

ERTMANN PÉTER

AZ EMBERI ARC SZEREPE A KRIMINALISZTIKAI FENOTIPIZÁLÁSBAN

Absztrakt

Az FDP (Forensic DNA Phenotyping) a korábbi eljárásoktól egy merőben eltérő új távlatokat nyitó vizsgálati módszer, amely az egyén úgynevezett fenotípusára vonatkozó információkat tartalmazó géneket vizsgálva tesz megállapításokat. Az emberi arc kriminalisztikai fenotipizálása olyan lehetőségeket kínál számunkra, amelyek alapján hatékonyabban tudunk reagálni, és eredményesebben tudunk fellépni a bűncselekmény elkövetőjével szemben. A témával kapcsolatban élénk a nemzetközi diskurzus. A jelen- és jövőkori problémákkal foglalkozó számos kritikai és támogató hangvételeű – kutatási eredményeken alapuló – nemzetközi publikáció született, amelyek tökéletes forrást biztosítanak a téma kimerítő elemzéséhez. Jelen tanulmány az említett genetikai kutatási eredmények elemzésén alapszik, mely kutatások eredményei a jövőben sokkal szélesebb körben támogathatják a hazai bűnüldöző szervek munkavégzését, mint azt pár éve elképzelhattük volna.

Kulcsszavak: DNS-fenotipizálás, gének, emberi arc, kriminalisztikai fenotipizálás

Abstract

FDP (Forensic DNA Phenotyping) is an examination method that opens up new horizons, completely different from previous procedures, which makes findings by examining genes that contain information about the so-called phenotype of the individual. Forensic phenotyping of the human face offers us opportunities based on which we can react more effectively and

act more effectively against the perpetrator of the crime. Regarding the current and future problems of phenotyping, numerous publications based on international research results with a critical and supportive tone have been published, therefore they provide a perfect source for an exhaustive analysis of the topic. The present study is based on the analysis of the aforementioned genetic research results, the results of which in the future can support the work of domestic law enforcement agencies much more widely than we could have imagined a few years ago.

Key words: DNA phenotyping, genes, human face, forensic phenotyping

Bevezetés

A genetika és az öröklésbiológia – genealógia – révén ma már ismeretesek olyan gének, amelyekbe kódolva vannak az egyes adottságok és jellemvonások. A merőben új kutatás olyan lehetőségeket biztosít, amelyek alapján egy számítási modell segítségével „megbecsülhetővé” – bár nem szeretem ezt a szót használni, mert így veszít a tudományos értékéből – válik a vizsgált DNS tulajdonosának például a szem-haj-bőr pigmentációja, magassága, arcformája, sőt még populációra jellemző adatok (hajlamok, allél) is kimutathatók¹.

Az arcforma egyedek közötti változása az egyik legkarakterisztikusabb jellemvonása az embernek. Számos bizonyíték utal arra, hogy az emberi arc morfológiájának genetikai alapja van, azonban keveset tudunk arról, hogy a specifikus genetikai változatokhoz hogyan kapcsolódnak egyes arcvonások.

Ez a törvényszerűség segítséget nyújt az azonosítást célzó kriminalisztikai vizsgálatokban és az ezzel foglalkozó tanulmányok számára. Több tanulmány bizonyította, hogy egyszerre több gén vesz részt az emberi arc morfológiájának kialakulásában, valamint az arc alakjának DNS-előrejelzésének lehetséges alkalmazásaiban. Ennek eredményeképp az Amerikai Egyesült Államokban Orlando város rendőrsége már 2016-ban közzétett

¹ Matheson, S.: DNA Phenotyping: Snapshot of a Criminal. Cell, 2016.

egy fantomképet, amelyet egy tizenöt évvel korábbi emberölés elkövetőjének genetikai anyagmaradványai alapján alkottak meg.²

A tanulmány a mai genetikai kutatások eredményeit ismertetve szemlélteti az emberi arcban rejlő DNS-alapú fenotipizálás kriminalisztikai lehetőségeit, amelyhez azonban elengedhetetlen az emberi arc biológiai felépítésének minimális megismerése.

Az emberi arc anatómiai felépítése

Több mint 8 milliárdan élünk a bolygón, és mindünk arca ugyanolyan, hiszen van orrunk, fülünk, szemünk, mégis csupán arcról megismerjük és megkülönböztetjük a számunkra ismerős és ismeretlen személyeket. Ennek oka, hogy az evolúció során – szemben az állatvilággal, ahol a jellemvonások és fizikai jegyek helyett nagyobb szerepük van a szagoknak, illatoknak – agyunk egy része kifejezetten szakosodott arra a tevékenységre, hogy az általunk ismert és ismeretlen személyek arcát, azok jellemvonásait felismerje, tekintve, hogy az évmilliók során annak részletessége és vonásai folyamatosan változtak, egyre összetettebbé és egyedibbé váltak.

Az arc anatómiai vizsgálatának, feltérképezésének gyökerei egészen az ókori kultúrákig vezethetők vissza, a görögök és az egyiptomiak, már ekkor matematikai módszerekkel (Fibonacci-sorozat³, aranyarány⁴) rajzolták, vagy írták le az emberi arcot, és testet. Jellemzően a Fibonacci-sorozatot (olyan sorozat, amelynél az első két tag adott, ezt követően minden tag az öt megelőző két tag összege) és az aranymetszést (olyan arányosság, ami a természetben és művészetben is gyakran megjelenik, természetes egyensúlyt teremtve a szimmetria és az aszimmetria között) alkalmazták. Akkoriban ez még csupán a szépség és a vonzerő meghatározásáról szólt: minél inkább szimmetrikus volt valami annál vonzóbbnak látták. Michael J.

² Petrétai Dávid: A modern kriminalisztika egyes jogi és etikai kérdései. Magyar Rendészet. 2018.

³ Fibonacci sorozatoknak nevezzük azokat a sorozatokat, amelyeknél az első két tag adott, ezt követően minden tag az öt megelőző két tag összege.

⁴ Olyan arányosság, ami a természetben és művészetben is gyakran megjelenik, természetes egyensúlyt teremtve a szimmetria és az aszimmetria között.

Sheehan és Michael W. Nachman a kaliforniai Berkeley Egyetemen végzett kutatása – melynek eredményét 2014. szeptember 16-án a Nature Communications folyóiratban Morphological and population genomic evidence that human face shape evolved to signal individual identity címmel publikáltak – változékonyabbnak találta az arcvonásokat, mint egyéb testjellemzőket. Továbbá más testjellemzőknél tapasztalt kapcsolati pontok hiányát is sikerült igazolniuk, például a hosszabb karú embereknél jellemző, hogy a lábuk is hosszabb lesz.⁵

Az arcvonások azonban függetlenek egymástól. Ezek esetében nem állapítható meg ilyen vagy ehhez hasonló jellegű összefüggés, mégis, mivel minden ember arcát elsősorban a pofa, az áll, az orr, a szem, a száj és az ezeket mozgató izmok alkotják, így elmondhatjuk, hogy anatómiai szempontból teljesen azonosak vagyunk.

Az emberi arc genetikai felépítése

Számos kutatási eredmény bizonyítékként szolgál arra, hogy az emberi arc morfológiájának genetikai alapja van. Tagadhatatlan azonban, hogy egyelőre keveset tudunk arról, hogy a specifikus genetikai változatok hogyan kapcsolódnak számos közös arcvonás fenotípus kifejeződéséhez.

Az emberi test minden sejtje tartalmaz egy mérnöki pontossággal megalkotott tervrajzot, amelyet a DNS-ünkben hordozunk, és meghatározza kinézetünket, így konkrét kódok alapján épül fel az emberi test, egyben az arc is. A DNS-ünkben található kódok beolvasását követően pontosan és egyedileg meghatározott módon alakul ki például az orr magassága, szélessége, a szemgödrök közti távolság, a koponyát alkotó homlokcsont magassága stb.

Az utóbbi években egyre több kutatás témáját adta az arcot befolyásoló gének vizsgálata és a DNS-ből kinyerhető adatok digitális megjelenítése, ennek folyamánként ma már lehetőségünk van egy DNS-minta vizsgálata

⁵ Michael J. Sheehan és Michael W. Nachman - Morphological and population genomic evidence that human faces have evolved to signal individual identity; Nature Communications. 2014. szeptember 16.

során beszerzett adatok alapján 3D-s képalkotó program segítségével megalkotni egy digitális lenyomatot az adott egyén arcáról.

Az Amerikai Egyesült Államokban a Parabon Nanolabs Intézetnek sikerült rekonstruálnia 3 – az időszámításunk előtt 700 környékén élő – múmia arcát. Állításuk szerint az intézet rekonstruáló rendszere képes megbecsülni a genetikailag öröklött szem-, haj- és bőrszín, továbbá a szeplőket és az arcformát mindenféle etnikai háttérrel rendelkező ember esetében. Németországban a Tübingeni Egyetemen és a Max Planck Intézetben eredményesen szekventálták a múmiák genomját, és az előállt adatokból kinyerték az úgynevezett egy pontos nukleotid polimorfizmusokat, SNP-eket. Olyan markerek ezek, amelyekből speciális emberi tulajdonságokat lehet kikövetkeztetni, mint például a haj vagy a szemszín, arcforma.⁶

Ma már tudjuk, hogy szemben más génekkel – amelyek egyes esetekben specifikusak – az arcot befolyásoló gének modulárisak. Nincs köztük olyan, amely kifejezetten és jól elkülöníthetően csak és kizárólag az arccal kapcsolatban kódolna. Jellemzően többféle génben található – akár egymást fedve – olyan szegmensek, amelyek az arccal kapcsolatban határoznak meg adatokat. A genetika jóvoltából ma már több olyan gén ismert a tudomány előtt, amelyek mindegyike hatással van arcunk megjelenésére, felépítésére. Az egész genomra kiterjedő asszociációs vizsgálatok (GWAS) a normál arcvariáció és az egy nukleotidos polimorfizmusok (SNP) milliói közötti összefüggést vizsgálták.

A GWAS-vizsgálatok az arc nagy felbontású háromdimenziós képalkotásával párosulva lehetővé tették az arc genetikája és fizikai megjelenése közti térbeli kapcsolat részletes tanulmányozását. Ennek eredményeként sikerült 5 olyan gént azonosítani, amelyek hatással vannak az európai arc-morfológiára. A vizsgálat során több mint 10 000 európai egyén teljes genomját vetették össze a 3D fejmágneses rezonancia képekkel (MRI), valamint a 2D ponttérképekkel, azzal a céllal, hogy az arcforma fenotípusát meghatározó adatokat nyerjenek. Az alkalmazott vizsgálati módszerekkel

⁶ Forrás: <https://www.cnet.com/science/if-mummies-had-faces-scientists-use-dna-to-see-how-ancient-egyptians-looked/>

feltérképezték a gének és egyes arcmorfológiai jellemzők közti kapcsolatokat, majd ezeket egy képkalkoló segítségével megpróbálták digitálisan modellezni. Módszeresen keresték az egyedi azonosításra alkalmas jellemzőket, majd az azokat szabályozó génekben található eltéréseket vizsgálták, és a következő megállapításokat tették.⁷

A PAX gének úgynevezett transzkripciós faktorok⁸, melyek egyes sejtek születés utáni normál működéséhez járulnak hozzá. A PAX3 gén alapvetően az embrionális fejlődés során az idegi gerincsejtekben aktív, melyek a gerincvelőből vándorolnak szét és szakosodnak, egyben közreműködnek egyes pigmenttermelő – melanociták – sejtek kialakulásához.⁹

A pigmenttermelő sejtek határozzák meg többek közt a bőr, haj és szem színünket. A közelmúltban sikerült azonosítani a PAX3 gént, mely a melanociták mellett hozzájárul még az arc és a koponyacsontok megfelelő növekedéséhez, valamint egyes izomszövetek fejlődéséhez. Kutatások bizonyították, hogy ez a gén felelős az emberi arcon található nasion¹⁰ csomópont és a szemüregek közti távolságért, mely jó kiinduló alapot teremt egy esetleges 3D-s képkalkotáshoz¹¹.

⁷ International Visible Trait - Genetics (VisiGen) Consortium A Genome-Wide Association Study Identifies Five Loci Influencing Facial Morphology in Europeans; PLOS Genetics, 2012 Szeptember, 8. szám

⁸ A transzkripciós faktorok olyan fehérjék, amelyek a gének szabályozó régióihoz képesek kötődni és ezzel aktiválják, vagy gátolják az adott gén átírását.

Forrás: https://semmelweis.hu/anatomia/files/2019/09/Ontogenezis-szab%C3%A1lyoz%C3%B3-faktorok-I-HU_KT.pdf (28. dia)

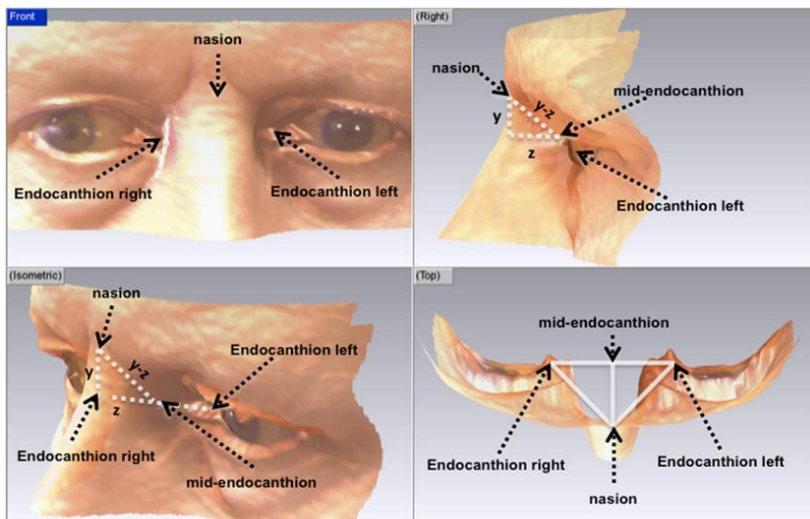
⁹ Kovács Tamás: Ontogenezis szabályozó faktorok I. Kovács Tamás, Budapest, Pest Vármegye, Magyarország. 2019. január 20.

¹⁰ Egy csomópont a homlokcsont (os frontale) és a két orrcsont (os nasale) között az emberi koponyán. Ez egy besüllyedt pont a szemek között az ornyereg felett.

¹¹ Lavinia Paternoster, Alexei I. Zhurov, Arshed M. Toma, John P. Kemp, Beate St. Pourcain, Nicholas J. Timpson, George McMahon, Wendy McArdle, Susan M. Ring, George Davey Smith, Stephen Richmond, and David M. Evans - Genome-wide Association Study of Three-Dimensional Facial Morphology Identifies a Variant PAX3 Associated with Nasion Position; The American Journal of Human Genetics 90, March 9, 2012. 478-485. o.

A TP63 gén a PAX63-hoz hasonlóan szintén egy transzkripciós faktor, jellemzően a sejttevékenység szabályozásában segít. Továbbá fontos szerepe van az ektodermális szerkezetek (bőr, haj, fogak, körmök) kialakulásában. Sikertült bizonyítani, hogy pótolhatatlan szerepe van a végtagok, valamint az arcvonalak kialakulásában és fejlődésében.

Az arcvonalak kialakulása a már korábban említett evolúciós folyamat része, amelynek következtében lehetővé vált az, hogy pusztán arcról felismerjünk másokat. A TP63 gén ebben működik közre, mivel befolyással bír a szemgolyók közti távolság meghatározásában.



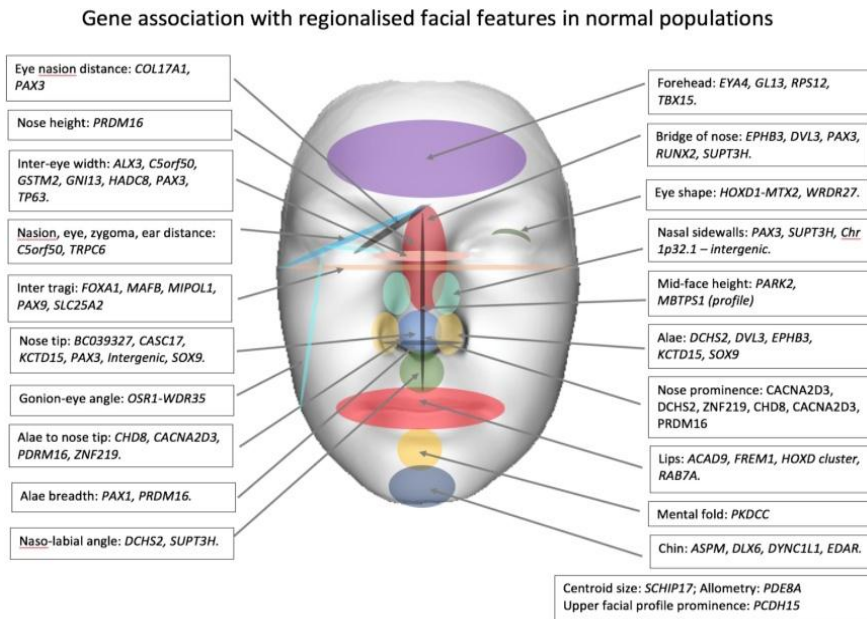
1. számú kép
Nasion csomópont 3D-s vetülete¹²

Bár nem tűnik „karakteres” génnek, mégis a PAX3 és a TP63 gén együttesen határozzák meg azt, hogy szemeink milyen távolságban, magasan vagy alacsonyan ülnek, mandula vagy más formájúak stb. legyenek.

¹² Genome-wide Association Study of Three-Dimensional Facial Morphology Identifies a Variant PAX3 Associated with Nasion Position
Letöltés ideje: 2023. 11. 25.

Arcunk egyik legkarakteresebb területe az orr, melynek megjelenését, formáját, méretét szintén több különálló gén határozza meg. Mint arra korábban utaltam, a PAX3 gén a nasion csomópont méreteit határozza meg, a DCHS2 gén pedig az úgynevezett columella – orrnyílások közti sөvény – megjelenésében működik közre. A PRDM16 az orr magasságát és szélességét befolyásolja, további két gén, a C50RF50 és a COL17A1 pedig – a PAX3-hoz hasonlóan – a nasion, a szemüreg és szemgolyók távolságának meghatározásában játszik szerepet.

A SOX9 az áll és az orrhegy formájához kapcsolódik, a SUPT3H változása a naso-labiális szöget és alakot befolyásolja. Továbbá az orrnyereg méretét, a centroid méretet (az arc összes tereptárgyától a centrumtól mért távolság négyzetgyöke) és az allometriát (a méret és az alak viszonya) a PDE8A és SCHIP17 génekhez kapcsolták.



2. számú kép

Gene association with regionalised facial features in normal populations¹³

¹³ Richmond, S., Howe, L. J. & Lewis, S. et al., - Facial genetics: a brief overview. Frontiers in Genetics 2018/9. 462. o

Láthatjuk, hogy az ismertetett gének alapos vizsgálatával és megismerésével jól modellezhetővé válik az egyének arcformológiája. Azonban a nevesített géneken kívül még több mint 100 további lókusszal kapcsolatban mutatták ki különböző kutatások az arcra gyakorolt hatásokat. Pillanatnyilag még távolinak tűnik, hogy csupán genetikai elemzésekből alkossák meg egy ember arcformáját. Azonban a gének feltérképezése, azonosítása folyamatosan zajlik, tekintve, hogy nem csupán a 3D képalkotásban segídeknek, hanem a különböző koponyafejlődési rendellenességek okainak a feltárásában is (Richmond, Howe, Lewis, Stergiakouli, & Zhurov, 2018).

Kutatási eredmények a kriminalisztika szolgálatában

A jelenlegi rendőrségi és bírósági gyakorlatban a DNS profilozást is használják a feltételezett elkövető személyazonosságának megállapítására. Jelenlegi biometrikus vizsgálati rendszerek és eljárások elsődleges azonosítókra, azaz biológiai jellemzőkre (hangminták, kéz/ujj/arc/fül geometriája, írisz, retina, ujjlenyomatok, járás, kézírás, DNS) épülnek, amelyek pontosan meghatározzák az egyén személyazonosságát¹⁴.

Ezzel szemben a fenotipizálás más célt szolgál, ahelyett, hogy megerősítő bizonyítékként szolgálna, inkább a vizsgálati kontextusban rejlik az erőssége. Egy ismeretlen személy fenotípusát és valószínűsíthető jellemzőit határozza meg, ezzel segítve a nyomozást illetve a személy azonosítását. Az egyének fenotípusának vizsgálatával új távlatok nyílnak a kriminalisztikai azonosításban. Az eddig bevált és jól működő krimináltechnikai módszer - DNS profilozás – kiegészülhet egy új – a korábitól merőben eltérő – eljárással, ami nem más, mint a kriminalisztikai fenotipizálás (Forensics DNA Phenotyping - FDP), mely magába foglalja az egyén szem-

Letöltés ideje: 2023. 12. 01.

¹⁴ Dzemila Sero, Arslan Zaidi, Jiarui Li, Julie D. White, Tomás B. González Zarzar, Mary L. Marazita, Seth M. Weinberg, Paul Suetens, Dirk Vandermeulen, Jennifer K. Wagner,

Mark D. Shriver & Peter Claes - Facial recognition from DNA using face-to-DNA classifiers – Nature Communications 2019. (10:2557) 5 oldal

haj-bőr pigmentációjának, magasságának, arcformájának megbecsülhetőségét, sőt ez által még populációra jellemző adatai (hajlamok, allék) is ki-mutathatók.

Az arc, egyének közötti változatossága az egyik legszembetűnőbb fenotípus, mely genetikailag vizsgálható és modellezhető. A Pennsylvániai Állami Egyetem Antropológia tanszékének genetikus professzora - Mark Shiver - és a belgiumi KU Leuven Egyetem képpalkotó szakértője - Peter Claes – kidolgoztak egy olyan számítógépes modellt, ami a DNS-ben található génekből kinyert adatok alapján modellezni tudja a DNS tulajdonosának arc morfológiai jellemzőit.¹⁵

Fontos megjegyezni, hogy a vizsgálathoz nem az adatbázisokban rendelkezésre álló DNS profilt használták, hanem közel 8000 genom vizsgálatát végezték, összesen 200 gént azonosítottak, melyek valamilyen formában hozzájárulnak az arc morfológiájához. Ebből közel 200 génből szükséges volt a szűkítés, így a végleges eredményeket 50 gén 24 SNP-jét felhasználva alkották meg. A genetikai vizsgálatok mellett szükség volt még a vizsgált egyének arcának digitális leképezésére is.

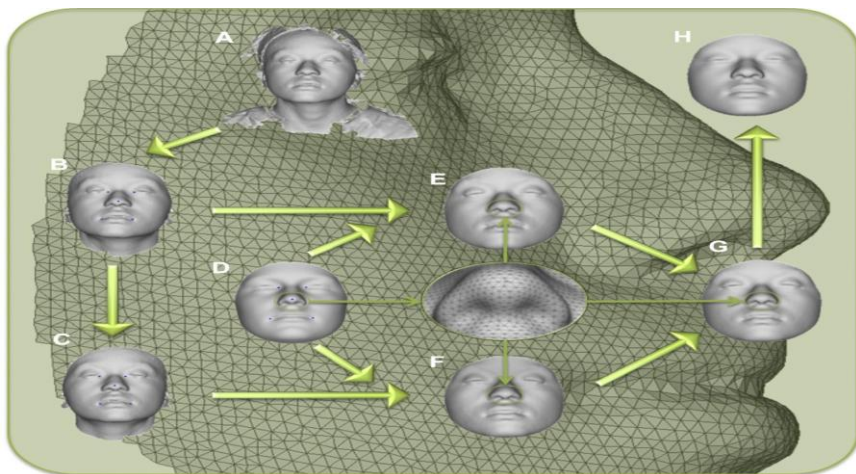
Egy 3D-s felületi képpalkotó rendszert használva különböző szögekben beállított kamerák segítségével egyszerre több képet készítettek a vizsgált arcfelületről, így létrehozva a +d-s ábrázolást. Az így digitalizált vetületen a számítógép több mint 30.000 támpontot határoz meg, melyet háromszöggelés révén az X, Y, Z koordináták metszéspontjai mentén felállít a 3D-s térben. A program a támpontok összekapcsolását követően létrehozza a képet, ami leginkább egy térhálóra hasonlít. Ezt követően a térhálón megjelenő kép felületét a program - egy algoritmust használva – finom hangolja, így alkotva egy konkrét arcképet.

A képpalkotáshoz Claes a korrelációs sűrű megfeleltetés-elemzést használta, ami a képpalkotó rendszerből származó adatokat egy 7000 „arctereptárgyból” álló halmazba rendezi, melyet követően pontosabb statisztikai

¹⁵ Susan Matheson DNA Phenotyping: Snapshot of a Criminal – Cell 166. 2016. auguszt 25. 1061-1064. o.

elemzést és összehasonlítást lehet végezni a rendelkezésre álló genetikai és morfológiai adatkészleten.

A modell a rendelkezésre álló genetikai adatok alapján először a nem és származással (biogeográfiai adatok) kapcsolatos jellemzőket határozza meg és ebből állít fel egy alaparcot például közép európai férfi. Ezt követően történik meg a rendelkezésre álló gének SNP-inek vizsgálata, melyek alapján további, az egyénre jellemző arcmorfológiai jegyek lesznek ábrázolva a modellben. Shiver és Claes jelenleg a harmadik generációs modellel kísérleteznek, melyhez több mint 100 gén 1000 SNP-jét használják fel a minél pontosabb ábrázolás érdekében.



3. számú kép
3D-s arckép alkotás

Kutatásuk legnagyobb kihívása a már korábban is említett és szemléltetett összetettség, mely az arcot jellemzi. Az arc genetikai összetettségén túl további nehézség, hogy igen erősen hatnak rá a külső környezeti hatások (súlyvesztés, hízás, öregedés, hormonok, táplálkozás). Az ezek által okozott változások pedig nem követhetők le és nem is becsülhetők meg a DNS-ből.

A kutatás eredményessége (kb. 40-45%) elmarad ugyan a más területeken elértektől, de így sem panaszkodhatnak a szerzők. Shiver véleménye

szerint az arc kb. 20-25%-át a nem és a származás, 15-20%-ban pedig a genetika formálja.

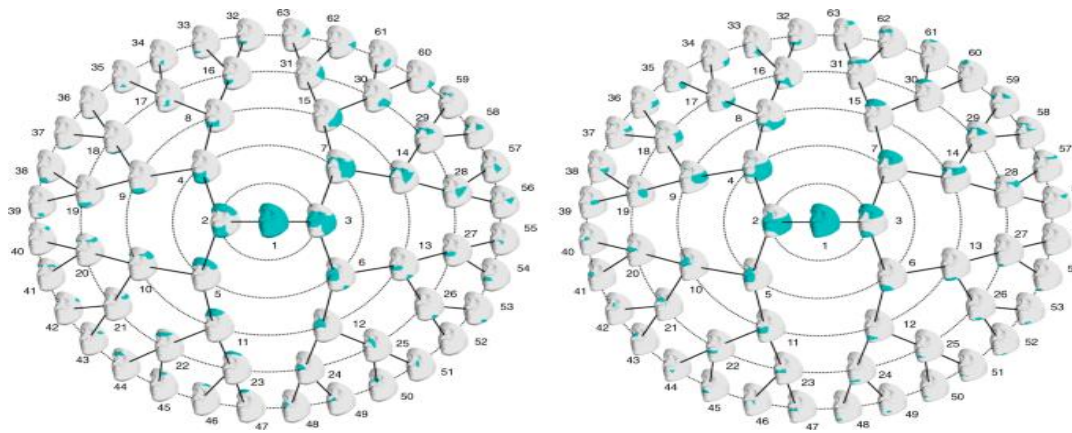
Egyik másik megközelítés, hogy nem önálló eljárásként, hanem kiegészítő lehetőségként alkalmazzuk a jelenlegi DNS-vizsgálatok támogatására. Az eljárás a vizsgált egyén DNS-profiljának és az ismert arcprofil adatbázis összevetésén alapszik.¹⁶

A fenntipizálástól eltérően itt nem az arc jellemzőinek DNS-ből való megjóslásán van a hangsúly. Ez a megközelítés teret nyit egy további kiegészítő eljárásnak, amely támogatást nyújthat a DNS-alapú vizsgálatokban. Számítási szempontból, szemben a genom alapú fenotípus előrejelzés kihívást jelentő feladatával, az arckép-osztályozásba ágyazódik be, amely a gépi tanulás aktív kutatási területe.

A DNS jellemzők előrejelzése egy 3D arcforma alapján, úgynevezett face-to-DNS osztályozók segítségével történik. A rendelkezésre álló összes információt egy meglévő 3D arcképekből becsülik meg. A kutatás során két csoportba sorolták a begyűjtött adatokat. Az egyik a GLOBAL csoport, mely a világ különböző részeiről, egymással nem rokon, genetikailag heterogén egyénekből áll. A cél a csoportba található egyének 4 genetikai jellemzőjének a nem, az életkor és a testtömeg-index (BMI) meghatározása.

A másik csoport európai származású (EUROPA) résztvevőből állt. Itt a cél már az arcvariációkkal összefüggő lókuszokban található SNP-k által meghatározható nem, életkor és BMI összefüggések meghatározása volt.

¹⁶ Matheson, S.: DNA Phenotyping: Snapshot of a Criminal. Cell. 2016.



4. számú kép
Hierarchikus arcszegmentációk

Ezt követően az eljárás során az arcformát két egymástól elkülönülő csoportba (globális, lokális) osztották. A csoportokba osztott arcformákat 63-63 szegmensre osztották tovább, majd vizsgálni kezdték az azonosságokat és az eltéréseket. A két csoport közt egyaránt találtak hasonlóságokat és különbségeket.

Következő lépésként osztályozni (pontozni) kezdték az egyes szegmensekhez kapcsolható vagy azokkal összefüggésbe hozható genetikai jellemzőket kódoló SNP-eket. Minden egyes genetikai jellemzőhöz egy-egy pontot párosítottak. Így meghatározhatóvá vált, hogy egy adott arc mennyire illeszkedik a vizsgált DNS profil egy adott jellemzőjéhez. Például, ha a próba DNS-profilja férfi biológiai nemet mutat, a férfi arc magas egyezési pontszámot generál. Minél több genetikai jellemző illeszkedik az arc és a vizsgált DNS profilhoz, annál magasabb az összpontszám. Ezáltal nagyobb a valószínűsége annak, hogy az arckép megegyezik a vizsgált DNS profiljával.

A 3D-s arcforma genetikai jellemzőjének megbecslése mindkét csoportban látványos volt, de a GLOBÁLIS csoportban eredményesebbnek bizonyult. A GLOBAL csoport esetében a megbecsült 382 genetikai jellemző

látványos és azt szemlélteti, hogy a genomális háttér sokfélesége az arc variációjának elsődleges mozgatórugója. Többek közt ezért is jól becsülhető a 3D arcforma alapján.¹⁷

A módszerrel kapcsolatban felmerülő kételyek

Mint arra korábban utaltam az arc fenotípus vizsgálata alkalmas volt származás azonosításra. Az ezzel kapcsolatos aggályok, már Shiver és Claes kutatása során is érzékelhetőek voltak, tekintve, hogy sokan visszautasították azt, hogy az arcukat adják a kutatáshoz. Tovább nehezítette a módszer elfogadását, hogy társadalmi körökben az eredményekkel kapcsolatban igen éles kritika fogalmazódott meg, miszerint maga a vizsgálat igen előítéletes és erősen rasszista, diszkriminatív vonulata van.

Nagy port kavart mikor a Kínai Népköztársaságban olyan kutatások indultak, melyek az ujjur kisebbséghez tartozó 612 személy DNS-ét felhasználva törekedett egy arc fenotipizáló program megalkotására. Mindezt úgy, hogy a közeljövőben Kína területén 626 millió térfigyelő kamera fog működni, melyek nagy része képes lesz az arcelemzésre/felismerésre. A kínai kormány tagadja, hogy elnyomná vagy bármilyen módon negatívan megkülönböztetné az ujjurokat. Hivatalos álláspontja, hogy Hszincsiang-Ujjur Autonóm Területen csupán terrorellenes intézkedéseket hajt végre.¹⁸

Az etikai megkérdőjelezhetőség mellett más hátránnyal is rendelkezik a módszer. Többek közt azzal, hogy a kutatási eredmények nehezen akceptálhatók a bűnüldöző hatóságoknál. Egyes kutatók szerint jellemzően szkeptikusan fogadják az eredményeket, mivel álláspontjuk szerint „jóslásokon” alapul. Ennek kiküszöbölésére célszerű lenne széleskörűen tesztelni a módszert bizonyos nyomozások során.

További korlátjai a módszernek, hogy sokszor nem elegendő mennyiségű a vizsgálati minta a fenotipizálásra és a DNS profilozásra. A DNS

¹⁷ Sero, D., Zaidi, A., Li, J., White, J. D., Zarzar, T. B., Marazita, M. L., és mtsai: Facial recognition from DNA using face-to-DNA classifiers. Nature Communications. 2019.

¹⁸ Forrás: <https://go.gale.com/ps/i.do?id=GALE%7CA607421538&sid=googleScholar&v=2.1&it=r&linkaccess=abs&issn=22699740&p=AONE&sw=w&userGroupName=anon%7Ef6c336a0&aty=open-web-entry>

profilozás során jellemzően csak 13 markert használnak, melyek nem kódoló régiók, azonban bizonyított, hogy a DNS nem kódoló részei is tartalmaznak fenotípusra utaló adatokat, így ezek vizsgálata is indokolt lenne. Mivel azonban a rendelkezésre álló mintákat nem különítik el, vagy a helyszíneken nem rögzítenek megfelelő mennyiségű DNS anyagmaradványt, így kétséges a vizsgálati eredmény megbízhatósága. Ezen túlmenően pillanatnyilag még nem áll rendelkezésre szabványosított fenotípus-meghatározási módszer, melyet alkalmazhatnának. Az útmutatók, illetve a képalkotó technológiák szabványosításának a hiánya olyan további korlátként értékelendő, amelyek megkérdőjelezzik az eljárás megismételhetőségét.¹⁹

Összességében elmondhatjuk, hogy a pontos és megbízható eredmények érdekében hatalmas mennyiségű adat ismeretére van szükség. Ismernünk kell a minta gyűjtés helyszínét (bűncselekmény elkövetésének konkrét helyét) a tágabb értelemben vett helyszín populációs jellemzőit. Egyáltalán nem mindegy ugyanis, hogy európai, vagy ázsiai populáció jellemzi az adott helyet. Fontos továbbá a minta mennyisége, hogy milyen markert használtak a DNS profil felállításhoz, valamint hogy a statisztikai változókhoz mennyi és milyen (származás stb.) személyek adatait használták.

Láthatjuk, hogy a fenotipizálással kapcsolatban rengeteg adattal kell rendelkezünk, melynek tárolására pillanatnyilag nincs a hatóságoknak kapacitása. Privilegizált érdek tehát a szabványosított vizsgálati módszer kidolgozása mellett egy olyan széleskörű adatbázis létrehozása és kezelése, mely lehetőséget biztosít a módszer megfelelő szintű alkalmazására.

A módszerrel kapcsolatban felmerülő lehetőségek

Mészáros Bence szerint az FDP legnagyobb eredménye az lenne, ha a DNS elemzése révén a keresett személy arcképét is elő lehetne állítani. Az FDP e végső céljának teljesülése „minden rendőr álmát” valósítaná meg, hiszen egy biológiai anyagmaradvány alapján tanúk nélkül is a nyomozók kezébe

¹⁹ Czebe András: Szemben az ismeretlen elkövetővel I. Helyzetkép a forenzikus DNS-fenotipizálás eredményeiről és korlátairól. 914. o.

adna egy olyan eszközt, amely meghatározó lenne a további adatgyűjtésben (akár a meglévő tanúk vallomásának ellenőrzésében is), és amelyre esetleg körözést is ki lehetne adni.²⁰

Ez persze ma még utópisztikusnak hangzik, de ne felejtjük el, hogy a tanulmányban ismertetett GWAS érdemi változást hozhat, mivel aránylag alacsonyabb számú minta felhasználásával is 38 meghatározó lókuszra tudta felhívni a figyelmet. Ez a szemlélet már nem feltétlenül az arcképen, hanem az SNP elemzésére alapozva képes kiszűrni a konvencionális fenotipizáló módszerek gyenge pontjait.

Az Amerikai Egyesült Államok egyes területein már eredményesen használták a technológiát, többek közt Marylandban és Észak-Karolinában sikerült egy-egy emberölés gyanúsítottjának az azonosítása.

Az Európai Unió egyes tagországainak büntető igazságszolgáltatási rendszerében dolgozó szakértők között széles körű egyetértés van azzal kapcsolatban, hogy a fenotipizálás során tett megállapításokat a büntető ügyben az ügyirat részeként érdemes kezelni és a feltételezett elkövető le tartóztatását követően a DNS profilozással erősítve bizonyítékként felhasználni. Álláspontom szerint a hazai viszonylatban sem szükséges „kapkodni”. Célszerű lenne a külföldi minták alapján, egy olyan új módszerként tekinteni a fenotipizálásra, mely segíthet, új lendületet adhat a már korábban megrekedt és „ismeretlen elkövetős” büntetőeljárásokban, mint egyfajta megelőző prediktív rendészeti eljárás. Mátyás Szabolcs megfogalmazásában a prediktív (megelőző) rendészet olyan matematikai alapokon nyugvó térinformatikai alkalmazás, amely a múlt bűncselekményi adatai alapján bizonyos hibaszázalékkal előrejelzi a bűncselekmények várható elkövetési helyét és idejét, illetve a sértettek és elkövetők lehetséges körét.²¹

Tagadhatatlan, hogy az FDP maga egy krimináltechnikai módszernek tekinthető, én mégis a prediktív rendészet körébe sorolom. A szükséges

²⁰ Mészáros Bence - A Forensic DNA Phenotyping és az arckép előállításának lehetősége, Rendőrségi tanulmányok IV. évfolyam 2021/4. szám. 81. o.

²¹ Boda József (szerk.): Rendészettudományi szaklexikon. Dialog Campus Budapest. 2019.

jogi, társadalmi, módszertani háttér kidolgozatlansága miatt, egy tájékoztató, segítő jellegű módszernek tekintem, mint bizonyító erővel bíró krimináltechnikai eljárásnak. Ez persze mit sem csökkent az értékéből és eredményeiből.

Összegzés

A tanulmányban ismertetett kutatási eredmények önmagukért beszélnek, és vitathatatlanul helyet követelnek maguknak a kriminalisztika világában. Ma még nehezen képzelhető el, hogy az arc a szem és egyéb fenotipizálással kapcsolatos vizsgálati módszerek eredményeit bizonyítékként használjuk fel egy büntetőeljárásban, de gondoljunk csak vissza az 1980-as évekre, amikor is egy az izmokba megjelenő oxigéntároló fehérje előállításáért felelős fehérje vizsgálata során Alec Jeffreys kidolgozta a DNS azonosítás módszertanát, ezzel bevonva a genetikát a kriminalisztika világába. Ma már elképzelhetetlen, hogy egyes eljárásokban a kínálkozó lehetőség ellenére ne alkalmazzuk a DNS profilozást.

Egyelőre még ingoványos a fenotipizálás alkalmazhatóságának talaja, de a bemutatott kutatási eredmények bizonyítják, hogy a kriminalisztika területén nem lehet és nem is kell gátat szabni a fejlődésnek. Az arc morfológiájának fenotípusos összetettségét általában túlságosan leegyszerűsítették, alábecsülték a genetika világában. Ezért továbbra is kihívást jelent a teljes arcszerkezet DNS-ből való visszanyerését.

Ezzel kapcsolatban csak egy fontos dologunk van. Nem más, mint hogy lehetőségeinkhez mérten a lehető legszélesebb körben térképezzük fel a módszerben rejlő lehetőségeket és a lehető legmegbízhatóbb módon alkalmazzuk a felderítésekben és bizonyításokban.

Irodalomjegyzék

Boda József (2019). Rendészettudományi szaklexikon. Budapest: Dialog Cmapus.

Czebe András (2021). Szemben az ismeretlen elkövetővel I. Helyzetkép a forenzikus DNS fenotipizálás eredményeiről és korlátairól. Belügyi Szemle, 1099-1013.

Fan, L., Fedde van der, L., Schurmann, C., Zhu, G., Chakravarty, M. M., Hysi, P. G., . . . Kayser, M. (2012). A Genome-Wide Association Study Identifies Five Loci Influencing Facial Morphology in Europeans. PLOS Genetics, 1-13.

Kovács Tamás (2019. január 20). Ontogenezist szabályozó faktorok I. Kovács Tamás, Budapest, Pest Vármegye, Magyarország.

Matheson, S. (2016). DNA Phenotyping: Snapshot of a Criminal. Cell, 1061-1064.

Mészáros Bence (2021). A Forensic DNA Phenotyping és az arckép előállításának lehetősége. Rendőrségi Tanulmányok, 76-85.

Paternoster, L., Zhurov, A. I., Toma, A. M., Kemp, J. P., Pourcain, B. S., Timpson, N. J., . . . Evans, D. M. (2012). Genome-wide association study of three-dimensional facial morphology identifies a variant in PAX3 associated with nasion position. The American Journal of Human Genetics, 478-485.

Petrétei Dávid (2018). A modern kriminalisztika egyes jogi és etikai kérdései. Magyar Rendészet, 103-115.

Richmond, S., Howe, L. J., Lewis, S., Stergiakouli, E., & Zhurov, A. (2018). Facial Genetics: A Brief Overview. Frontiers in Genetics,

Sero, D., Zaidi, A., Li, J., White, J. D., Zarzar, T. B., Marazita, M. L., . . . Claes, P. (2019). Facial recognition from DNA using face-to-DNA classifiers. Nature Communications.

Sheenan, M. J., & Nachman, M. W. (2014). Morphological and population genomic evidence that human face have evolved to signal individual identity. Nature Communications.

Internetes források

Katz, L. (2021. szeptember 30). CNET. Letöltés dátuma: 2024. 01 25, forrás: CNET, a Red Ventures company: <https://www.cnet.com/science/if-mummies-had-faces-scientists-use-dna-to-see-how-ancient-egyptians-looked/>

Wee, S.-L., & Mozur, P. (2019. december 4). Gale Academic Online. Letöltés dátuma: 2024. január 5, forrás: Gale a Cengage Company: <https://go.gale.com/ps/i.do?id=GALE%7CA607421538&sid=googleScholar&v=2.1&it=r&linkaccess=abs&issn=22699740&p=AONE&sw=w&userGroupName=anon%7Ef6c336a0&aty=open-web-entry>