18-21.
- Szabolcsi Z. – Egyed B. – Zenke P. – Borsy A. – Pádár Zs. – Zöldág L. – Buzás Zs. – Raskó I. – Orosz L. et al. (2008): *Genetic identification of red deer using autosomal STR markers*. Forensic Science International: Genetics Supplement Series, 1, 623-624.
- Thompson, W. C. (2013): *Forensic DNA Evidence: The Myth of Infallibility*. In: Krimsky, S. – Gruber, J, G. (szerk.): *Genetic explanations: Sense and nonsense*. Boston: Harvard University Press, 227-255.
- Toom, V. (2018): *Cross-border exchange and comparison of forensic DNA data in the context of the Prüm Decision*. Brussels: European Parliament
- Török E. (2010): *A DNS szerepe a nyomozásban*. Magyar Bűnüldöző, 1-2, 78-92.
- Vágó-Zalán A. (2012): *A magyar populáció genetikai elemzése nemi kromoszómális markerek alapján*. Doktori értekezés. Budapest: ELTE TTK Biológia Doktori Iskola
- Woller J. (1997): *Kriminalisztikai célú DNS-vizsgálatok és DNS-adatbázisok*. Belügyi Szemle, 12, 45-49.
- Woller J. – Budowle, B. – Füredi S. – Pádár Zs. et al. (1996): *Hungarian population data on the loci HLA-DQA, LDLR, GYPA, HBG, D7S8 and GC*. International Journal of Legal Medicine, 5, 280-282.
- Woller J. – Füredi S. – Pádár Zs. (1997): *HumTH01, HumVWA, and HumFES STR's in different Hungarian populations — influence on forensics*. 3rd International Symposium on Forensic Sciences, 1997.10.01-03.
- Woller J. – Füredi S. – Pádár Zs. (1997): *Polimeráz láncreakción alapuló DNS-vizsgálatok a magyar igazságügyi gyakorlatban*. Orvosi Hetilap, 51, 3223-3228.
- Woller J. – Füredi S. – Pádár Zs. (1995): *AMPFLP analysis of the VNTR loci D1S80 and ApoB in Hungary*. International Journal of Legal Medicine, 5, 273-274.
- Yadav, S. – Dixit, A. K. (2016): *Forensic approaches in the solution of wildlife crime*. International Journal of Multidisciplinary Research and Development, 3, 89-93.
- Zenke P. – Egyed B. – Kovács G. – Pádár Zs. et al. (2019): *Implementation of genetic based individualization of White stork (Ciconia ciconia) in forensic casework*. Forensic Science International: Genetics Supplement Series, 40, 245-247.

- Zenke P. – Egyed B. – Pádár Zs. (2017): *A vadászható fajok védelme: az orvvadászat bizonyítathatósága az igazságügyi genetika segítségével*. Magyar Állatorvosok Lapja, 10, 631-639.
- Zenke P. – Egyed B. – Zöldág L. – Pádár Zs. et al. (2010): *Population genetic study in Hungarian canine populations using forensically informative STR loci*. Forensic Science International: Genetics Supplement Series, 1, 31-36.
- Zenke P. – Maróti-Agóts A. Á. – Pádár Zs. – Zöldág L. et al. (2009): *Characterization of the WILMS-TF microsatellite marker in Hungarian dog populations*. Acta Biologica Hungarica, 3, 329-332.
- Zenke P. (2010): Mikroszatellita-polimorfizmusok vizsgálata kutya eredetű anyagmaradványokból. Doktori értekezés. Budapest: SZIE Állatorvos-tudományi Doktori Iskola
- Zenke P. – Egyed B. – Pádár Zs. – Kovács G. et al. (2016): *Increasing relevance of non-human genetics in Hungarian forensic practice*. Forensic Science International: Genetics Supplement Series, 5, 250-252.
- Zenke P. – Maróti-Agóts Á. – Pádár Zs. – Gáspárdy A. – Komlós I. – Zöldág L. et al. (2007): *Adatok a kutyaállományok beltenyésztettségének értékeléséhez*. Magyar Állatorvosok Lapja, 8, 484-489.

A cikkben szereplő online hivatkozások

- URL1: http://www.romnet.hu/hirek/2016/01/12/romagylkossagok_8211_hat_ev_eltelvel_jogerosen_lezarult_az_ugy
- URL2: <http://aboutforensics.co.uk/oj-simpson/>
- URL3: <https://empop.online>
- URL4: <https://yhrd.org>
- URL5: <https://strbase.nist.gov>
- URL6: <https://www.nij.gov/topics/forensics/Pages/social-science.aspx>