

MOLEKULÁRIS BŰNJELEK – GENETIKA A TÖRVÉNYSZÉKEN

MOLECULAR EVIDENCES – FORENSIC GENETICS

Pádár Zsolt¹, Kovács Gábor², Kozma Zsolt³

¹PhD, igazságügyi genetikus szakértő, tudományos munkatárs, tudományos tanácsadó, Igazságügyi Orvostani Intézet, Pécsi Tudományegyetem, Pécs, Általános Orvostudományi Kar, Kriminálisztikai és Kriminológiai Kutatóközpont, Széchenyi István Egyetem, Győr
zsolt.padar@aok.pte.hu

²PhD, igazságügyi orvosszakértő, egyetemi tanár, kutatóközpont vezető, Bűnügyi Tudományok Tanszék, Széchenyi István Egyetem, Kriminálisztikai és Kriminológiai Kutatóközpont, Széchenyi István Egyetem, Győr

³PhD, igazságügyi orvosszakértő, intézetigazgató

ÖSSZEFOGLALÁS

Az igazságügyi genetiká mint korábbi határtudomány, az ezredfordulón vált önálló tudománygyá. Ahogyan az az elnevezéséből is kiténik, önállósága mellett szorosan kapcsolódik egyaránt a genetikához és a bűnügyi tudományokhoz, sajátos módon ötvözi az egyik legdinamikusabban fejlődő természettudományi terület és az egyik legkonzervatívabb társadalomtudományi terület kihívásait, követelményrendszerét. Megállapításait, kutatási eredményeit nemcsak a tudományos közvélemény keretei között kell indokolnia és fenntartania, hanem a bírósági tárgyalótermekben, nemegyszer a vádlott szemébe nézve is meg kell ezt tennie. Léte és tevékenysége ezért jogállami keretek között értelmezhető, mindezek nélkül funkcióját veszti.

ABSTRACT

Forensic genetics evolved as a discrete field of science around the turn of the Millennium. As its name indicates, forensic DNA analysis is intrinsically connected to both genetics and forensic sciences, despite its existence as an independent scientific field. This science combines particularly the challenges and requirements of genetics as a dynamic field of natural sciences, and law as a conservative field of social sciences. The results and findings of forensic genetic research have to be developed, validated and accepted not only in the scientific community but also in the courtroom, often when directly looking into a suspect's eyes. The existence and operation of forensic genetics requires a legal framework of government laws. Without a well-developed, pluralistic legal platform and background its function can be lost.

Kulcsszavak: forenzikus tudományok, igazságügyi genetiká, igazságügyi genomika, igazságügyi DNS-vizsgálat, bűnügyi adatbázisok

Keywords: forensic science, forensic genetics, forensic genomics, forensic DNA profiling, forensic databases

BEVEZETÉS

Sherlock Holmes irodalmi színrelépése (1887) – az egyre kiterjedtebb olvasóközönségnek köszönhetően – már a köztudatban is megalapozta azt az igényt és szerepvállalást, amit a természettudományos módszerek alkalmazása jelenthet az illegális cselekmények valóságnak megfelelő felderítésében. Jogállami keretek között az adott bűnüggyel kapcsolatba hozható, a különböző helyszíneken fellelhető nyomok felismerése, dokumentálása, biztosítása – begyűjtése, megőrzése –, vizsgálata és összehasonlítása napjainkban számos, egyre bővülő tudományterületet érint, melyek alól a genetika sem lehet kivétel. Kutatók sora, így Hans Gross (1847–1915), Francis Galton (1822–1911), Alphonse Bertillon (1853–1914), vagy éppenséggel Karl Landsteiner (1868–1943), Franz Josef Holzer (1903–1974) és Sir Alec John Jeffreys (1950–) munkássága járult hozzá ahhoz a folyamathoz, melyben a korábban határterületként számontartott tudományterületek törvényszéki (forenzikus) tudományként önállósodtak. Habár a latin *forensis* – *forum* eredetű kifejezést Európában a 19. században néhány országban az igazságügyi-törvényszéki (gerichtliche, légale) szóhasználat váltotta fel, a terminológia változása nem járt együtt a területek kompetenciájának megváltozásával. Az angolszász jogterületen a krimináltechnika mint tudományos fogalom kevésbé elterjedt, helyette a *forensic science* (törvényszéki tudományok) fogalmat használják, amely alatt rendszerint a természettudományos (szakértői) módszerek alkalmazását értik. A zömében angol nyelvű szakirodalom dominanciája miatt a tárgyi bizonyítékok felkutatásával, vizsgálatával és értékelésével kapcsolatos tudományterületre és tudományos ismeretanyagra vonatkozó „forenzikus” terminológia napjainkra világszerte általánossá, elfogadottá vált. Az utóbbi másfél évtizedben hazánkban is azt tapasztaljuk, hogy a krimináltechnika fogalma a szakmai és tudományos nyelvből kiszorul, és azt a forenzikus tudományok elnevezés váltja fel. A magyar köznapi szóhasználat ugyanakkor még változatos formákat (például bűnügyi, igazságügyi, törvényszéki, kriminalisztikai genetika) jelenít meg.

Edmond Locard (1877–1966) – „tout contact laisse une trace”, azaz minden fizikai érintkezés nyomot, változást hagy hátra – paradigmája egyre inkább igazoltnak látszik a mai, modern vizsgáló eljárások tükrében. A korábban vizsgálhatatlan, csekély mennyiségű anyagmaradványokat is informatív módon analizálni képes technológiák megjelenése és fejlődése – a hatalmas adathalmazok esetenkénti prediktív feldolgozását és elemzését lehetővé tevő információs technológia fejlődésével karöltve – szinte beláthatatlan távlatokat nyit a bűnügyi-forenzikus tudományok területén is. A múltbéli történések jelen idejű adatok alapján történő feltárásának, majd jövőbeli rekonstruálásának, valószínűségeen alapuló előrejelzésének módszertanát napjainkban már nemcsak egy erőszakos bűncselekmény jogi eljárásában, hanem a vulkanológiától a paleontológiáig, a régészeti, őstörténeti és leszármazási kutatásokig egyaránt hasznosítják. A hasonlóságok ellenére

a törvényszéki tudományok lényegi eltérése azonban nem hagyható figyelmen kívül. A történeti, illetve az igazságügyi genetika például az alkalmazott módszertanokban, a DNS kinyerésétől a (le)származás, a földrajzi eredet valószínűsítéséig analóg, gyakran homológ formában megegyezik, ugyanakkor az eredmények értelmezése az előbbi területen „csupán” szakmai, tudományos vitát generál, az igazságügyi genetikusok véleménye, szakmai vitája azonban eredendően közvetlen jogkövetkezményekkel is jár.

MI? – KI? – HOL? – HOGYAN? – MIKOR? – KIVEL/MIVEL? – MIÉRT?

Az igazságügyi genetika – hasonlóan az egyéb, természettudományi alapokon nyugvó törvényszéki területekhez – a jogalkalmazói kérdéseket tudományos kérdésként megfogalmazva keres választ a tárgyi bizonyítékok kapcsán felmerülő kriminalisztikai problémákra. A törvényszéki vizsgálatok tudományos módszerekkel végzett vizsgálatok, amelyek azonban nem tekinthetők tudományos kísérleteknek. A múltban leképződött biológiai anyagmaradványok jelenben történő vizsgálata során ugyanis a „kísérlethez” szükséges paraméterek, változók nagy számban – esetenként ismeretlen és feltárhatatlan előzményként – komplex módon érvényesülhetnek. A komplexitásból fakadó korlátozott reprodukálhatóság mellett jelentős tényező a vizsgálható anyag sokszor rendkívül behatárolt, csekély mennyisége is, ami még inkább fokozza a minták egyediségét. A kondíciók összessége miatt még a bűnügyi helyszínek megfelelőnek és optimálisnak tartott mintái is szeszélyesen és sajátos módon viselkedhetnek a szakértői eljárás során (Pádár et al., 2019). Mindezek mellett a kis mennyiség, az alacsony cél-DNS-kópiaszám gyakran jár együtt az anyagmaradványok komplex keveredésével, ismeretlen számú donortól való származásával.

A törvényszéki genetikus szerepvállalása kettős, egyrészt – mikor a tettes a vizsgálat időpontjában ismeretlen – vizsgáló (kutató, nyomozó) funkciót, másrészt – mikor a genetikai bizonyítékot a bűncselekmény kontextusában értékeli – értékelő (bíró) feladatkört tölt be (Gill et al., 2018). A kriminalisztikai kérdések megválaszolásához a vizsgáló feladatkör lényeges, esetenként elsődleges célja a genetikai információ forrásának (source level) tisztázása, azaz a genetikai információt szolgáltató biológiai anyag – MI? – azonosítása. A forrásból származó genetikai profil meghatározása (sub-source level) a számításba vehető személyek felkutatásában, illetve az érintett személy(ek)től való származás kiértékelésében – KI? – játszik szerepet. Annak tisztázása pedig, hogy a bizonyítékként felhasználható biológiai anyag milyen módon – HOL? HOGYAN? (beyond-the-source/activity level) – kerülhetett a kérdéses felületre, a DNS eseti körülményeknek megfelelő transzferének, illetve a mintából történő visszanyerhetőségének vizsgálatával történhet (Taylor et al., 2018). Az időbeliség – MIKOR? – megállapítása

más diszciplínákhoz hasonlóan forenzikus szempontból sem kevésbé obskúrus, a múltban ható – például környezeti – tényezők komplexitása a jelen bizonyítékainak nem elhanyagolható dilemmáját jelenti. Habár a biológiai anyagok szerkezetből történő kikerülése idejére – jelen ismereteink alapján – a genetika nem ad választ, a relatív idő meghatározása – ti. milyen idős volt a szervezet, amikor a biológiai anyagmaradvány kikerült belőle – az intenzív kutatásoknak köszönhetően egyre pontosabbá válik (Horvath–Raj, 2018). Végül, de nem utolsósorban a fizikai bizonyítékok laboratóriumi vizsgálata szinte soha nem képes választ adni a MIÉRT?-re, de a genetikai és epigenetikai kutatások ebben az esetben is a jogalkalmazói határokat feszegetik (Palumbo et al., 2018).

A törvényszéki DNS-vizsgálat mintegy negyedszázada keresi a megfelelő válaszokat a fenti kérdésekre Magyarországon (Pádár et al., 2019). Ez alatt az idő alatt ügyek ezreiben segítette a jogalkalmazók nyomozati és ítélkezési munkáját, több ügyben pedig olyan válaszokat tudott adni, melyek elsődleges módon járultak hozzá a gyanúsítás alá vont személyek tisztázásához éppúgy, mint a valódi elkövetők bűnösségének alátámasztásához. A forenzikus genetika azonban már jó ideje nem tekinthető csupán emberközpontú tudományterületnek. A szervezett vadvilági bűnözés, a fatális állattámadások vagy éppenséggel állatkínzások, a bioterrorizmus, valamint a bűnügyi helyszínek bizonyítékként szolgáló, nem emberi eredetű biológiai anyagmaradványainak vizsgálati igénye további, széles körű fejlődést eredményezett, amely napjainkban is progresszív módon folytatódik (Arenas et al., 2017).

KIHÍVÁSOK

Az általános vélekedéssel ellentétben a genetikai vizsgálatok meglehetősen különbözőek. A számos módszer, valamint a módszerek kombinálásával kialakított munkafolyamatok analógiái mellett határozott különbséget kell tenni az ismert minták/mintatípusok és az ellenőrzött körülmények között történő vizsgálatok, illetve az ismeretlen, esetleg felismerhetetlen minták részben kontrollálható vizsgálata között.

MINTÁK – A bűncselekmények helyszínén vagy a holttestről biztosított biológiai nyomok rendkívül széles körét az elsődleges, illetve másodlagos nyomhordozó felületek anyagával és ismeretlen eredetű additív szennyeződéseivel kombinálva belátható az a sajátosság, ami a forenzikus genetikai vizsgálatokat az első lépésektől jellemzi (Burrill et al., 2019). Az összetettség gyakran a minták felismerését és azonosítását is megnehezíti, esetleg ellehetetleníti. A kriminalisztikai szempontok érvényre juttatása ezért a genetikus szakértőtől esetenként nemcsak a molekuláris technikák adekvát alkalmazását, hanem a helyszíni, a bonctermi vagy a különféle bűnjeltárgyakról történő releváns mintabiztosítást is megköve-

teli. Árnyalja a problémát, hogy egy adott bűncselekménnyel kapcsolatba hozható biológiai nyom jelentősége végső soron a későbbi bizonyítási eljárás során válik egyértelművé.

A biológiai anyagok – akár egész tetemek – a szervezetből történő kikerülésük, illetve elpusztulásuk után részben autolitikus, részben ismeretlen – reprodukálhatatlan –, komplex környezeti tényezőktől függő bomlási folyamatokon mennek keresztül, amely a vizsgálati minták minőségét nagymértékben befolyásolja. A folyamatok a biológiai váladékok felismerésére és azonosítására is hatással vannak. A genetikai bizonyíték forrásszintű azonosítását korábban kizárólag az eltérő specificitással és érzékenységgel bíró valószínűsítő-enzimatikus, illetve konfirmáló-immunológiai tesztek segítették, melyeket – a leginkább degradált mintákból – napjainkban már a szövetspecifikus DNS-metilációs mintázat, illetve mikrobiom, valamint az mRNS- és miRNS-vizsgálatok egészítenek ki (Dørum et al., 2019).

KIÉRTÉKELÉS – A bűnügyi minták viszonylag ritkán fordulnak elő egyéb környezeti anyagoktól elkülönült, homogén formában, ezért vizsgálatuk túlnyomó többségben az elsődleges nyomhordozó valamilyen alkotórészével, illetve – a biológiai anyagmaradványok egy másik felületre történő, változó mértékű átvihetőségét kihasználva – a másodlagos hordozóval együtt kezdődik. Az átvitel/visszanyerhetőség hatékonyságának összetettsége mellett (Burrill et al., 2019) az eredeti minta felülszennyezésének kockázatát is figyelembe kell venni, különösen a csekély mennyiségű és/vagy degradált mintáknál. Annál is inkább, mivel az eseti minták jelentős része eredeti formájában is több – ismert és ismeretlen – allédonortól származhat. A rossz minőségű, kis mennyiségű, kevert minták interpretálása komoly kihívást jelent, amit szignifikánsan megnehezíthetnek a kimutatott markereknél tapasztalható allélkiesések, illetve -többletek. Néha tudomásul kell venni, hogy a kiértékelési bizonytalanság olyan mértékű is lehet, ami még akkor sem teszi lehetővé az objektivitást, ha arra egyesek esetleg erős kísértést éreznek (Pádár et al., 2019). A látens, degradált minták mellett a komplex, kevert genetikai profilok – az információ feldolgozását segítő rendszerek integrálása ellenére – a kognitív torzítás elsődleges alanyai (Cooper–Meterko, 2019).

TECHNOLÓGIA – A vizsgálatok elterjedésével, az eredmények laboratóriumok közötti megfeleltetésével és nemzeti és nemzetközi adatbázisokba történő szerveződésével párhuzamosan megjelenő technológiai fejlesztések – a restrikciós hosszpolimorfizmus (RFLP) vizsgálatokat felváltó, rövid tandem szerű ismétléseket tartalmazó markerek (STR) vizsgálata – a forenzikus genetika történetében már egyszer kikényszerítette a felhalmozott adatok újvizsgálatának igényét, melyet azonban teljességgel megvalósítani nem sikerült. Az STR-vizsgálatok a genomiális információ töredékére fókuszálnak, így a teljes – vagy közel teljes – genom vizsgálatát célul kitűző technológiák – *next generation/massive*

parallel sequencing (NGS/MPS) – integrálása új kihívást jelent az eredmények konvertálhatósága terén.

A *state of the art* technológia rutinszerű használata emellett új áttörésekkel, egy lényegesen kibővült genetikai információ megismerésével is kecsegtet, ugyanakkor az érzékeny adatok elérhetőségének és felhasználhatóságának dilemmája fokozódó, esetenként egymásnak feszülő jogi és etikai érveket, vitákat generál (Shabani et al., 2018). A törvényszéki genetika fejlődése jogállami keretek között az érvek és ellenérvek figyelembevételével kell hogy megtörténjen.

A kognitív technológiai és infokommunikációs fejlesztések a forenzikus azonosítás területein egyre több folyamatban játszanak szerepet. A technológia és a szakértők közötti kommunikáció sikere a kognitív folyamatok helyes megosztásán, az így elérhető előnyök felhasználásán, illetve a hátrányok kiküszöbölésén alapul. Az igazságügyi genetika számára további kihívást jelent az emberi megismerés új, információs technológiai környezethez történő illesztése, és az abból fakadó kognitív torzítások kockázatának csökkentése (Pádár et al., 2020).

GENOM ÉS EPIGENOM

Az igazságügyi genetika kriminalisztikai alapvetéseknek köszönhetően leginkább – a kezdetekben szinte kizárólag – olyan molekuláris markerek vizsgálatát célozta meg, melyek az életkortól és a fiziológiás állapottól függetlenek, nagyfokú polimorfizmussal rendelkeznek, kodominánsan fejeződnek ki, valamint a szakmai ajánlásoknak és standardoknak megfelelően (URL1), teljességgel egyértelműen és reprodukálható módon határozhatók meg. A szempontok az 1990-es évektől kezdődően az STR kulcsmarkerekben testesülnek meg, melyek vizsgálata a genetikai ismeretekkel és technológiai fejlesztésekkel egyetemben napjainkig folyamatosan változik. A genomi információ – beleértve mitokondriumokat, illetve plazmiszókat is – rohamos bővülése számos további, eltérő típusú markert és azok különböző populációban való felmérését eredményezte.

Az ivari kromoszómák, a mitokondriális haplotípusok – uniparentális markerek – vizsgálatának elterjedése és kiszélesítése még az összetett, több donortól származó minták *sub-source*, illetve *sub-sub-source* értékelési szintjein is jelentős információtöbbletet eredményez. A korábbiakban kizárólagosan preferált, időben nem változó tulajdonságok mellett az analitikai palettán megjelentek az ún. gyorsan mutálódó lokuszok, melyekkel a közeli leszármazási vonalak megkülönböztetése is elérhető. A biállélikus markerek – egyetlen nukleotidot érintő (SNP), illetve inzerció/deléción (InDel) polimorfizmusok – már nemcsak az individuum azonosságára, hanem annak külső megjelenésére (fenotípusára) és biogeográfiai eredetére, metabolikus sajátosságaira vonatkozóan is lehetővé teszik a prediktív, nyomozati megismerést.

Az RNS-szintű vizsgálatok törvényszéki integrálása leginkább a molekuláris autopszia és a biológiai anyagmaradványok forrásszintű azonosítása során bír jelentőséggel. A DNS-től eltérően az RNS-molekulák a sejt-, illetve szövetelhalási folyamatokban a fiziológiai, valamint patofiziológiai mikro környezet függvényében gyorsabban, illetve különböző mértékben változnak meg. A szupravitalis jelenséggel összefüggő biológiai aktivitás, illetve a posztmortem molekuláris stabilitás emelheti vagy csökkentheti a releváns RNS mennyiségét, így hozzájárulhat a halál időpontjának – posztmortem intervallum (PMI) – és a sérülések korának pontosabb meghatározásához, a szövetek/szervek funkcionális állapotának jellemzéséhez (Poór et al., 2016), valamint a sérülések és a degradált minták sejt- és szövettípusának azonosításához (Dørum et al., 2019).

Ahogy fentebb említettük, a forenzikus genetika korábbi dogmája az érintett egyedek azonosságának megállapításához az idővel – életkorral – nem változó, alacsony mutációs rátával rendelkező markereket preferálta. Részben a technológia fejlődésének, részben a „nyomozói” szerepvállalás kihívásainak köszönhetően napjainkban azonban már a genom „dinamikusabb” sajátosságaira, az élet során megnyilvánuló, környezeti hatások által befolyásolt varianciára fókuszál (Vidaki–Kayser, 2017). Az epigenetikai változások a mutációtól eltérően általában reverzibilisek, és viszonylag gyorsan kifejeződnek. A főbb epigenetikai mechanizmusok – pl. citozin- és adenin-metiláció, hiszton-modifikáció, mikroRNS (miRNS) által befolyásolt génexpresszió – fenotípusra gyakorolt hatásaitak prediktív analízise a „genetikai bizonyíték” fogalmát a genetikai nyomozás irányába hajlítja. Habár egy feltételezett elkövető fenotípusára vonatkozó részleges információ – pl. neme, leszármazási vonala, valószínűsíthető populációs eredete – megszerzését a konvencionális markerek vizsgálata is elérhetővé teszi, a fizikai, fiziológiai jellemzőit, életmód- és életkor hű genetikai, nyomtatható változattá konvertálható „fényképét”, kriminológiai hátterét – MIÉRT? – a jogalkalmazó számára valószínűleg csak az epigenom vizsgálata teszi lehetővé (Vidaki–Kayser, 2018; Leshem–Weisburd, 2019).

Egy adott bűncselekménnyel vagy akár az elkövetővel kapcsolatba hozható „genetikai bizonyíték” azonban korántsem kizárólag a humán genomra terjedhet ki (Arenas et al., 2017). Állati szőrszálak, nyál, ürülék, növényi törmelék, levél, száltöredék, pollen, alga vagy akár összetett mikrobiom, mesterségesen manipulált anyagok, termékek, tradicionális gyógy- vagy gyógyhatásúnak vélt készítmények, „paradicsompalántaként” aposztrofált kendertövek reprezentálják azokat a genomokat, melyek vizsgálatával egy ismeretlen holttest személyazonossága tisztázható, illetve egy gyanúsítottból elkövető válhat. Az alkalmazott markerekkel szemben támasztott követelmények a humán markerekkel azonosnak mondhatók, de a faji sokrétűség lehetősége és a sok esetben korlátozott genetikai tudás, illetve a nyilvános tudáshalmaz – például nyilvános genetikai adatbázisok – igazságügyi követelményeknek nem megfelelő ellentmondásai ma még komoly problémát je-

lentenek. Habár a nem emberekkel kapcsolatos bűncselekmények prioritása a hatóságok részéről általában kisebb, a nem emberi eredetű biológiai anyagmaradványok vizsgálata az állatokkal kapcsolatos abúzusok, állattámadások, vadvilági bűnözés és természetkárosítás kapcsán már Magyarországon is elengedhetlenné vált (Zenke et al., 2015).

INFORMÁCIÓ ÉS KOGNÍCIÓ

Az elkövető által a helyszínen hátrahagyott molekuláris bizonyíték információ-tartalmát a modern, tömeges szekvenálási módszerek (NGS/MPS) rendkívüli mértékben kibővítették, bár a bűnüldözés potenciális társadalmi haszna a személyiségjogok érvényesülésével konfliktusba is kerülhet (Vidaki–Kayser, 2018; Shabani et al., 2018). Az információs technológia alkalmazását a korábbi, ma már „konvencionális” vizsgálatként számon tartott STR-profilok és profilkeveredések, illetve azok felhasználásával szerveződő nemzeti és nemzetközi adatbázisok sem nélkülözheték. A genetikai információ forrásának – helyszíni minták, érintett vagy véltlen személyek, potenciális rokonok –, valamint adattípusának – STR-profilok, leszármazási és fenotípus markerek – tömegessé válása azonban a genotípust, potenciális alléldonort, rokonsági/leszármazási kapcsolatokat valószínűsítő algoritmusok mellett egyre több, az adatelemzésen kívül kognitív műveletek elvégzésére is alkalmas program és technológia felhasználását indukálja. A kogníció, így a forenzikus kogníció is – a technológiai invenciók ellenére – nem mentes a különféle torzításoktól. A jogalkalmazói feltételrendszer az igazságügyi genetikától – mindamellett, hogy megállapításait a bírói mérlegelés körébe utalja – hitelt érdemlőséget és megbízhatóságot vár el, amit a vizsgáló folyamatok oldaláról nemzetközi minőségirányítási előírásoknak való megfeleltetéssel kíván biztosítani. A kognitív oldal személyes volta azonban a jog által nemcsak az IT-megoldások technikai paramétereinek beállításában és megbízhatóságában vitatható (Pádár et al., 2019).

A JELEN JÖVŐKÉPE

A törvényszéki genetika fentebb vázolt kihívásainak megoldása mellett a belátható jövő az alkalmazott technológia automatizálását, gyorsaságának és standard vizsgálati érzékenységének lehetséges megnövelését, mobilizálhatóságának kiterjesztését valószínűsíti. A „lehetséges legkevesebb biológiai anyagból kinyerhető lehetséges legtöbb információ” célkitűzése hosszú ideje változatlan, ugyanakkor mindennek várhatóan még inkább konkluzív módon, de a jogi elvárások mentén kell eleget tenni. A forenzikus DNS-vizsgálatok már múltban is hatást gyakorol-

tak a többi forenzikus tudományterületre, és ez a jövőben sem várható másképp. A vizsgálatok eredményein nyugvó szakértői vélemény hitelt érdemlősége, az esetleges hibás eredmények, illetve téves interpretációk részben szakmai (Pádár–Kovács, 2015), részben minőségirányítási (Nogel, 2017) és jogi (Kovács, 2017) eszközökkel minimalizálhatók, melyekhez azonban a büntetőeljárás garanciáinak maradéktalan érvényesülése szükséges. A megoldandó kihívások kiterjednek a mintabiztosítás, a vizsgálat és kiértékelés folyamatára éppúgy, mint az államok közötti bűnügyi információáramlás adattovábbítási, illetve adatszere folyamataira. A célok és elvárások teljesíthetősége a további kutatási erőfeszítéseket, illetve azok eredményét nélkülözhetetlenné teszi.

IRODALOM

- Arenas, M. – Pereira, F. – Oliveira, M. et al. (2017): Forensic Genetics and Genomics: Much More Than Just a Human Affair. *PLOS Genetics*, 13(9), e1006960. DOI: 10.1371/journal.pgen.1006960, <https://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371/journal.pgen.1006960>
- Burrill, J. – Daniel, B. – Frascione, N. (2019): A Review of Trace “Touch DNA” Deposits: Variability Factors and an Exploration of Cellular Composition. *Forensic Science International: Genetics*, 39, 8–18. DOI: 10.1016/j.fsigen.2018.11.019, https://kclpure.kcl.ac.uk/portal/files/103308462/A_Review_of_Trace_BURRILL_Firstonline27November2018_GREEN_AAM_CC_BY_NC_ND_.pdf
- Cooper, G. S. – Meterko, V. (2019): Cognitive Bias Research in Forensic Science: A Systematic Review. *Forensic Sci. Int*, 297, 35–46. DOI: 10.1016/j.forsciint.2019.01.016, <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0379073818304559>
- Dørum, G. – Ingold, S. – Hanson, E. et al. (2019): Predicting the Origin of Stains from Whole miRNome Massively Parallel Sequencing Data. *Forensic Science International: Genetics*, 40, 131–139. DOI: 10.1016/j.fsigen.2019.02.015
- Gill, P. – Hicks, T. – Butler, J. M. – Connolly, E. et al. (2018): DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: Assessing the Value of Forensic Biological Evidence. Guidelines Highlighting the Importance of Propositions: Part I: Evaluation of DNA Profiling Comparisons Given (Sub-) Source Propositions. *Forensic Science International: Genetics*, 36, 189–202. DOI: 10.1016/j.fsigen.2018.07.003, <https://bit.ly/2TWWgBt>
- Horvath, S. – Raj, K. (2018): DNA Methylation-Based Biomarkers and the Epigenetic Clock Theory of Ageing. *Nature Review Genetics*, 19, 6, 371–384. DOI: 10.1038/s41576-018-0004-3, https://www.researchgate.net/publication/324447658_DNA_methylation-based_biomarkers_and_the_epigenetic_clock_theory_of_ageing
- Kovács G. (2017): Az Európai Forenzikus Tudományos Társág (EFSA 2020) megalkotásának koncepciója. *Jog-Állam-Politika*, 1, 83–101., https://epa.oszk.hu/03000/03010/00005/pdf/EPA03010_jap-2017-01_083-101.pdf
- Leshem, R. – Weisburd, D. (2019): Epigenetics and Hot Spots of Crime: Rethinking the Relationship between Genetics and Criminal Behavior. *Journal of Contemporary Criminal Justice*, 35, 2, 186–204. DOI: 10.1177/1043986219828924, https://www.researchgate.net/publication/331223537_Epigenetics_and_Hot_Spots_of_Crime_Rethinking_the_Relationship_Between_Genetics_and_Criminal_Behavior

- Nogel, M. (2017): A szakértői minőségbiztosítási rendszer kialakításának előkérdései és alapfogalmai. *Jog-Állam-Politika*, 1, 115–133., https://epa.oszk.hu/03000/03010/00005/pdf/EPA03010_jap-2017-01_115-133.pdf
- Pádár Zs. – Kovács G. (2015): Misinterpretation of Sample Contamination in a Hungarian Casework. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 5, e425–e427. DOI: 10.1016/j.fsigss.2015.09.169, https://www.academia.edu/41674009/Misinterpretation_of_sample_contamination_in_a_Hungarian_casework
- Pádár Zs. – Kovács G. – Nogel M. et al. (2019): Genetika és bűnüldözés I. Az igazságügyi célú DNS vizsgálatok első negyedszázada Magyarországon. *Belügyi Szemle*, 67, 12, 7–34. <https://bit.ly/2TC8JeT>
- Pádár Zs. – Kovács G. – Nogel M. et al. (2020): Genetika és bűnüldözés II. – Az igazságügyi célú DNS vizsgálatok első negyedszázada Magyarországon. *Belügyi Szemle*, 68, 1, 9–32. <https://bit.ly/2IzdVK7>
- Palumbo, S. – Mariotti, V. – Iofrida, C. et al. (2018): Genes and Aggressive Behavior: Epigenetic Mechanisms Underlying Individual Susceptibility to Aversive Environments. *Frontiers in Behavioral Neuroscience*, 12, 117. DOI: 10.3389/fnbeh.2018.00117, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6008527/>
- Poór V. S. – Lukács D. – Nagy T. et al. (2016): The Rate of RNA Degradation in Human Dental Pulp Reveals Post-mortem Interval. *International Journal of Legal Medicine*, 130, 3, 615–619. DOI: 10.1007/s00414-015-1295-y, https://www.researchgate.net/publication/284729936_The_rate_of_RNA_degradation_in_human_dental_pulp_reveals_post-mortem_interval
- Shabani, M. – Borry, P. – Smeers, I. et al. (2018): Forensic Epigenetic Age Estimation and Beyond: Ethical and Legal Considerations. *Trends in Genetics*, 34, 7, 489–491. DOI: 10.1016/j.tig.2018.03.006
- Taylor, D. – Kokshoorn, B. – Biedermann, A. (2018): Evaluation of Forensic Genetics Findings Given Activity Level Propositions: A Review. *Forensic Science International: Genetics*, 36, 34–49. DOI: 10.1016/j.fsigen.2018.06.001, https://www.researchgate.net/publication/325640460_Evaluation_of_forensic_genetics_findings_given_activity_level_propositions_A_review
- Vidaki, A. – Kayser, M. (2017): From Forensic Epigenetics to Forensic Epigenomics: Broadening DNA Investigative Intelligence. *Genome Biology*, 18, 238. DOI: 10.1186/s13059-017-1373-1, <https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-017-1373-1>
- Vidaki, A. – Kayser, M. (2018): Recent Progress, Methods and Perspectives in Forensic Epigenetics. *Forensic Science International: Genetics*, 37, 180–195. DOI: 10.1016/j.fsigen.2018.08.008
- Zenke P. – Egyed B. – Pádár Zs. et al. (2015): Increasing Relevance of Non-human Genetics in Hungarian Forensic Practice. *Forensic Science International: Genetics, Supp Ser*, 5, e250–252. DOI: 10.1016/j.fsigss.2015.09.100, [https://www.fsigenicssup.com/article/S1875-1768\(15\)30211-0/fulltext](https://www.fsigenicssup.com/article/S1875-1768(15)30211-0/fulltext)

URL1: <https://www.isfg.org/Publications/DNA+Commission>