

Maria Szczepaniec

Badania genetyczne DNA na użytek procesu karnego

Zeszyty Prawnicze 13/1, 171-184

2013

Artykuł został opracowany do udostępnienia w internecie przez Muzeum Historii Polski w ramach prac podejmowanych na rzecz zapewnienia otwartego, powszechnego i trwałego dostępu do polskiego dorobku naukowego i kulturalnego. Artykuł jest umieszczony w kolekcji cyfrowej bazhum.muzhp.pl, gromadzącej zawartość polskich czasopism humanistycznych i społecznych.

Tekst jest udostępniony do wykorzystania w ramach dozwolonego użytku.

MARIA SZCZEPANIEC

Uniwersytet Kardynała Stefana Wyszyńskiego

BADANIA GENETYCZNE DNA NA UŻYTEK PROCESU KARNEGO

1. ZAGADNIENIA WPROWADZAJĄCE

Opis modelu cząsteczki DNA pojawił się po raz pierwszy w 1953 r. Dokonali tego Francis H. C. Crick i James D. Watson¹. Zapoczątkowało to nową erę w badaniach naukowych. Zastosowanie analizy DNA dla potrzeb organów ścigania i wymiaru sprawiedliwości umożliwiło odkrycie w 1985 r. przez Aleca Jeffreysa polimorficznych sekwencji minisatelitarnych i wprowadzenie technik „DNA fingerprinting”². Zastosowanie tej metody identyfikacji w praktyce sądowej wzbudzało jednak liczne kontrowersje, zwłaszcza w USA, gdzie proces prowadzenia ekspertyzy genetycznej określano mianem „wojny o DNA”³.

Dowód z badania DNA na użytek procesu karnego po raz pierwszy został wykorzystany w Wielkiej Brytanii w 1986r., w sprawie o zgwałcenie i zabójstwo. Zabezpieczono wówczas ślady biologiczne z materiałem genetycznym pochodzącym z 1983 r.⁴ Od tego momentu

¹ J. D. WATSON, F. H. CRICK, *Molecular structure of nucleic acids; a structure for deoxyribose nucleic acid*. Nature 1953, 171.

² *Badania kryminalistyczne (wybrane aspekty)*, red. I. SOŁTYSZEWSKI, Olsztyn 2007, s. 11.

³ Zob. H.C. COLEMAN, E. D. SWENSON, *The DNA Wars: Science Meets Law, DNA in the Courtroom: A Trial Watcher's Guide*, GeneLex Corporation 1994.

⁴ W. BRANICKI, T. KUPIEC, P. WOLAŃSKA-NOWAK, *Badania DNA dla celów sądowych*, Wydawnictwo Instytutu Ekspertyz Sądowych, Kraków 2008, s. 9-10.

analiza DNA w ekspertyzach kryminalistycznych zaczęła pojawiać się coraz częściej.

W Polsce pierwsza ekspertyza kryminalistyczna z wykorzystaniem badań genetycznych opracowana została w 1989 r. przez ekspertów Centralnego Laboratorium Kryminalistycznego Komendy Głównej Policji, z udziałem pracowników naukowych Zakładu Genetyki Człowieka PAN⁵.

Źródłem informacji genetycznych o cechach organizmów żywych jest kwas deoksyrybonukleinowy (DNA). DNA posiada zdolność do replikacji, czyli tworzenia kopii w trakcie podziałów komórkowych, również podczas tworzenia komórek rozrodczych. Właściwość ta pozwala na przekazywanie z pokolenia na pokolenie cech osobniczych. Materiał genetyczny dziedziczny od rodziców biologicznych. Charakterystyczną cechą DNA jest jego niepowtarzalność i niezmienność. Identyczne DNA posiadają jedynie bliźnięta jednojajowe. Większość DNA znajduje się w chromosomach. Chromosomy to struktury jądra komórkowego, a ich głównym składnikiem jest właśnie kwas deoksyrybonukleinowy⁶, który stanowi źródło informacji o cechach naszego organizmu. Te zakodowane w DNA informacje określa się jako genom bądź genotyp.

DNA jest polimerem zawierającym nukleotydy. Łańcuch DNA ma kształt podwójnej helisy, co przypomina skręcone schody lub drabinę. Ramami tej drabiny są nukleotydy zbudowane z cukru, którym jest pięciowęglowa dezoksyryboza zasady azotowej oraz reszty kwasu fosforowego. Szczeblami owej drabiny są natomiast wiązania wodorowe zakończone zasadami azotowymi. Te ostatnie to dwie puryny: adenina (A) i guanina (G), oraz dwie pirymidyny: tymina (T) i cytozyna (C). Nukleotydy łączą się między sobą, tworząc w ten sposób łańcuchy⁷.

W materiale genetycznym człowieka znajdują się regiony kodujące stanowiące ok. 1% genomu oraz regiony niekodujące, które stanowią

⁵ I. SOLTYSZEWSKI, *Dowód z badań DNA – wybrane aspekty*, [w:] *W trosce o rodzinę. Księga pamiątkowa ku czci Profesor Wandy Stojanowskiej*, Warszawa 2008, s. 471.

⁶ Tamże, s. 473.

⁷ Tamże, s. 474.

ok. 10-20 % tej części genomu. W badaniach genetycznych na potrzeby organów ścigania i wymiaru sprawiedliwości szczególną rolę odgrywają sekwencje mikrosatelitarne⁸.

Wskazuje się, że tylko 1% DNA znajduje się poza chromosomami w mitochondriach. DNA znajdujące się w jądrach komórkowych jest wielocząsteczkowym polimerem dezoksyrybonukleotydów. Dna mitochondrialne (mtDNA) to dwuniciowa kolistą cząsteczka, która zawiera 168569 nukleotydów. W odróżnieniu od jądrowego DNA, mtDNA występuje w komórce w wielu kopiach. Ich liczba sięga nawet 10 000⁹.

Jako że na początku przedmiot zainteresowania stanowiło zagadnienie dopuszczalności ekspertyzy genetycznej jako naukowego dowodu, sądy nie badały ekspertyzy genetycznej w ogóle, lecz naukowe podstawy jej poszczególnych metod dotyczących czysto technicznych kwestii, jak ujawnianie, oczyszczanie i badanie materiału biologicznego. W kręgu zainteresowania była także analiza uzyskanych wyników w aspekcie przyjętych wcześniej kryteriów stwierdzenia zgodności oraz badań populacyjnych. Zwracano także uwagę na odpowiedni poziom jakości pracy laboratoriów genetycznych, które takie opinie wydawały, jak również na sposób prezentacji wniosków¹⁰.

2. OGÓLNE ZASADY ANALIZY DNA

Badania laboratoryjne rozpoczyna izolacja DNA. Proces ten polega na usunięciu błony komórki oraz jądra komórkowego w przypadku genomu jądrowego i mitochondrium, gdy mamy genom mitochondrialny¹¹.

⁸ W skład regionów niekodujących wchodzi sekwencje powtórzone, występujące w wielu kopiach. Charakteryzują się one określoną wielkością i rodzajem nukleotydów. Wyróżnia się sekwencje rozproszone i sekwencje tandemowe. Te ostatnie określa się także satelitarnymi, dzielą się one na minisatelitarne i mikrosatelitarne. *Badania kryminalistyczne...*, s. 27.

⁹ Tamże, s. 27.

¹⁰ L. SKUZA, *Czy to zmierzch złotej ery DNA? Kilka uwag na temat błędów w opiniach genetycznych w procesie karnym (cz. 1)*, «Palestra» 9-10/2006, s. 109.

¹¹ W. BRANICKI, T. KUPIEC, P. WOLAŃSKA-NOWAK, *Badania DNA dla celów sądowych*, Wydawnictwo Instytutu Ekspertyz Sądowych, Kraków 2008, s. 44-45.

Możemy wyróżnić enzymatyczne i nieenzymatyczne metody izolacji. Wśród nieenzymatycznych występują metody fizyczne i chemiczne. Występuje także inny podział metod izolacji, w którym wskazuje się na metody precypitacyjne i chromatograficzne. Izolacja winna być zakończona oceną ilości i jakości uzyskanego DNA¹². Dokonuje się pomiaru stężenia wyizolowanego DNA, co rzutuje na prawidłowy przebieg całego procesu analizy śladów biologicznych. Wśród metod pozwalających na ocenę stężenia wyizolowanego DNA wyróżniamy m.in. metodę fluorymetryczną oraz metodę wykorzystującą zjawisko hybrydyzacji kwasów nukleinowych, tzn. łączenia się nici DNA o sekwencji komplementarnej. Od niedawna stosuje się także reakcję PCR w celu pomiaru stężenia DNA¹³.

Kluczowy etap badań genetycznych stanowi amplifikacja, która umożliwia enzymatyczne powielanie wybranych odcinków DNA z użyciem starterów hybrydujących. To reakcja odzwierciedlająca naturalny proces replikacji DNA, jaki zachodzi przed każdym podziałem komórkowym¹⁴. Łańcuchowa reakcja polimerazy polega na namnożeniu polimorficznych fragmentów DNA, które stanowią markery identyfikacyjne¹⁵. Poza klasyczną reakcją PCR, która pozwala na amplifikację jednego wybranego locus, stosuje się także reakcję PCR typu multipleks, umożliwiającą jednoczesną amplifikację wielu loci¹⁶.

Do rozdziału DNA wykorzystuje się jego całkowity ładunek elektryczny oraz wielkość cząsteczki, wyrażoną w parach zasad. Różnica wielkości fragmentów DNA sprawia, iż w polu elektrycznym będą one wędrować z różną prędkością w kierunku anody. Podłożem owej migracji może być żel agarozowy bądź poliakrylamidowy. Różnice powyższe wykorzystane zostały do celów identyfikacji kryminalistycznej¹⁷.

¹² *Badania kryminalistyczne...*, s. 28.

¹³ W. BRANICKI, T. KUPIEC, P. WOLAŃSKA-NOWAK, *Badania DNA...*, s. 47-48.

¹⁴ *Badania kryminalistyczne...*, s. 28.

¹⁵ W. BRANICKI, T. KUPIEC, P. WOLAŃSKA-NOWAK, *Badania DNA...*, s. 48.

¹⁶ Tamże, s. 51.

¹⁷ *Badania kryminalistyczne...*, s. 29.

3. METODY ANALIZY DNA

Pierwszą metodą analizy DNA wykorzystywaną dla celów procesu karnego było badanie polimorfizmu długości fragmentów restrykcyjnych (RFLP). Obecnie takie badania wykonuje się tylko czasami celem ustalenia pokrewieństwa. W metodzie tej wyróżnia się analizę pojedynczego locus SLS (*single locus system*) oraz analizę wielolocusową MLS (*multilocus system*). Zasada obu tych badań oparta jest na hybrydacji specyficznej sondy molekularnej z fragmentem DNA, jaki uzyskany został na skutek działania określonych enzymów restrykcyjnych. Rozdzielone DNA poddawane jest denaturacji i przenoszone na odpowiednie folie, po czym przeprowadzany jest proces hybrydacji ze specyficzną wyznakowaną sondą molekularną. Sondy są komplementarne do powtarzających się sekwencji badanych loci, a położenie hybrydujących fragmentów na autoradiogramie pozwala określić ich długość, a więc fonotyp badanych loci¹⁸.

Aktualnie identyfikacja genetyczna dokonywana jest w drodze analizy polimorficznych sekwencji mikrosatelitarnych znanych jako układy typu STR¹⁹.

Technika multi-PCR w zakresie struktur STR (*Short Tandem Repeats*) związana jest z zastosowaniem elektronicznej aparatury, która bada materiał biologiczny z wykorzystaniem elektroforezy kapilarnej, fluorescencji oraz światła laserowego²⁰.

W laboratoriach kryminalistycznych stosowany jest zestaw SGM Plus, który pozwala na jednoczesną analizę próbki w zakresie 10 polimorficznych układów STR, jak również na oznaczenie markerów płci. System ten pozwala także jednoznacznie wykluczyć lub potwierdzić

¹⁸ Tamże, s. 30-31.

¹⁹ P. WOLAŃSKA-NOWAK, W. BRANICKI, *Interpretacja wyników badania DNA w procesie karnym*, «Prokuratura i Prawo» 11/2003, s. 51.

²⁰ Zob. R. PAWŁOWSKI, *Ekspertyza genetyczna, ekspertyza sądowa*, pod red. J. WÓJCIKIEWICZA, Kraków 2002, s. 347-348.

z prawdopodobieństwem graniczącym z pewnością hipotezę dotyczącą pochodzenia materiału biologicznego od danej osoby²¹.

Przedmiotem analizy są dane cyfrowe z aparatury badawczej, czyli tzw. elektroforogram. Biegły sporządza tabelę alleli (odmian genu, które występują w danym loci) i tabela ta stanowi podstawę do prowadzenia interpretacji statystycznej dotyczącej znaczenia stwierdzonej (ewentualnie) zgodności alleli w obrębie badanych materiałów. Technika PCR-STR to czuła i złożona metoda, której towarzyszy szereg czynników podnoszących prawdopodobieństwo zaistnienia pewnych błędów. Wymienia się tutaj przede wszystkim kontaminację i degradację materiału badawczego. Choć zwraca się również uwagę na niewłaściwą analizę danych z aparatury badawczej czy niepoprawnie sformułowane wnioski w opinii²². Pod pojęciem kontaminacji kryje się problem zanieczyszczenia materiału badawczego materiałem pochodzącym od biegłego czy też osoby dokonującej zabezpieczenia dowodu, jak również materiałem z innych próbek znajdujących się w laboratorium bądź innym miejscu przechowywania dowodów²³. Wskazuje się, że słaba jakość oraz mała ilość DNA uzyskanego ze śladu kryminalistycznego może być wynikiem wpływu czynników atmosferycznych, jak słońce czy deszcz, które oddziaływały na materiał dowodowy przed jego zabezpieczeniem²⁴.

Metoda PCR-STR daje szybko, wiarygodne i o wiele bardziej różnicujące wyniki. Można w ten sposób badać wszystkie rodzaje śladów biologicznych, a więc m.in. krew, ślinę, włos z cebulką. Zastosowanie reakcji multipleks PCR skraca czas badań, a także obniża ich koszty²⁵.

Przyjętym modelem opiniowania wyników takiej ekspertyzy w oparciu o analizę układów STR jest podawanie wartości prawdopo-

²¹ H. MIĄSKIEWICZ, M. SKONIECZNY, *Problemy z opiniowaniem w przypadku wystąpienia anomalii genetycznej*, «Problemy Kryminalistyki» 255/2007, s. 52.

²² L. SKUZA, *Czy to zmierzch złotej ery DNA? Kilka uwag na temat błędów w opiniach genetycznych w procesie karnym (cz. 2)*, «Palestra» 11-12/2006, s. 67.

²³ Tamże, s. 67.

²⁴ H. MIĄSKIEWICZ, M. SKONIECZNY, *Problemy...*, s. 52.

²⁵ *Badania kryminalistyczne...*, s. 31.

dobieństwa przypadkowej zgodności i ilorazu wiarygodności w postaci szansy²⁶.

Podkreśla się także, iż wykorzystanie techniki PCR umożliwi kopowanie nawet bardzo małej ilości dostępnego materiału badawczego, a technika analizy struktur STR, występujących w niekodujących częściach DNA, umożliwi uzyskiwanie satysfakcjonujących wyników nawet w sytuacji, gdy badany materiał biologiczny jest w wysokim stopniu zdegradowany²⁷.

Kolejną metodę stanowi analiza mitochondrialnego DNA (mtDNA), którą wykorzystuje się w sytuacji, gdy wyczerpią się możliwości przebadania DNA jądrowego. Analizie poddawana jest sekwencja w dwóch regionach DNA mitochondrialnego. Za pomocą techniki PCR namnaża się dwa hiperzmiennie regiony HV1 i HV2 z zastosowaniem specjalnie zaprojektowanych starterów. Po uzyskaniu wystarczającej liczby kopii wykonywane jest sekwencjonowanie, które pozwala na poznanie budowy określonego fragmentu łańcucha DNA. Technika ta polega na wykazaniu, w jakiej kolejności w określonym fragmencie DNA układają się zasady A, G, T, C, co daje możliwość odczytania kodu genetycznego. Celem identyfikacji fragmentów DNA stosuje się dwie metody: metodę Sangera, czyli tzw. metodę enzymatyczną i metodę Maxima Gilberta, która opiera się na chemicznej technice cięcia DNA. Oba te zabiegi pozwalają na szybkie uzyskanie informacji o kolejności sekwencji nukleotydów w wielu próbkach DNA. Wynik porównywany jest z tzw. sekwencją konsensus, utworzoną w wyniku badań populacyjnych. Z uwagi na występowanie wielu kopii, analiza mitochondrialnego DNA stwarza większe szanse powodzenia, gdy mamy materiał biologiczny silnie zdegradowany, nienadający się do analizy DNA jądrowego²⁸.

W praktyce analiza taka stosowana jest w odniesieniu do włosów pozbawionych cebulek i szczątków ludzkich (kości, zęby). MtDNA dziedziczone jest w linii matczynej, a zatem wszystkie dzieci jednej

²⁶ P. WOLAŃSKA-NOWAK, W. BRANICKI, *Interpretacja...*, s. 52-53.

²⁷ L. SKUZA, *Czy to zmierzch...*, cz.1, s. 111.

²⁸ Tamże, s. 32.

kobiety mają identyczne cząsteczki tego DNA, co wpływa na brak możliwości zróżnicowania w takim przypadku. Wskazuje się, iż w oparciu o analizę mtDNA można dokonać jedynie identyfikacji grupowej (choćby identyfikacja jednostkowa też będzie możliwa w przypadku pewnych „zamkniętych” populacji²⁹).

Analiza mtDNA ma więc w kryminalistyce mniejszą wartość identyfikacyjną niż analiza jądrowego DNA. Zwraca się także uwagę na problemy metodyczne i interpretacyjne, jakie pojawiają się podczas tego badania³⁰. Nie zawsze bowiem wynik analizy mtDNA ma charakter rozstrzygający. Analiza taka może wykluczyć wspólne pochodzenie dwóch próbek bądź wykazać, iż możliwe jest, że próbki te mają to samo źródło, ale w grę wchodzi również wynik nierozstrzygający, kiedy to biegły nie jest w stanie wskazać, czy badany ślad pochodzi od oskarżonego, czy też nie³¹.

Postęp w technologii oraz unikalna możliwość identyfikacji genów poprzez SNPy (polimorfizm pojedynczych nukleotydów) doprowadziły do rozkwitu w wykrywaniu SNPów. Aczkolwiek analiza SNP nie jest jeszcze wykorzystywana do badań kryminalistycznych, ponieważ STR mają zdecydowaną przewagę w zakresie interpretacji mieszanin. Wskazuje się, że SNP mogą być wykorzystywane do analizy mitochondrialnego DNA, a więc w przypadku włosów, kości, chromosomu Y DNA, wnioskowania w kwestii przynależności etnicznej, takich cech charakterystycznych, jak kolor skóry, włosów czy oczu³².

4. WARTOŚĆ DOWODOWA ANALIZY DNA

Badanie DNA przeprowadzone przez biegłego w ramach ekspertyzy hemogenetycznej jest pełnowartościowym dowodem formalnym, a wyrażona w takiej ekspertyzie opinia biegłego podlega swobodnej ocenie sądu, podobnie jak inne dowody.

²⁹ Jako przykład podaje się pasażerów rozbitego samolotu, P. WOLAŃSKA-NOWAK, W. BRANICKI, *Interpretacja...*, s. 62.

³⁰ *Badania kryminalistyczne...*, s. 32.

³¹ P. WOLAŃSKA-NOWAK, W. BRANICKI, *Interpretacja...*, s. 62.

³² Szerzej na ten temat: *Badania kryminalistyczne...*, s. 32-33.

Przeprowadzanie badań genetycznych w postępowaniu karnym uregulowane jest w Kodeksie postępowania karnego oraz w ustawie z dnia 17 grudnia 2004 r. o zmianie ustawy o Policji. Przyjęte w ustawie rozwiązania pozostają w zgodzie z Rekomendacją NR R (92) 1 Komitetu Ministrów Rady Europy z dnia 10 lutego 1992 r. w sprawie wykorzystania analizy DNA w postępowaniu karnym³³. Celem owej rekomendacji, jak wskazano w preambule, jest przede wszystkim pomoc dla wymiaru sprawiedliwości w sprawach karnych przy ustalaniu winy lub niewinności, jak również troska, by wprowadzanie i wykorzystywanie technik analizy DNA odbywało się z uwzględnieniem podstawowych zasad poszanowania ciała ludzkiego i godności każdej jednostki oraz prawa oskarżonego do obrony. Zwrócono nadto uwagę na potrzebę stworzenia wspólnej polityki kryminalnej dla ochrony jednostek i społeczeństwa.

Wartość dowodowa analizy DNA opiera się na podstawowym założeniu genetyki o jedności biologicznej jednostki. Każdy człowiek posiada niepowtarzalny, indywidualny i niezmienny kod genetyczny określany genomem.

Wynik analizy DNA pozwala na ustalenie z bardzo wysokim stopniem prawdopodobieństwa, że dana próbka nie pochodzi od konkretnej osoby bądź że dwie próbki mają to samo źródło. W tym drugim przypadku biegły nie dowodzi jednak identyczności dwóch śladów. Oceny prezentowanych przez biegłego wniosków w aspekcie ich prawidłowości dokonuje sąd. Biorąc pod uwagę wartość dowodu z badania DNA, sąd może postawić hipotezę o wspólnym pochodzeniu dwóch analizowanych próbek i zestawiając to z pozostałymi dowodami w sprawie, przyjąć, że oskarżony jest sprawcą³⁴.

W piśmiennictwie rozważano kwestię możliwości wydania przez biegłego opinii kategorycznej zawierającej wniosek, że „wykluczając istnienie jednojajowego brata bliźniaka oskarżonego lub możliwość błędu laboratorium, oskarżony jest jedynym w danej populacji źró-

³³ W. STOJANOWSKA, *Uwagi do Rekomendacji Komitetu Ministrów Rady Europy No (92) 1 z dnia 10 lutego 1992 r. w sprawie wykorzystania analizy DNA w postępowaniu karnym*, «Prawo i Medycyna» 5/2000.

³⁴ P. WOLAŃSKA-NOWAK, W. BRANICKI, *Interpretacja...*, s. 48.

dłem śladu”³⁵. A zatem, czy zamiast wniosków o probabilistycznym charakterze biegły mógłby wydać kategorię opinię, w której wyraża swoje przekonanie, że badany ślad mógł pozostawić wyłącznie oskarżony?³⁶

Należy się opowiedzieć za odrzuceniem takiej możliwości, zwłaszcza w kontekście pojawiających się w doktrynie opinii na temat niezawodności przeprowadzanych badań kryminalistycznych. Wynik każdego badania może być bowiem obarczony błędem popełnionym przez człowieka dostarczającego materiał do badań bądź też wykonującego badania, albo zawodnością aparatury. Takie błędy mogą się pojawić nawet w przypadku metody, która uznawana jest za niezawodną³⁷. Wykonanie czynności badawczych *lege artis* również nie gwarantuje bezbłędności sporządzonych przez biegłego ustaleń³⁸.

Wyniki analizy genetycznej należy zestawić z innymi zgromadzonymi w danej sprawie dowodami. Sam dowód z analizy DNA nie jest elementem przesądzającym bezpośrednio o winie sprawcy przestępstwa. Na jego podstawie można jedynie wnioskować o istnieniu związku pomiędzy popełnionym czynem zabronionym a daną osobą bądź że związek taki nie występuje³⁹.

Wyniki ekspertyzy genetycznej stanowią doniosły i znaczący dowód w postępowaniu karnym, mimo pojawiających się wątpliwości co do wiarygodności tego typu dowodu, z uwagi np. na kontaminację czy pomyłki, które mogą skutkować uzyskaniem fałszywego wyniku.

Omawiając rodzaj wyników ekspertyzy genetycznej, należy zauważyć, że mogą one mieć charakter rozstrzygający bądź nierozstrzygający. Wyniki rozstrzygające mają postać potwierdzenia bądź wykluczenia. W przypadku wykluczenia opinię określamy mianem

³⁵ Cyt. za P. WOLAŃSKA-NOWAK, W. BRANICKI, *Interpretacja...*, s. 55.

³⁶ Szerzej na temat kategoryzacji opinii biegłego z badania DNA P. WOLAŃSKA-NOWAK, W. BRANICKI, *Interpretacja...*, s. 55 i n.

³⁷ Z. DODA, A. GABERLE, *Orzecznictwo Sądu Najwyższego. Komentarz*, I, *Dowody w procesie karnym*, Dom Wydawniczy ABC, Warszawa 1997, s. 279.

³⁸ A. GABERLE, *Dowody w sądowym procesie karnym*, Kraków 2007, s. 50.

³⁹ M. KLEJNOWSKA, *Analiza śladów genetycznych jako dowód w procesie karnym* – cz. II, «Problemy Kryminalistyki» 253/2006, s. 13.

kategorycznej. Jest to sytuacja, gdy wskazany zostanie brak zgodności cech w poszczególnych układach materiału dowodowego i porównawczego. W odniesieniu do wyniku potwierdzającego wskazać można sytuację, kiedy w materiale dowodowym znajduje się DNA pochodzące od jednej osoby (tzw. profil czysty) oraz sytuację, kiedy w materiale dowodowym znajduje się mieszanina DNA pochodzącego od więcej niż jednej osoby, przy czym występuje w niej profil dominujący.

W sytuacji wyniku nierozstrzygującego wskazać można sytuację, gdy w materiale dowodowym mamy tzw. profil czysty i występuje zgodność pomiędzy cechami DNA ujawnionymi w materiale dowodowym i porównawczym, jednak w zbyt małej liczbie układów z powodu degradacji widocznej w pozostałych układach. Z wynikiem nierozstrzygującym mamy do czynienia także wówczas, gdy w materiale dowodowym znajduje się mieszanina DNA pochodzącego od więcej niż jednej osoby i nie występuje profil dominujący. Wynik nierozstrzygujący jest także konsekwencją innych przyczyn o charakterze technicznym bądź biologicznym, jak np. degradacja materiału badawczego czy zbyt mała ilość DNA⁴⁰.

Na płaszczyźnie oceny wartości dowodowej analizy DNA szczególne znaczenie odgrywa nie tylko poziom wiedzy biegłego sporządzającego opinię w ekspertyzie hemogenetycznej, ale również prawidłowe postępowanie z materiałem badawczym na każdym etapie. Chodzi o sposób zabezpieczania próbek oraz o sposób ich przechowywania w laboratorium. Mając na uwadze powyższe, istotnego znaczenia nabiera ocena sądu w zakresie prawidłowości przeprowadzania DNA. W piśmiennictwie wskazywane się najczęściej popełniane błędy w opiniach genetycznych⁴¹.

Na ocenę rzetelności wykonywanych badań DNA znaczny wpływ będą miały nie tylko odpowiednie kwalifikacje opiniującego biegłego, ale również laboratorium, w którym przeprowadzone zostało badanie.

⁴⁰ Szerzej na temat interpretacji wyników badań ekspertyzy hemogenetycznej: M. LEWANDOWSKA, *Wykorzystanie dowodu z DNA na przykładzie postępowania karnych*, «Palestra» 56.5-6/2011, s. 80 i n.

⁴¹ Zob. L. SKUZA, *Czy to zmierzch...*, cz. 1 i cz. 2.

Wiąże się to ze spełnieniem wymagań przewidzianych w stosownych normach odnoszących się do tego typu placówek⁴².

Szczególnie istotna pozostaje kwestia zapobiegania kontaminacji. Laboratorium musi zapewniać odpowiednie warunki lokalowe i środowiskowe, a personel powinien stosować metody i procedury badawcze zgodne z normami bądź wymogami zawartymi w renomowanym piśmiennictwie naukowym. Konieczny warunek stanowi także posiadanie odpowiedniego wyposażenia badawczego, które umożliwi prawidłowy przebieg przeprowadzanych badań⁴³.

Inna kwestia poruszana w aspekcie wartości dowodowej ekspertyzy genetycznej dotyczy sposobu uzyskania materiału porównawczego do takich badań. Materiał porównawczy można bowiem pobrać od człowieka i porównać z materiałem dowodowym, ale materiał taki może także pochodzić z bazy danych DNA. Zdaniem M. Klejnowskiej nie można byłoby uznać za podstawę rozstrzygnięcia wyłącznie wyniku przeszukania komputerowej bazy danych DNA⁴⁴, chociaż wynik przeszukania bazy danych w ramach procesu karnego potwierdzony przez eksperta ma walor dowodowy⁴⁵. W nauce światowej podnoszono, że dowód uzyskany w drodze przeszukania bazy danych wymaga dodatkowych badań. Tytułem przykładu, Raport National Research Council z 1992 r. sugerował przebadanie dodatkowych loci, tak w śladzie, jak i u podejrzanego, i uwzględnianie tylko wyników tych dodatkowych analiz⁴⁶. Taki pogląd jest jednak przedmiotem krytyki. Podnosi się,

⁴² Wymogi stawiane laboratoriom badawczym uregulowane zostały w normie europejskiej. Polska wersja normy opublikowana została przez Polski Komitet Normalizacji w 2001 r. Jest to norma: „PN EN ISO/IEC 17025:2005 – Ogólne wymagania dotyczące kompetencji laboratoriów badawczych i wzorcujących”.

⁴³ I. SOŁTYSZEWSKI, *Dowód z badań...*, s. 481.

⁴⁴ Autorka wskazuje art. 26a ustawy o ochronie danych osobowych, zgodnie z którym niedopuszczalne jest ostateczne rozstrzygnięcie indywidualnej sprawy osoby, której dotyczą dane, jeśli jego treść jest wynikiem wyłącznie operacji na danych osobowych, prowadzonych w systemie informatycznym, M. KLEJNOWSKA, *op. cit.*, s. 13.

⁴⁵ Tamże, s. 12.

⁴⁶ National Research Council, *DNA Technology In Forensic Science*, Committee on DNA Technology In Forensic Science, National Academy Press, Washington DC 1992.

że ignorowanie uzyskania zgodności w trakcie przeszukiwania bazy danych skutkuje utratą informacji, a nadto, użycie do identyfikacji podejrzanego wielu loci sprawi, że pozostanie niewiele układów do przeprowadzenia kolejnej wyczerpującej analizy⁴⁷. Pogląd, jakoby tak uzyskany (w drodze przeszukiwania bazy danych) materiał porównawczy obniżał rangę otrzymanego w drodze ekspertyzy wyniku, nie zasługuje jednak na aprobatę. Zwłaszcza, jeżeli w zestawieniu z pozostałym materiałem dowodowym możliwe jest wskazanie sprawcy. Podważanie możliwości wykorzystania materiału znajdującego się w bazie danych do badań porównawczych rodzi bowiem pytanie o sens tworzenia i utrzymywania takich baz danych. Należy zatem przyjąć, że nie ma przeszkód, aby materiał porównawczy wykorzystany w analizie DNA pochodził z bazy danych.

W postanowieniu Sądu Najwyższego z dnia 5 lutego 2001 r. wyrażony został pogląd, że: „wszystkie dowody podlegają takiej samej ocenie, (...) swobodnej ocenie sądu opartej na zasadach prawidłowego rozumowania opartego na wiedzy i doświadczeniu życiowym. Przepisy kodeksu postępowania karnego nie dzielą dowodów na bardziej i mniej wartościowe ani takie, co mogą występować samodzielnie i takie, co nie mogą być jedynymi wskazującymi na winę oskarżonego”⁴⁸.

I chociaż ekspertyza hemogenetyczna dokonywana na użytek procesu karnego wykorzystywana jest od niedawna, to doczekała się już licznych orzeczeń sądowych, w świetle których posiada wysoką wartość dowodową.

Należy także zaznaczyć, że na wartość dowodową każdej opinii w znaczący sposób wpływa metodologiczna i procesowa nienagannosc przeprowadzania badań identyfikacyjnych⁴⁹. W przypadku ekspertyzy genetycznej także będzie to miało istotne znaczenie. Jak podkreślono

⁴⁷ P. WOLAŃSKA-NOWAK, W. BRANICKI, *Baza danych profili DNA – nowe narzędzie dla wymiaru sprawiedliwości*, «Prokuratura i Prawo» 5/2000, s. 96.

⁴⁸ Postanowienie SN z 5 lutego 2001, III KKN 333/98, «LexPolonica» nr 392227.

⁴⁹ M. SZCZEPANIEC, J. ZYGMUNT, *Wartość dowodowa opinii osmologicznej*, [w:] *Współzależność prawa karnego materialnego i procesowego*, red. Z. ĆWIAKALSKI, G. ARTYMIAK, Warszawa 2009, s. 574.

w doktrynie: „nie sam wynik badania, ale prawidłowość jego otrzymania i krytyczna interpretacja stanowi o jego wartości sądowej”⁵⁰.

Ekspertyza taka bez wątplenia stanowi bardzo doniosły i znaczący dowód w postępowaniu karnym. Wprawdzie biegły nie dowodzi w swej opinii, że dane ślady są identyczne, ale stwierdza, że dwie próbki mogą mieć to samo źródło. Także wykluczający wynik ma istotne znaczenie, bo wskazanie braku zgodności cech w poszczególnych układach nadaje opinii charakter kategoriyczny. Biegły musi także zachować szczególną ostrożność przy formułowaniu wniosków w takiej opinii, zwłaszcza dysponując małą ilością DNA bądź kiedy materiał jest zdegradowany.

Ślad DNA, który został właściwie zabezpieczony, a następnie poddany analizie genetycznej z dochowaniem odpowiednich standardów i należytej staranności, może być silną podstawą do identyfikacji sprawcy. Jednakże, nawet jeśli bardzo wysoko oceniamy wartość opinii z takich badań, to nie należy tego dowodu oceniać w oderwaniu od innych ujawnionych w trakcie postępowania. Dlatego sąd powinien dokonać swobodnej oceny tego dowodu, mając także na uwadze wszystkie inne zgromadzone w danej sprawie dowody.

DNA GENETIC TESTING IN CRIMINAL PROCEDURE

Summary

The article discusses the use of DNA genetic testing for the purposes of criminal procedure. It describes the general principles and methods used in DNA-based tests. It also addresses the issue of the value of haemogenetic examination as evidence, and notes the problem of contamination and the method employed for the collection of samples for comparative tests.

⁵⁰ *Ekspertyza sądowa. Zagadnienia wybrane*, red. J. WÓJCIKIEWICZ, Warszawa 2007, s. 353.