

Jarosław MOSZCZYŃSKI*

Fenomen identyfikacji genetycznej

1. Podstawy naukowe identyfikacji genetycznej

Historia identyfikacji genetycznej sięga zaledwie dwóch ostatnich dekad XX w., kiedy to Alec Jeffreys odkrył sondy molekularne i opisał metodę zwaną *DNA fingerprinting*, zaś Kary B. Mullis odkrył i opracował reakcję PCR.

Identyfikacja genetyczna człowieka opiera się głównie na analizie DNA genomowego, zawartego w jądrach komórek, i rzadziej przy wykorzystaniu DNA mitochondrialnego (mtDNA), znajdującego się w mitochondriach. DNA jądrowe stanowi indywidualny kod genetyczny każdego człowieka z wyjątkiem bliźniąt monozygotycznych. Najczęstszym źródłem DNA jądrowego w praktyce kryminalistycznej są: krew, ślina, nasienie, wydzielina z dróg rodnych oraz cebulki włosów. W kryminalistycznych badaniach genetycznych coraz częściej wykorzystywane są również tzw. ślady kontaktowe w postaci substancji potowłuszczowej zawierającej złuszczone komórki naskórka, tworzącej ślady daktyloskopijne¹. Jako materiał porównawczy do badań genetycznych najczęściej służą wymazy śliny² lub próbki krwi. Mogą to być także cebulki włosów bądź próbki wydzielin.

Analizę mtDNA³ przeprowadza się w przypadkach identyfikacji zwłok zeszkieletowych lub zwłok znajdujących się na daleko posuniętym etapie rozkładu gnilnego, kiedy to następuje szybka degradacja DNA jądrowego. Źródłem mtDNA, posiadającego kolistą formę i występującego w komórkach soma-

* Katedra Kryminalistyki i Medycyny Sądowej, Wydział Prawa i Administracji, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, e-mail: jk.moszczyński@gmail.com.

¹ B. Młodziejowski, I. Sołtyszewski, *Ślady biologiczne*, [w:] *Ślady kryminalistyczne. Ujawnianie, zabezpieczanie, wykorzystanie*, red. M. Goc, J. Moszczyński, Warszawa 2007, s. 125–186; J. Babeczka, *Skóra jako źródło śladów kryminalistycznych w kontekście badań DNA*, [w:] *Aktualne zagadnienia biologii kryminalistycznej*, red. I. Sołtyszewski, Warszawa 2002, s. 61–68; G. Grzesiak, T. Konopka, M. Lech, *DNA zabójcy na szyi ofiary zadławienia*, „Problemy Kryminalistyki” 2007, nr 257, s. 55–58.

² R. Juźwiak, *Ocena przydatności wybranych zestawów do pobierania wymazów ze śluzówki jamy ustnej*, [w:] *Aktualne zagadnienia biologii...*, s. 44–49.

³ K. Gawęda-Walerych, I. Sołtyszewski, *Zastosowanie analizy mitochondrialnego DNA w badaniach kryminalistycznych – perspektywy*, „Problemy Kryminalistyki” 2005, nr 248, s. 5–13.

tycznych w kilkuset kopiach, są: kości, zęby, paznokcie lub włosy⁴, co sprawia, że jest ono bardzo odporne na degradację. DNA mitochondrialne, w porównaniu z DNA jądrowym, zawiera jednak zaledwie niewielki ułamek procenta informacji genetycznej, a ponadto dziedziczone jest wyłącznie w linii matczynej, tzn., że dzieci tej samej kobiety mają identyczny mtDNA. DNA mitochondrialne posiada więc daleko mniejszą siłę dyskryminującą (różnicującą osoby) niż DNA jądrowe.

Identyfikacja genetyczna stała się wielkim osiągnięciem kryminalistyki⁵, zaś ekspertyza genetyczna jest jednym z najbardziej wartościowych dowodów procesowych⁶. Bardzo wysoką ocenę wartości dowodowej ekspertyz genetycznych potwierdzają badania ankietowe. W ramach badań własnych⁷, przeprowadzonych wśród prokuratorów i sędziów, respondenci najwyżej ocenili identyfikację genetyczną, a następnie daktyloskopijną. Podobne rezultaty uzyskali Józef Wójcikiewicz⁸ oraz Wojciech Achrem⁹. O sukcesie identyfikacji genetycznej zdecydowało wiele czynników:

– obiektywizm wynikający z faktu stosowania zaawansowanych technologicznie i wystandaryzowanych badań aparaturowych oraz statystycznych metod oceny uzyskanych wyników;

– wysoka czułość osiągnięta poprzez wykorzystanie techniki PCR¹⁰ (*Polymerase Chain Reaction*), która umożliwia syntezę (namnażanie) dowolnej liczby kopii każdej sekwencji genomowego DNA, dzięki czemu możliwa jest identyfi-

⁴ R. Włodarczyk, *Historia, teraźniejszość i perspektywy kryminalistycznych badań włosów ludzkich*, Szczytno 2007, s. 44–53; R. Włodarczyk, T. Marcinkowski, *Możliwości identyfikacji sprawców przestępstw na podstawie włosów ludzkich znalezionych na miejscu zdarzenia*, „Problemy Kryminalistyki” 1998, nr 219, s. 56–58.

⁵ T. Tomaszewski, *Genetyczne badania identyfikacyjne – przełom i wyzwanie kryminalistyki*, „Problemy Współczesnej Kryminalistyki” 1996, t. 1, s. 127–141; *idem*, *Ekspertyza DNA jako dowód naukowy*, [w:] *Kryminalistyka dla prawa. Prawo dla kryminalistyki*, red. V. Kwiatkowska-Wójcikiewicz, Toruń 2010, s. 81–91.

⁶ M. Kleinowska, *Analiza śladów genetycznych jako dowód w procesie karnym – cz. I*, „Problemy Kryminalistyki” 2006, nr 252, s. 13–20; *eadem*, *Analiza śladów genetycznych jako dowód w procesie karnym – cz. II*, „Problemy Kryminalistyki” 2006, nr 253, s. 9–14.

⁷ J. Moszczyński, *Subiektywizm w badaniach kryminalistycznych. Przyczyny i zakres stosowania subiektywnych ocen w wybranych metodach identyfikacji człowieka*, Olsztyn 2011, s. 205–206. W badaniach ankietowych przeprowadzonych w latach 2008–2009 wzięło udział 120 prokuratorów oraz 91 sędziów (karnistów) z Warszawy.

⁸ J. Wójcikiewicz, *Dowód naukowy w procesie sądowym*, Kraków 2000, s. 12–13.

⁹ W. Achrem, *Opinia biegłego z zakresu badań genetycznych w świetle analizy rezultatów badania ankietowego. Moc dowodowa, wiarygodność i przydatność naukowego środka dowodowego do dowodzenia wybranych rodzajów przestępstw*, „Problemy Kryminalistyki” 2013, nr 282, s. 9–16; *idem*, *Opinia biegłego z zakresu badań genetycznych w świetle badań ankietowych. Preferencje i oczekiwania organów procesu karnego oraz stron postępowania karnego*, „Problemy Kryminalistyki” 2014, nr 285, s. 34–41.

¹⁰ K. Mullis, F.A. Faloona, S. Schaff, R. Saiki, G. Horn, H. Erlich, *Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: The polymerase chain reaction*, “Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology” 1986, No. 51, s. 263–273; E. Wojtuszek, M. Nałęcka, A. Chmiel, *Badanie polimorfizmu DNA przy użyciu techniki PCR*, Warszawa 2000.

kacja osób w oparciu o nawet znikomą ilość materiału genetycznego, znajdującego się w śladach biologicznych;

– duża selektywność tej metody umożliwiająca już identyfikację indywidualną.

Ponadto kryminalistyczne zastosowania analiz DNA korzystają z osiągnięć potężnej nauki, jaką jest genetyka.

Naukowym podstawom identyfikacji genetycznej, a zwłaszcza budowaniu baz populacyjnych profili DNA i wykorzystywaniu ich do statystycznej oceny wyników analiz porównawczych, sprzyja prosta i bardzo klarowna budowa kwasu deoksyrybonukleinowego, który składa się tylko z czterech elementów. Są to nukleotydy: adeninowe, tymidynowe, cytozynowe i guaninowe, oznaczane jako: A, T, C, G. Spiralnie skręcone nici połączone są zawsze parami tych samych nukleotydów – A zawsze łączy się z T, a C z G. W ten sposób sekwencja nukleotydów jednej nici określa w sposób jednoznaczny ich kolejność w drugiej. O niciach DNA, które utworzyły takie pary, mówi się, że są wzajemnie komplementarne.

Ponadto DNA jest niezmienny, jeśli pominąć kwestie transfuzji krwi oraz transplantacji. Właściwości, jakimi charakteryzuje się DNA – indywidualność, niezmienność, wysoki poziom określoności (prosta i klarowna struktura) oraz niemodyfikowalność¹¹ – w szczególności sprzyjają obiektywizmowi identyfikacji genetycznej.

Do identyfikacji wykorzystuje się tylko kilkanaście krótkich wycinków łańcucha DNA, zwanych allelami, w ściśle określonych miejscach na chromosomach (*loci*). W genetyce kryminalistycznej szczególnie przydatne są sekwencje mikrosatelitarne, o jednostce powtarzalnej liczącej 2–6 par zasad (najczęściej 4 pary zasad), zwane układami STR (*Short Tandem Repeats*)¹², powtarzających się od kilku do kilkudziesięciu razy. U jednego osobnika w jednym *locus* mogą wystąpić maksymalnie dwa allele, ale w populacji wielu ludzi takich alleli jest bardzo dużo. Zjawisko to określane jest jako polimorfizm DNA i stanowi podstawę identyfikacji genetycznej człowieka¹³.

Identyfikacja genetyczna przy wykorzystaniu techniki PCR prawie na wszystkich etapach (ekstrakcja DNA¹⁴, pomiar stężenia DNA¹⁵, reakcja PCR (amplifikacja) i rozdział elektroforetyczny) wykonywana jest przy użyciu zau-

¹¹ J. Moszczyński, *op. cit.*, s. 92–93.

¹² W. Branicki, T. Kupiec, P. Wolańska-Nowak, *Badania DNA dla celów sądowych*, Kraków 2008, s. 20–23; T.R. Moretti, A.L. Baumstark, D.A. Defenbaugh, K.M. Keys, J.B. Smerick, B. Budowle, *Validation of short tandem repeats (STRs) for forensic usage: Performance testing of fluorescent multiplex STR system and analysis of authentic and simulated forensic samples*, "Journal of Forensic Sciences" 2001, No. 46(3), s. 647–660.

¹³ R. Pawłowski, *Medyczo-sądowe badania śladów biologicznych*, Kraków 1997, s. 89–94.

¹⁴ M. Nagy, P. Otremba, C. Krüger, S. Bergner-Greiner, P. Anders, B. Henske, M. Prinz, L. Roewer, *Optimization and validation of fully automated silica-coated magnetic beads purification technology in forensics*, "Forensic Science International" 2005, No. 152, s. 13–22.

¹⁵ M.L. Richard, R.H. Frappier, J.C. Newman, *Development validation of a real-time quantitative PCR assay for automated quantification of human DNA*, "Journal of Forensic Sciences" 2003, No. 48, s. 1041–1046.

tomatyzowanej aparatury, w związku z czym nie zawiera elementów subiektywizmu.

Interpretacja wyników elektroforezy (analiza wysokości, kształtu i lokalizacji pików) dokonywana jest przy udziale eksperta i nie zawsze może być jednoznaczna¹⁶. Szczególny problem stanowią: analiza zdegradowanego materiału biologicznego, zbyt małe stężenie DNA oraz mieszaniny śladów kilku osób¹⁷. W takich przypadkach mogą się pojawiać elementy subiektywnych ocen.

2. Opiniowanie – od identyfikacji grupowej do indywidualnej

W przypadku stwierdzenia zgodności profili genetycznych dokonuje się obliczeń wartości ilorazu wiarygodności lub prawdopodobieństwa ich przypadkowej zbieżności przy wykorzystaniu populacyjnych baz danych¹⁸. W badaniach genetycznych stosowane są dwa podejścia do szacunków statystycznych: ortodoksyjne, które polega na obliczeniu prawdopodobieństwa powtórzenia się takiego samego profilu w populacji, oraz podejście subiektywne, oparte na teorii Bayesa prawdopodobieństw warunkowych, a w szczególności na wartości ilorazu wiarygodności (LR)¹⁹.

LR jest stosunkiem prawdopodobieństw dwóch hipotez: (1) materiał dowodowy pochodzi od tej samej osoby, od której pobrano materiał porównawczy (np. podejrzanego), (2) materiał dowodowy pochodzi od innej osoby, a zgodność profili jest przypadkowa²⁰. Im większa jest wartość ilorazu wiarygodności, tym mocniejszy jest dowód na poparcie pierwszej hipotezy. W profilach, które nie są mieszaninami DNA różnych osób, LR jest zwykłą odwrotnością częstości profilu

¹⁶ J.M. Butler, *Forensic DNA typing. Biology, technology, and genetics of STR markers*, Amsterdam 2005, s. 123–179; W.C. Thompson, *Subjective interpretation, laboratory and the value of forensic DNA evidence: Three case studies*, „Genetica” 1995, No. 96, s. 153–168.

¹⁷ P. Gill, J. Curran, C. Neumann, A. Kirkham, T. Clayton, J. Lambert, *Interpretation of complex DNA profiles using empirical models and a method to measure their robustness*, „Forensic Science International: Genetics” 2008, No. 2, s. 91–103.

¹⁸ I. Sołtyszewski, A. Niemcunowicz-Janica, W. Pepiński, J. Janica, *Genetyka populacyjna układów HumFES/FPS i HumF13B w populacji północno-wschodniej Polski*, [w:] *Aktualne zagadnienia biologii...*, s. 88–93; E. Sadowska, I. Sołtyszewski, G. Grzesiak, M. Lech, P. Masłowski, *Częstości alleli zestawu GenePrint SilverSTR III Multiplet System w populacji Małopolski i Podkarpacia*, „Problemy Kryminalistyki” 2002, nr 238, s. 25–27; E. Sadowska, M. Lech, I. Sołtyszewski, *Analiza 10 loci zestawu SGM Plus w próbie populacyjnej Małopolski*, „Problemy Kryminalistyki” 2004, nr 244, s. 49–52.

¹⁹ I.W. Evett, B.S. Weir, *Interpreting DNA evidence. Statistical genetics for forensic scientists*, Sunderland 1998; I.W. Evett, *Evaluation of DNA profiles: sense and nonsense*, „Journal of Forensic Sciences” 1991, No. 31, s. 205–207; A. Collins, N.E. Morton, *Likelihood ratios for DNA identification*, „Proceedings of National Academy of Science USA” 1994, No. 91, s. 6007–6011; D.E. Krane, S. Ford, J.R. Gilder, K. Inman, A. Jamieson, R. Koppl, I.I. Kornfield, D.M. Risinger, N. Rudin, M.S. Taylor, W.C. Thompson, *Sequential unmasking: A means of minimizing observer effects in forensic DNA interpretation*, „Journal of Forensic Sciences” 2008, No. 53(4), s. 1006–1007.

²⁰ P. Wolańska-Nowak, *Interpretacja wyników ekspertyzy*, [w:] *Ekspertyza sądowa. Zagadnienia wybrane*, red. J. Wójcikiewicz, Warszawa 2007, s. 576–587.

w populacji. W przypadku interpretacji mieszanin wzory LR są bardziej skomplikowane i uwzględniają m.in. liczbę znanych i nieznaną osób oraz liczbę i częstość występowania poszczególnych alleli. Wartość dowodu z mieszanin DNA jest znacznie mniejsza, niż ma to miejsce w przypadku śladów biologicznych pojedynczych osób.

W tabeli 1 przedstawione są zakresy wartości LR oraz przykład ich interpretacji²¹. Należy przy tym zaznaczyć, że nie został przyjęty jednolity standard w tym zakresie. Zwłaszcza wymagania co do wartości ilorazu wiarygodności w najwyższym progu (opinia kategoriowa lub „granicząca z kategoriową”) mogą się różnić²². Ustalanie wartości identyfikacyjnej określonego profilu genetycznego oparte jest na obiektywnych obliczeniach statystycznych, jednakże zdarzające się różnice w ich interpretacji należy uznać za element subiektywizmu w tym zakresie.

Tabela 1. Przykład interpretacji wyników ekspertyzy genetycznej

Wartość LR	Ocena słowna	Kierunek wnioskowania
1000 i więcej 330–1000 100–330 33–100 1–33	dowód bardzo mocny dowód mocny dowód dobry dowód średni dowód słaby	wsparcie hipotezy oskarżenia (ślad pochodzi od podejrzanego/oskarżonego)
1	nierozstrzygnięty	brak wsparcia żadnej z hipotez
1–0,03 0,03–0,01 0,01–0,003 0,003–0,001 0,001 i mniej	dowód słaby dowód średni dowód dobry dowód mocny dowód bardzo mocny	wsparcie hipotezy obrony (ślad nie pochodzi od podejrzanego/oskarżonego)

Źródło: opracowanie własne.

W opiniach z badań genetycznych przytaczane są obliczone wartości ilorazu wiarygodności lub prawdopodobieństwa, które opatrywane są słownym komentarzem. W przypadku uzyskania pełnej zgodności profili stwierdza się np., że: „Stwierdzono zgodność profili genetycznych w śladzie dowodowym i materiale porównawczym, pobranym od podejrzanego, i szansa, że ślad pochodzi od podejrzanego, jest miliard razy większa niż możliwość pozostawienia go przez inną osobę”.

Większość ekspertów nie stosuje sformułowań kategoriowych typu: „ślad pochodzi od podejrzanego” nawet wówczas, gdy wartość ilorazu wiarygodności

²¹ T. Kupiec, *Ekspertyza genetyczna*, [w:] *Ekspertyza sądowa...*, s. 381.

²² W Centralnym Laboratorium Kryminalistycznym KGP do wydania opinii kategoriowej wymagane jest, aby prawdopodobieństwo powtórzenia się profilu genetycznego w bazie populacyjnej wynosiło 10^{-9} lub mniej. Ustalenie progów wartości prawdopodobieństwa lub ilorazu wiarygodności odbywa się w sposób arbitralny – zob. np.: W.C. Thompson, S.A. Cole, *Psychological aspects of forensic identification evidence*, [w:] *Expert psychological testimony for the courts*, eds. M. Costanzo, D. Krauss, K. Pezdek, New Jersey–London 2007, s. 45.

jest bardzo wysoka. Znikome prawdopodobieństwo przypadkowej zgodności profili²³ komentowane jest zazwyczaj przy użyciu sformułowania: „Ślad pochodzi od podejrzanego z prawdopodobieństwem graniczącym z pewnością”. Praktyka taka wynika z zastosowania obliczeń statystycznych do oceny wartości dowodu i jest raczej wyrazem precyzji ustaleń niż braku ich pewności. Nie wydaje się, żeby „zaokrąglenie” statystycznego prawdopodobieństwa graniczącego z pewnością do praktycznej pewności, po wykluczeniu możliwości pochodzenia śladu biologicznego od członka rodziny podejrzanego, było nadużyciem – wynika to z prawa wielkich liczb. Tym bardziej, że stały rozwój technologii pozwolił na przekroczenie kolejnego rubikonu w badaniach genetycznych. „W początkowym okresie analiz wartość parametru prawdopodobieństwa wynosiła 10^{-7} , co oznaczało, że w grupie 10 000 000 niespokrewnionych osób hipotetycznie jedna ma taki profil DNA. Wynik obliczeń matematycznych pozwalał jedynie na identyfikację grupową. Stosowane obecnie zestawy do genotypowania pozwalają na oznaczenie tej wartości w skali zbliżonej do 10^{-28} . Tak więc, biorąc pod uwagę prawa genetyki populacyjnej oraz reguły prawdopodobieństwa, nie pojawi się inna, niespokrewniona, przypadkowa osoba z populacji, która będzie miała taki sam profil DNA. Co więcej, takiej osoby także nie było od początku istnienia gatunku”²⁴.

3. Identyfikacja genetyczna „złotym” standardem identyfikacji kryminalistycznej

Identyfikacja oparta na profilach DNA stała się szybko wzorcem kryminalistycznego dowodu naukowego, odsłaniając jednocześnie braki podstaw naukowych we wszystkich innych (w różnym stopniu) metodach identyfikacyjnych, poza badaniami fizykochemicznymi.

Nagle zauważono, że wielu dyscyplinom kryminalistyki brakuje oparcia na naukowych teoriach i wystarczających danych doświadczalnych, jak również precyzyjnych metodyk w prowadzonych badaniach porównawczych. Identyfikacja daktyloskopijna, uważana wcześniej za „złoty” standard identyfikacji człowieka, a tym bardziej identyfikacja pismoznawcza, traseologiczna, mekhanoskopijna, identyfikacja broni palnej i inne znalazły się w ogniu krytyki, zwłaszcza na łamach amerykańskich periodyków kryminalistycznych. Między innymi w książce K.M. Pyrek o wymownym tytule: *Forensic science under siege. The challenges of forensic laboratories and the medico-legal death investigation system*²⁵ znajdujemy szereg bardzo krytycznych wypowiedzi.

²³ W.C. Thompson, F. Taroni, C.G.G. Aitken, *How the probability of a false positive affects the value of DNA evidence*, „Journal of Forensic Sciences” 2003, No. 48(1), s. 47–54.

²⁴ W. Achrem, *Proces indywidualizacji w kryminalistycznych badaniach genetycznych*, [w:] *Przebieżność, dowody, prawo. Księga jubileuszowa prof. Bronisława Młodziejowskiego*, red. J. Moszczyński, D. Solodov, I. Sołtyszewski, Olsztyn 2016, s. 39–56.

²⁵ K.M. Pyrek, *Forensic science under siege. The challenges of forensic laboratories and the medico-legal death investigation system*, Amsterdam 2007.

W przełomowym raporcie o stanie kryminalistyki, opracowanym przez National Academy of Science na zlecenie Kongresu USA (2009 r.), dokonano krytycznej oceny podstaw naukowych metod identyfikacyjnych w następujących dyscyplinach kryminalistyki: daktyloskopia, badania broni palnej, mechanoskopia, odontoskopia, traseologia, badania dokumentów, badania biologiczne (genetyka, włosy, analiza śladów krwawych), badania fizykochemiczne (lakier, narkotyki, włókna, płyny, materiały wybuchowe) oraz badania zapisów cyfrowych. W rezultacie model identyfikacji genetycznej wskazano jako wzorcowy, natomiast pozostałym metodom, z wyjątkiem badań fizykochemicznych, zarzucono brak wystarczających podstaw naukowych²⁶. Do podobnych wniosków doszli także naukowcy z Uniwersytetu w Lozannie, którzy opracowali raport na zlecenie Rady Europy (2010 r.)²⁷.

W literaturze amerykańskiej pojawiło się w ostatnich latach także wiele opracowań, których autorzy przewidują nadchodzącą zmianę paradygmatu kryminalistyki bądź postulują taką potrzebę²⁸. Głosy takie pojawiają się także u nas²⁹. Zmiana ta miałaby polegać na zastąpieniu badań jakościowych (subiektywne oceny ekspertów) badaniami ilościowymi (różnego rodzaju pomiaru i metody statystyczne).

Zauważmy jednak, że fundamentem identyfikacji są cechy identyfikacyjne, których właściwości decydują o możliwościach zastosowania określonych metod badawczych i wyznaczają obszary subiektywizmu. Niestabilność cech (zmienność, modyfikowalność) oraz ich niski poziom określoności powodują rozchwianie całego procesu identyfikacji. Takie właściwości cech nie pozwalają często na jednoznaczne stwierdzenie zgodności pomiędzy materiałem dowodowym i porównawczym. Nie pozwalają także na zbudowanie precyzyjnych katalogów cech ani baz populacyjnych, a w konsekwencji na zastosowanie statystycznych metod oceny wyników badań porównawczych. Rozwijanie metod pomiarowo-statystycznych, budowanie katalogów cech i populacyjnych baz danych, a także automatyzacja badań przyczyniają się do redukcji obszarów subiektywizmu, jednakże odmienna natura obiektów analiz kryminalistycznych sprawia, że nie da się ujednoczyć różnych rodzajów identyfikacji ani całkowicie wyeliminować subiektywnej interpretacji ekspertów.

²⁶ *Strengthening forensic science in the United States: A path forward*, Committee on Identifying the Needs of Forensic Science Community, National Research Council, National Academic Press, Washington 2009, <http://www.nap.edu/catalog/12589/strengthening-forensic-science-in-the-united-states-a-path-forward> (5.10.2016).

²⁷ C. Champod, J. Vuille, *Scientific evidence in Europe – admissibility, appraisal and equality of arms*, Strasburg, 28 May 2010, [cedpc/docs 2010/ed pl \(2010\) 10-e](http://www.cedpc.org/docs/2010/ed-pl-2010-10-e) (5.10. 2016).

²⁸ M.J. Saks, J.J. Kohler, *The coming paradigm shift in forensic identification science*, "Science" 2005, No. 5736, s. 892–895; D.H. Kaye, *Probability, individualization, and uniqueness in forensic science evidence: Listening to the academics*, "Brooklyn Law Review" 2010, No. 4, s. 1163–1185; S.A. Cole, *Forensics without uniqueness, conclusions without individualization: the new epistemology of forensic identification*, "Law, Probability and Risk" 2009, No. 3.

²⁹ J. Konieczny, *Kryzys czy zmiana paradygmatu kryminalistyki?*, „Państwo i Prawo” 2012, nr 1, s. 3–16.

Niezależnie od tych ogólnych i niezbyt optymistycznych konstatacji należy zauważyć, że największe szanse na zbliżenie się do poziomu naukowości identyfikacji genetycznej ma daktyloskopia. Wynika to z podobnych właściwości linii papilarnych i DNA, wiodącej roli, jaką odgrywają obydwie metody w identyfikacji człowieka, a także z faktu funkcjonowania skomputeryzowanych baz danych genetycznych (kryminalnych i populacyjnych) oraz daktyloskopijnych (kryminalnych, które mogą posłużyć także jako bazy populacyjne). Zarówno linie papilarne, jak i DNA są niezmiennie, trwale i niemodyfikalne, co sprzyja obiektywizmowi w ramach tych badań identyfikacyjnych. Natomiast morfologia linii papilarnych jest nieporównywalnie bardziej złożona od konstrukcji DNA. Nieograniczona różnorodność budowy linii papilarnych sprawia, że wykorzystanie metod statystycznych do oceny wiarygodności identyfikacji daktyloskopijnej jest znacznie trudniejsze niż w przypadku identyfikacji genetycznej. Niemniej jednak powstało wiele modeli matematycznych odnoszących się do identyfikacji daktyloskopijnej, np.: model Balthazarda (1914), model Roxburgha (1933), model Amy'ego (1963), model Kingstona (1964), model Osterburga (1977), model Stoney'a i Thorntona (1985), model Champoda i Margota (1995), model Meaghera, Budowle'a i Ziesiga (1999). Uwzględniano w nich coraz większą liczbę rodzajów minucji, częstość ich występowania, wzajemne rozmieszczenie i potencjalne deformacje³⁰. Żaden z nich, z wyjątkiem pierwszego, który dał podstawy mało precyzyjnemu standardowi numerycznemu, nie znalazł jednak zastosowania w praktyce. Obiecujący program komputerowy, umożliwiający dokonywanie oceny wartości identyfikacyjnej dowolnej konfiguracji minucji w zeskanowanym śladzie za pomocą obliczanego ilorazu wiarygodności, przy wykorzystaniu baz systemów automatycznej identyfikacji daktyloskopijnej (AFIS), został opracowany w nieistniejącym już Forensic Science Service (2007)³¹. Niestety, pomimo zautomatyzowanego sposobu wykorzystania tego modelu matematycznego, polegającego na zeskanowaniu śladu oraz uruchomieniu funkcji programu komputerowego (przeszukanie bazy danych i dokonanie stosownych analiz statystycznych), pozostaje on od lat na etapie testowania. Można przyjąć, że prace w tym zakresie będą kontynuowane i obliczane wskaźniki statystyczne staną się narzędziem ograniczającym subiektywne oceny wartości identyfikacyjnych zespołów minucji.

W dużo trudniejszej sytuacji są inne metody identyfikacji kryminalistycznych, ponieważ niewykonalne jest zbudowanie precyzyjnych katalogów czy reprezentatywnych populacyjnych baz identyfikacyjnych cech pisma ręcznego (konstrukcje liter i ich wiązania, proporcje, klasa i topografia pisma, tempo, cieniowanie itp.), cech traseologicznych (różnego rodzaju zdarcia podeszew, ubytki,

³⁰ H.C. Lee, R.E. Gaensslen, *Advances in fingerprint technology*, Boca Raton 2001, s. 327–387.

³¹ C. Neumann, C. Champod, R. Puch-Solis, N. Egli, A. Anthonioz, A. Bromage-Griffits, *Computation of likelihood ratios in fingerprint identification for configurations of any number of minutiae*, "Journal of Forensic Sciences" 2007, No. 52(1), s. 54–64; N.M. Egli, C. Champod, P. Margot, *Evidence evaluation in fingerprint comparison and automated fingerprint identification systems – modeling within finger variability*, "Forensic Science International" 2007, No. 16792-30, s. 189–195.

rozcięcia itp.), cech mechanoskopijnych (niezliczona różnorodność narzędzi oraz kształtów ich krawędzi i mikronierówności ostrzy) i wielu innych.

4. Różnorodność zastosowań

Skomputeryzowane bazy danych DNA³², w których gromadzone są profile genetyczne osób podejrzanych oraz śladów biologicznych z miejsc zdarzeń, pozwalają nie tylko na identyfikację, ale także wykrywanie sprawców przestępstw w skali międzynarodowej³³ oraz ustalanie tożsamości osób i zwłok bądź szczątków ludzkich³⁴. Identyfikację genetyczną wykorzystuje się także w dochodzeniu ojcostwa i macierzyństwa, ustalaniu pokrewieństwa, identyfikacji zamienionych noworodków oraz zaginionych osób³⁵. Coraz częściej przedmiotem kryminalistycznych badań genetycznych są również ślady biologiczne pochodzenia zwierzęcego i roślinnego³⁶.

Identyfikacja genetyczna wykorzystywana jest do weryfikowania błędnych wyroków sądowych – dzięki amerykańskiemu Innocence Project, który uruchomił w 1992 r. Peter Neufeld i Barry Scheck w Cardozo School of Law, do chwili obecnej uniewinniono 344 osoby, spośród których znaczna część spędziła długi czas w celi śmierci, w oczekiwaniu na egzekucję. Ponadto ustalono 148 rzeczywistych sprawców przestępstw³⁷.

Badania genetyczne pozwalają również rozwikływać zagadki zamierchłej przeszłości poprzez np. identyfikację szczątków znanych postaci historycznych³⁸.

³² M. Goc, H. Dąbrowska, *Polska baza danych DNA dziś i jutro*, „Problemy Kryminalistyki” 2002, nr 237, s. 5–7; A. Filewicz, I. Sołtyszewski, *Bazy danych DNA w Europie – rozwiązania legislacyjne*, „Problemy Kryminalistyki” 2003, nr 241, s. 5–12; P. Wolańska-Nowak, W. Branicki, *Baza danych profili DNA – nowe narzędzie dla wymiaru sprawiedliwości*, „Prokuratura i Prawo” 2000, nr 5, s. 87–98; J. Mondzelewski, *Problematyka międzynarodowej automatycznej wymiany danych DNA prowadzonej w ramach postanowień decyzji Prüm*, [w:] *Przestępczość w XXI wieku. Zapobieganie i zwalczanie. Problemy technologiczno-informatyczne*, red. E.W. Plywaczewski, W. Filipkowski, Z. Rau, Warszawa 2015, s. 485–502.

³³ J. Moszczyński, *Wymiana danych daktyloskopijnych i genetycznych w granicach Unii Europejskiej*, [w:] *Tożsamość polskiego prawa karnego*, red. S. Pikulski, M. Romańczuk-Grącka, B. Orłowska-Zielińska, Olsztyn 2011, s. 605–611.

³⁴ I. Sołtyszewski, B. Młodziejowski, *Problematyka identyfikacji NN zwłok i szczątków ludzkich*, [w:] *Badania kryminalistyczne (wybrane aspekty)*, red. I. Sołtyszewski, Olsztyn 2007, s. 43–54.

³⁵ E. Gruza, *Genetyka – zaginionym*, [w:] *Kryminalistyka dla prawników...*, s. 107–119.

³⁶ H.M. Coyle, UNH forensic botanist sets up national databank for marijuana DNA, <http://www.newhaven.edu/news-events/UNH-in-the-media/2011-12/195154/> (9.10.2016); H.M. Coyle, C.L. Lee, W.Y. Lin, H.C. Lee, T.M. Palmbach, Forensic botany: using plant evidence to aid in forensic death investigation, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16100764> (9.10.2016).

³⁷ Innocence Project, <http://www.innocenceproject.org/> (8.10.2016); zob. także: K. Kęćik, *Wolność dzięki DNA*, „Tygodnik Przegląd” 2007, nr 50; J. Wójcikiewicz, *Ekspertyza genetyczna w Polsce – 20 lat później*, [w:] *Kryminalistyka dla prawników...*, s. 93–105.

³⁸ *Tajemnica grobu Mikołaja Kopernika. Dialog ekspertów (Kraków 22–23 II 2010)*, red. M. Kowski, Kraków 2012.

5. Refleksje końcowe

Chociaż trudno przecenić rolę identyfikacji genetycznej w procesie zwalczania przestępczości, a także w wielu innych, pozakryminalistycznych zastosowaniach, to jednak należy pamiętać, że jest to jedna z licznych metod identyfikacyjnych, dla których nie ma alternatywy. Nawet jeśli wielu z nich nie uda się doścignąć genetyki w zakresie podstaw naukowych, co niestety jest bardzo prawdopodobne, to kryminalistyka musi jednak wykorzystywać wszelkie rodzaje śladów i możliwie szerokie spektrum badań. Dlatego nowy „złoty” standard identyfikacji należy traktować jako inspirację dla słabiej rozwiniętych pod względem naukowym metod badań kryminalistycznych, a nie ich negację.

Bibliografia

Dokumenty

- Champod C., Vuille J., Scientific evidence in Europe – admissibility, appraisal and equality of arms, Strasbourg, 28 May 2010, cdpc/docs 2010/cd pl (2010) 10-e (5.10.2016).
- Strengthening forensic science in the United States: A path forward*, Committee on Identifying the Needs of Forensic Science Community, National Research Council, National Academic Press, Washington 2009, <http://www.nap.edu/catalog/12589/strengthening-forensic-science-in-the-united-states-a-path-forward> (5.10.2016).

Opracowania

- Achrem W., *Opinia biegłego z zakresu badań genetycznych w świetle analizy rezultatów badania ankietowego. Moc dowodowa, wiarygodność i przydatność naukowego środka dowodowego do dowodzenia wybranych rodzajów przestępstw*, „Problemy Kryminalistyki” 2013.
- Achrem W., *Opinia biegłego z zakresu badań genetycznych w świetle badań ankietowych. Preferencje i oczekiwania organów procesu karnego oraz stron postępowania karnego*, „Problemy Kryminalistyki” 2014, nr 285.
- Achrem W., *Proces indywidualizacji w kryminalistycznych badaniach genetycznych*, [w:] *Przestępczość, dowody, prawo. Księga jubileuszowa prof. Bronisława Młodziejowskiego*, red. J. Moszczyński, D. Solodov, I. Sołtyszewski, Olsztyn 2016.
- Babecka J., *Skóra jako źródło śladów kryminalistycznych w kontekście badań DNA*, [w:] *Aktualne zagadnienia biologii kryminalistycznej*, red. I. Sołtyszewski, Warszawa 2002.
- Branicki W., Kupiec T., Wolańska-Nowak P., *Badania DNA dla celów sądowych*, Kraków 2008.
- Butler J.M., *Forensic DNA typing. Biology, technology, and genetics of STR markers*, Amsterdam 2005.
- Cole S.A., *Forensics without uniqueness, conclusions without individualization: the new epistemology of forensic identification*, “Law, Probability and Risk” 2009, No. 3.
- Collins A., Morton N.E., *Likelihood ratios for DNA identification*, “Proceedings of National Academy of Science USA” 1994, No. 91.
- Egli N.M., Champod C., Margot P., *Evidence evaluation in fingerprint comparison and automated fingerprint identification systems – modeling within finger variability*, “Forensic Science International” 2007, No. 16792-30.
- Evett I.W., *Evaluation of DNA profiles: sense and nonsense*, “Journal of Forensic Sciences” 1991, No. 31.
- Evett I.W., Weir B.S., *Interpreting DNA evidence. Statistical genetics for forensic scientists*, Sunderland 1998.
- Filewicz A., Sołtyszewski I., *Bazy danych DNA w Europie – rozwiązania legislacyjne*, „Problemy Kryminalistyki” 2003, nr 241.
- Gawęda-Walerych K., Sołtyszewski I., *Zastosowanie analizy mitochondrialnego DNA w badaniach kryminalistycznych – perspektywy*, „Problemy Kryminalistyki” 2005, nr 248.

- Gill P., Curran J., Neumann C., Kirkham A., Clayton T., Lambert J., *Interpretation of complex DNA profiles using empirical models and a method to measure their robustness*, "Forensic Science International: Genetics" 2008, No. 2.
- Goc M., Dąbrowska H., *Polska baza danych DNA dziś i jutro*, „Problemy Kryminalistyki” 2002, nr 237.
- Gruza E., *Genetyka – zaginionym*, [w:] *Kryminalistyka dla prawa. Prawo dla kryminalistyki*, red. V. Kwiatkowska-Wójcikiewicz, Toruń 2010.
- Grzesiak G., Konopka T., Lech M., *DNA zabójcy na szyi ofiary zadławienia*, „Problemy Kryminalistyki” 2007, nr 257.
- Juźwiak R., *Ocena przydatności wybranych zestawów do pobierania wymazów ze śluzówki jamy ustnej*, [w:] *Aktualne zagadnienia biologii kryminalistycznej*, red. I. Sołtyszewski, Warszawa 2002.
- Kaye D.H., *Probability, individualization, and uniqueness in forensic science evidence: Listening to the academics*, "Brooklyn Law Review" 2010, No. 4.
- Kęćik K., *Wolność dzięki DNA*, „Tygodnik Przegląd” 2007, nr 50.
- Kleinowska M., *Analiza śladów genetycznych jako dowód w procesie karnym – cz. I*, „Problemy Kryminalistyki” 2006, nr 252.
- Kleinowska M., *Analiza śladów genetycznych jako dowód w procesie karnym – cz. II*, „Problemy Kryminalistyki” 2006, nr 253.
- Konieczny J., *Kryzys czy zmiana paradygmatu kryminalistyki?*, „Państwo i Prawo” 2012, nr 1.
- Krane D.E., Ford S., Gilder J.R., Inman K., Jamieson A., Koppl R., Kornfield I.I., Risinger D.M., Rudin N., Taylor M.S., Thompson W.C., *Sequential unmasking: A means of minimizing observer effects in forensic DNA interpretation*, "Journal of Forensic Sciences" 2008, No. 53(4).
- Kupiec T., *Ekspertyza genetyczna*, [w:] *Ekspertyza sądowa. Zagadnienia wybrane*, red. J. Wójcikiewicz, Warszawa 2007.
- Lee H.C., Gaensslen R.E., *Advances in fingerprint technology*, Boca Raton 2001.
- Młodziejowski B., Sołtyszewski I., *Ślady biologiczne*, [w:] *Ślady kryminalistyczne. Ujawnianie, zabezpieczanie, wykorzystanie*, red. M. Goc, J. Moszczyński, Warszawa 2007.
- Mondzelewski J., *Problematyka międzynarodowej automatycznej wymiany danych DNA prowadzonej w ramach postanowień decyzji Prüm*, [w:] *Przestępczość w XXI wieku. Zapobieganie i zwalczanie. Problemy technologiczno-informatyczne*, red. E.W. Pływaczewski, W. Filipkowski, Z. Rau, Warszawa 2015.
- Moretti T.R., Baumstark A.L., Defenbaugh D.A., Keys K.M., Smerick J.B., Budowle B., *Validation of short tandem repeats (STRs) for forensic usage: Performance testing of fluorescent multiplex STR system and analysis of authentic and simulated forensic samples*, "Journal of Forensic Sciences" 2001, No. 46(3).
- Moszczyński J., *Subiektywizm w badaniach kryminalistycznych. Przyczyny i zakres stosowania subiektywnych ocen w wybranych metodach identyfikacji człowieka*, Olsztyn 2011.
- Moszczyński J., *Wymiana danych daktyloskopijnych i genetycznych w granicach Unii Europejskiej*, [w:] *Tożsamość polskiego prawa karnego*, red. S. Pikulski, M. Romańczuk-Grącka, B. Orłowska-Zielińska, Olsztyn 2011.
- Mullis K., Faloona F.A., Schaff S., Saiki R., Horn G., Erlich H., *Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: The polymerase chain reaction*, "Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology" 1986, No. 51.
- Nagy M., Otremba P., Krüger C., Bergner-Greiner S., Anders P., Henske B., Prinz M., Roewer L., *Optimization and validation of fully automated silica-coated magnetic beads purification technology in forensics*, "Forensic Science International" 2005, No. 152.
- Neumann C., Champod C., Puch-Solis R., Egli N., Anthonioz A., Bromage-Griffits A., *Computation of likelihood ratios in fingerprint identification for configurations of any number of minutiae*, "Journal of Forensic Sciences" 2007.
- Pawłowski R., *Medyczno-sądowe badania śladów biologicznych*, Kraków 1997.
- Pyrek K.M., *Forensic science under siege. The challenges of forensic laboratories and the medico-legal death investigation system*, Amsterdam 2007.
- Richard M.L., Frappier R.H., Newman J.C., *Development validation of a real-time quantitative PCR assay for automated quantification of human DNA*, "Journal of Forensic Sciences" 2003, No. 48.

- Sadowska E., Lech M., Sołtyszewski I., *Analiza 10 loci zestawu SGM Plus w próbie populacyjnej Małopolski*, „Problemy Kryminalistyki” 2004, nr 244.
- Sadowska E., Sołtyszewski I., Grzesiak G., Lech M., Masłowski P., *Częstości alleli zestawu GenePrint SilverSTR III Multiplet System w populacji Małopolski i Podkarpacia*, „Problemy Kryminalistyki” 2002, nr 238.
- Saks M.J., Kohler J.J., *The coming paradigm shift in forensic identification science*, “Science” 2005, No. 5736.
- Sołtyszewski I., Młodziejowski B., *Problematyka identyfikacji NN zwłok i szczątków ludzkich*, [w:] *Badania kryminalistyczne (wybrane aspekty)*, red. I. Sołtyszewski, Olsztyn 2007.
- Sołtyszewski I., Niemcunowicz-Janica A., Pepiński W., Janica J., *Genetyka populacyjna układów HumFES/FPS i HumF13B w populacji północno-wschodniej Polski*, [w:] *Aktualne zagadnienia biologii kryminalistycznej*, red. I. Sołtyszewski, Warszawa 2002.
- Tajemnica grobu Mikołaja Kopernika. Dialog ekspertów (Kraków 22–23 II 2010)*, red. M. Kowowski, Kraków 2012.
- Thompson W.C., *Subjective interpretation, laboratory and the value of forensic DNA evidence: Three case studies*, “Genetica” 1995, No. 96.
- Thompson W.C., Cole S.A., *Psychological aspects of forensic identification evidence*, [w:] *Expert psychological testimony for the courts*, eds. M. Costanzo, D. Krauss, K. Pezdek, New Jersey–London 2007.
- Thompson W.C., Taroni F., Aitken C.G.G., *How the probability of a false positive affects the value of DNA evidence*, “Journal of Forensic Sciences” 2003, No. 48(1).
- Tomaszewski T., *Ekspertyza DNA jako dowód naukowy*, [w:] *Kryminalistyka dla prawa. Prawo dla kryminalistyki*, red. V. Kwiatkowska-Wójcikiewicz, Toruń 2010.
- Tomaszewski T., *Genetyczne badania identyfikacyjne – przełom i wyzwania kryminalistyki*, „Problemy Współczesnej Kryminalistyki” 1996, t. 1.
- Włodarczyk R., *Historia, teraźniejszość i perspektywy kryminalistycznych badań włosów ludzkich*, Szczytno 2007.
- Włodarczyk R., Marcinkowski T., *Możliwości identyfikacji sprawców przestępstw na podstawie włosów ludzkich znalezionych na miejscu zdarzenia*, „Problemy Kryminalistyki” 1998, nr 219.
- Wojtuszek E., Nałęcka M., Chmiel A., *Badanie polimorfizmu DNA przy użyciu techniki PCR*, Warszawa 2000.
- Wolańska-Nowak P., *Interpretacja wyników ekspertyzy*, [w:] *Ekspertyza sądowa. Zagadnienia wybrane*, red. J. Wójcikiewicz, Warszawa 2007.
- Wolańska-Nowak P., Branicki W., *Baza danych profili DNA – nowe narzędzie dla wymiaru sprawiedliwości*, „Prokuratura i Prawo” 2000, nr 5.
- Wójcikiewicz J., *Dowód naukowy w procesie sądowym*, Kraków 2000.
- Wójcikiewicz J., *Ekspertyza genetyczna w Polsce – 20 lat później*, [w:] *Kryminalistyka dla prawa. Prawo dla kryminalistyki*, red. V. Kwiatkowska-Wójcikiewicz Toruń 2010.

Źródła internetowe

- Coyle H.M., UNH forensic botanist sets up national databank for marijuana DNA, <http://www.newhaven.edu/news-events/UNH-in-the-media/2011-12/195154/> (9.10.2016).
- Coyle H.M., Lee C.L., Lin W.Y., Lee H.C., Palmbach T.M., Forensic botany: using plant evidence to aid in forensic death investigation, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16100764> (9.10.2016).
- <http://www.innocenceproject.org/> (8.10.2016).

THE PHENOMENON OF GENETIC IDENTIFICATION

Abstract: DNA identification, which counts a few decades only, has revolutionized forensic science. Over a short period of time, genetic identification has become the most effective method of human identification, even when a tiny amount of biological material is available. Its dynamic development has allowed shifting efforts from group to individual identification. DNA analysis is broadly used for identification of criminal offenders, and due to computer-based DNA data-

bases – also allows detection of offenders internationally. The technique is fundamental in identification of disaster victims and also historically – in identification of bone remains. Furthermore, it is very useful in verification of wrongful convictions. In civil litigation, DNA analysis is irreplaceable in cases involving paternity testing. Genetic identification has quite solid scientific foundations and therefore, it has dethroned fingerprint identification, being earlier recognized as the “golden” standard of human identification. What is more, DNA analysis triggered the wave of criticism towards the majority of forensic methods of identification, which are considered to be characteristic by a high level of subjectivity, and which started the process of scientific development of these methods.

Keywords: DNA, IDENTIFICATION, FORENSIC SCIENCES, THE “GOLDEN” STANDARD