

**Jarosław Moszczyński**

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

ORCID: 0000-0002-6377-1924

jaroslaw.moszczyński@uwm.edu.pl

## Rozważania o nowym paradygmacie kryminalistyki

### Wprowadzenie

Kilka dekad – jak na historię nowej dziedziny kryminalistyki – to niewiele, jednak w takim czasie identyfikacja oparta na profilach DNA zrobiła zawrotną „karierę” i stała się nowym „złotym standardem” identyfikacji człowieka. Wcześniej, przez cały wiek palma pierwszeństwa należała do daktyloskopii<sup>1</sup>. Teraz zarówno jej, jak i większości innym kryminalistycznym metodom identyfikacji zarzuca się brak wystarczających podstaw naukowych<sup>2</sup>. Wizja nowego paradygmatu kryminalistyki zakłada powszechne wzorowanie się na metodyce identyfikacji genetycznej. Postuluje się odejście od subiektywnej oceny wartości identyfikacyjnej cech badanych obiektów i podjęcie doświadczalnego ustalania częstości ich występowania. W rezultacie stosowania metod statystycznych należy też zrezygnować z wydawania opinii kategorycznych.

Celem artykułu jest prezentacja stanowisk różnych kryminalistyków odnośnie do przewidywanych zmian paradygmatu kryminalistyki i ocena realności postulatów.

---

<sup>1</sup> J. Moszczyński, *Z historii polskiej daktyloskopii*, „Studia Prawnoustrojowe” 2014, nr 26, s. 171–185.

<sup>2</sup> Idem, *Opiniowanie w kryminalistyce – wybrane zagadnienia*, „Studia Prawnoustrojowe” 2016, nr 31, s. 151–160.

## Charakterystyka identyfikacji genetycznej

Identyfikacja genetyczna stała się wybitnym osiągnięciem kryminalistyki<sup>3</sup>, a ekspertyza genetyczna jest jednym z najbardziej cenionych dowodów procesowych<sup>4</sup>. Do identyfikacji wystarczą nawet śladowe ilości materiału biologicznego. Nowa metoda jest już nie tylko najczęściej wykorzystywaną metodą identyfikacji sprawców przestępstw – dzięki skomputeryzowanym bazom profili DNA<sup>5</sup> pozwala także na ich wykrywanie<sup>6</sup>. Stanowi podstawę ustalania tożsamości zwłok<sup>7</sup>, zaginionych osób<sup>8</sup>, a także identyfikacji szczątków postaci historycznych<sup>9</sup>. Przedmiotem kryminalistycznych badań genetycznych są również ślady biologiczne pochodzenia zwierzęcego i roślinnego<sup>10</sup>. Umożliwia jednoznaczne ustalania ojcostwa. Nowa metoda pozwala też na weryfikację błędnych wyroków skazujących – dzięki amerykańskiemu *Innocence Project* do chwili obecnej uniewinniono 367 osób, spośród których znaczna część spędziła długi czas w celi śmierci, w oczekiwaniu na egzekucję<sup>11</sup>.

Wysoka wiarygodność identyfikacji genetycznej wynika z jej mocnych podstaw naukowych. Identyfikacja genetyczna człowieka opiera się głównie na analizie DNA genomowego, zawartego w jądrach komórki, rzadziej przy wykorzystaniu DNA mitochondrialnego (mtDNA). DNA jądrowe zawarte jest

<sup>3</sup> T. Tomaszewski, *Genetyczne badania identyfikacyjne - przełom i wyzwanie kryminalistyki*, „Problemy Współczesnej Kryminalistyki” 1996, t. I, s. 127–141; idem, *Ekspertyza DNA jako dowód naukowy*, [w:] V. Kwiatkowska-Wójcikiewicz (red.), *Kryminalistyka dla prawa. Prawo dla kryminalistyki*, Toruń 2010, s. 81–91; J. Wójcikiewicz, *Ekspertyza genetyczna w Polsce – 20 lat później*, [w:] V. Kwiatkowska-Wójcikiewicz (red.), op. cit., s. 93–105.

<sup>4</sup> 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.

<sup>5</sup> 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. Mondzilewski, *Problematyka międzynarodowej automatycznej wymiany danych DNA prowadzonej w ramach postanowień decyzji Prüm*, [w:] E.W. Pływaczewski, W. Filipkowski, Z. Rau (red.), *Przestępczość w XXI wieku. Zapobieganie i zwalczanie. Problemy technologiczno-informatyczne*, Warszawa 2015, s. 485–502.

<sup>6</sup> J. Moszczyński, *Wymiana danych daktyloskopijnych i genetycznych w granicach Unii Europejskiej*, [w:] S. Pikulski, M. Romańczuk-Grącka, B. Orłowska-Zielińska (red.), *Tożsamość polskiego prawa karnego*, Olsztyn 2011, s. 605–611.

<sup>7</sup> I. Sołtyszewski, B. Młodziejowski, *Problematyka identyfikacji NN zwłok i szczątków ludzkich*, [w:] I. Sołtyszewski (red.), *Badania kryminalistyczne (wybrane aspekty)*, Olsztyn 2007, s. 43–54.

<sup>8</sup> E. Gruza, *Genetyka-zaginionym*, [w:] V. Kwiatkowska-Wójcikiewicz (red.), op. cit., s. 107–119.

<sup>9</sup> M. Kokowski (red.), *Tajemnica grobu Mikołaja Kopernika. Dialog ekspertów (Kraków 22–23.II.2010)*, Kraków 2012.

<sup>10</sup> H. Miller 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> (data dostępu: 4.05.2020).

<sup>11</sup> *Innocence Project*, <http://www.innocenceproject.org/> (data dostępu: 4.05.2020).

w śladach krwi, śliny, nasienia, wydzielin z dróg rodnych oraz w cebulkach włosów. Wykorzystywane są również ślady kontaktowe w postaci substancji potowo-tłuszczowej, tworzącej ślady daktyloskopijne<sup>12</sup>. Materiałem porównawczym do badań genetycznych najczęściej są wymazy śliny<sup>13</sup> lub próbki krwi. Bardzo prosta i klarowna budowa DNA, a w rezultacie profili DNA, czyli kilkunastu krótkich fragmentów łańcucha, niezwykle ułatwia statystyczną ocenę rezultatów badań identyfikacyjnych, która stanowi fundament naukowości tej metody. DNA 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. W identyfikacji genetycznej szczególnie przydatne są sekwencje mikrosatelitarne, o jednostce powtarzalnej liczącej najczęściej 4 pary zasad, zwane układami STR (*Short Tandem Repeats*)<sup>14</sup>, powtarzających się od kilku do kilkadziesiąt razy. U jednego osobnika w jednym *locus* (ściśle określone miejsce na jednej z par chromosomów) mogą wystąpić maksymalnie dwa allele (różne układy nukleotydów), ale w populacji wielu ludzi takich alleli jest bardzo dużo. Zjawisko to określane jest jako polimorfizm DNA i stanowi podstawę identyfikacji genetycznej człowieka<sup>15</sup>.

Poszczególne etapy identyfikacji genetycznej (ekstrakcja DNA, pomiar stężenia DNA, reakcja PCR (amplifikacja) i rozdział elektroforetyczny) wykonywane są przy użyciu zautomatyzowanej aparatury, w związku z czym nie zawierają elementów subiektywizmu. Interpretacja wyników elektroforezy (analiza wysokości, kształtu i lokalizacji pików) dokonywana jest przy udziale eksperta i nie zawsze może być jednoznaczna<sup>16</sup>. Szczególny problem stanowi analiza zdegradowanego materiału biologicznego, zbyt małe stężenie DNA oraz mieszanie śladów kilku osób<sup>17</sup>. Wówczas mogą pojawiać się elementy

---

<sup>12</sup> J. Babecka, *Skóra jako źródło śladów kryminalistycznych w kontekście badań DNA*, [w:] I. Sołtyszewski (red.), *Aktualne zagadnienia biologii kryminalistycznej*, „Zeszyty Metodyczne” 2002, nr 15, s. 61–68; G. Grzesiak, T. Konopka, M. Lech, *DNA zabójcy na szyi ofiary zadławienia*, „Problemy Kryminalistyki” 2007, nr 257, s. 55–58.

<sup>13</sup> R. Juźwiak, *Ocena przydatności wybranych zestawów do pobierania wymazów ze śluzówki jamy ustnej*, „Zeszyty Metodyczne” 2002, nr 15, s. 44–49.

<sup>14</sup> W. Branicki, T. Kupiec, P. Wolańska-Nowak, *Badania DNA dla celów sądowych*, Kraków 2008, s. 20–23.

<sup>15</sup> R. Pawłowski, *Medyczo-sądowe badania śladów biologicznych*, Kraków 1997, s. 89–94.

<sup>16</sup> 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, nr 96, s. 153–168.

<sup>17</sup> 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, nr 2, s. 91–103.

subiektywnych ocen. W przypadku stwierdzenia zgodności profili genetycznych dokonuje się obliczeń wartości ilorazu wiarygodności (LR), przy wykorzystaniu populacyjnych baz danych<sup>18</sup>. 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”.

### Subiektywizm w identyfikacjach kryminalistycznych

Subiektywne oceny mogą występować na poszczególnych etapach badań identyfikacyjnych, tzn. podczas detekcji cech identyfikacyjnych, oceny ich wartości identyfikacyjnej, porównywania cech (materiału dowodowego i porównawczego), ustalania stopnia ich zgodności, interpretacji uzyskanych wyników oraz formułowania wniosków. Największy wpływ na poziom subiektywizmu mają jednak następujące właściwości cech identyfikacyjnych: ich niski poziom określoności, zmienność i modyfikowalność<sup>19</sup>.

Cechy identyfikacyjne mogą być określone (zdefiniowane) w sposób bardziej lub mniej jednoznaczny. Poziom określoności cech może się zawierać pomiędzy ściśle określonymi elementami (cechy ilościowe) a jedynie pojęciowo zdefiniowanymi zjawiskami (cechy jakościowe). Poważny problem klasyfikacyjny stanowi nieograniczona różnorodność cech, zwłaszcza jeśli stanowią one kontinuum i przejścia między nimi zachodzą w sposób ciągły. Im mniej precyzyjny jest sposób zdefiniowania cech, tym większą swobodę posiada ekspert w ich interpretacji. W przypadku precyzyjnego zdefiniowania cech ekspert z góry dokładnie wie, jakie cechy mogą wystąpić w materiale badawczym i jakich cech powinien poszukiwać. Ponadto istnieje wówczas możliwość wykorzystania metod statystycznych do ustalania wartości identyfikacyjnej cech i ich zespołów (częstości występowania w populacji identyfikowanych obiektów).

<sup>18</sup> I. Sołtyszewski, A. Niemcunowicz-Janica, W. Pepiński, J. Janica, *Genetyka populacyjna układów HumFES/FPS i HumF13B w populacji północno-wschodniej Polski*, „Zeszyty Metodyczne” 2002, nr 15, 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 próbce populacyjnej Małopolski*, „Problemy Kryminalistyki” 2004, nr 244, s. 49–52.

<sup>19</sup> J. Moszczyński, *Subiektywizm w badaniach kryminalistycznych. Przyczyny i zakres stosowania subiektywnych ocen w wybranych metodach identyfikacji człowieka*, Olsztyn 2011, s. 41–48.

Zmienność cech może mieć charakter fluktuacji (np. cechy naturalnego pisma określonej osoby zmieniają się w określonych granicach), ewolucji (np. cechy w postaci stopniowo pogłębiającego się zdarcia spodu obuwia) lub kreacji (np. powstanie zarysowania na podeszwie buta, nakreślenie wymyślonej konstrukcji podrabianego podpisu). Brak stabilności cech bardzo utrudnia, a nawet uniemożliwia identyfikację. Przed ekspertem powstaje zasadniczy problem: czy występujące różnice pomiędzy cechami w materiale dowodowym i porównawczym wynikają z faktu pochodzenia porównywanych śladów od różnych obiektów, czy też odzwierciedlają one naturalną zmienność cech tego samego źródła? W takich sytuacjach ekspert jest zmuszony do dokonywania rozstrzygnięć w oparciu o swoje doświadczenie. Z drugiej strony, niezmiennosc cech identyfikacyjnych (np. cechy linii papilarnych i DNA) redukuje obszary subiektywnych ocen.

Jeszcze większe obszary subiektywnych ocen powstają w badaniach identyfikacyjnych opartych na cechach, które można celowo modyfikować (fałszować), np. każda osoba pisząca może z lepszym bądź gorszym skutkiem zmienić cechy (obraz) swojego pisma, albo naśladować pismo innej osoby. W takich przypadkach ekspert musi najpierw dokonać oceny autentyczności zapisu, co wymaga dużego doświadczenia i zazwyczaj subiektywnych ocen.

## Krytyka klasycznych metod identyfikacyjnych

Nowy „złoty standard” kryminalistyki w postaci identyfikacji genetycznej uwidocznił niedostatek podstaw naukowych większości pozostałych metod identyfikacyjnych. W przełomowym raporcie o stanie kryminalistyki<sup>20</sup>, przygotowanym w 2009 r. przez National Academy of Science na zlecenie Kongresu USA, dokonano oceny metod badawczych w następujących dyscyplinach kryminalistyki: daktyloskopia, badania broni palnej, mechanoskopia, odontoskopia, traseologia, badania dokumentów, badania biologiczne (genetyka, włosy analiza śladów krwawych), badania fizykochemiczne (lakiery, narkotyki, włókna, płyny, materiały wybuchowe) oraz badania zapisów cyfrowych. Autorzy raportu uznali, że większość stosowanych w kryminalistyce metod badawczych opiera się na subiektywnych ocenach ekspertów. Wysokie noty uzyskały natomiast starannie określone wymogi sądowego stosowania badań DNA. Za obiektywne uznano także badania fizykochemiczne. Podobne wnioski płyną także z dwóch innych raportów: opracowanego przez naukowców z Uniwersy-

---

<sup>20</sup> *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 D.C. 2009, <http://www.nap.edu/catalog/12589/strengthening-forensic-science-in-the-united-states-a-path-forward> (data dostępu: 4.05.2020).

tetu w Lozannie na potrzeby Rady Europy (2011)<sup>21</sup> oraz raportu dla prezydenta USA (2016)<sup>22</sup>.

Wiele przykładów krytyki pod adresem klasycznych metod identyfikacyjnych oraz medycyny sądowej znajduje się w książce K.M. Pyrek o wymownym tytule *Forensic Science under Siege. The Challenges of Forensic Laboratories and the Medico-Legal Death Investigation System*<sup>23</sup> oraz wielu innych publikacjach amerykańskich. Na przykład M. Saks uważa, że „nie ma problemu z udowodnieniem naukowości metod, które oparte są na wykonanych wcześniej badaniach naukowych. Jednak dla metod opartych na parodii nauki, ubranych w laboratoryjne fartuchy, które nigdy nie wykonały naukowych badań niezbędnych do sprawdzenia swoich możliwości i ograniczeń oraz przesadnie eksponujących wiedzę, doświadczenie i umiejętności ekspertów, bramy powinny być zamknięte, dopóki nie będą one w stanie udowodnić słuszności swoich twierdzeń”<sup>24</sup>. D. Faigman napisał, że „eksperci są odpowiedzialni za dostarczanie opinii opartych na podstawach naukowych, a ponadto powinni posiadać i stosować się do swoich zawodowych zasad etyki. Także prokuratorzy i obrońcy powinni dbać, aby dowody odpowiadały standardom wiarygodności i ważności, zaś sędziowie nie powinni dopuszczać, aby na salach rozpraw krążyła pseudonauka”<sup>25</sup>. R. Epstein stwierdził, że „eksperci daktyloskopii w USA nie mają w tej chwili (po zrezygnowaniu ze standardu numerycznego i przyjęciu standardu holistycznego) żadnego standardu identyfikacyjnego i wyrażają bardzo zróżnicowane opinie dotyczące definicji poszczególnych rodzajów cech identyfikacyjnych, częstości ich występowania oraz minimalnej liczby cech niezbędnych do identyfikacji”<sup>26</sup>. S.A. Cole zauważył, że „wydawanie w daktyloskopii wyłącznie kategoriycznych opinii nie znajduje oparcia w badaniach naukowych i wynika z formalnego braku możliwości wydawania opinii prawdopodobnych”<sup>27</sup>.

---

<sup>21</sup> C. Champod, J. Vuille, *Scientific evidence in Europe – admissibility, appraisal and equality of arms*, „International Commentary on Evidence” 2011, vol. 9(1), s. 1–68.

<sup>22</sup> *Report to the U.S. President, Forensic Science in Criminal Courts: Ensuring Scientific Validity of Feature Comparison Methods*, September 2016. [https://obamawhitehouse.archives.gov/sites/default/files/microsites/ostp/PCAST/pcast\\_forensics\\_request\\_for\\_information.pdf](https://obamawhitehouse.archives.gov/sites/default/files/microsites/ostp/PCAST/pcast_forensics_request_for_information.pdf) (data dostępu: 4.05.2020).

<sup>23</sup> K.M. Pyrek, *Forensic Science under Siege. The Challenges of Forensic Laboratories and the Medico-Legal Death Investigation System*, Amsterdam 2007.

<sup>24</sup> M.J. Saks, *Johnson v. Commonwealth: How dependable is identification by microscopic hair comparison?* „The Advocate” 2004, nr 26(1).

<sup>25</sup> K.M. Pyrek, op. cit., s. 249.

<sup>26</sup> R. Epstein, *Fingerprints meet Daubert: The myth of fingerprint science is revealed*, „Southern California Law Review” 2002, nr 75, s. 605.

<sup>27</sup> S.A. Cole, *More than zero: Accounting for terror in latent fingerprint identification*, „Journal of Criminal Law and Criminology” 2005, nr 95(3), s. 985–1078.

## Wizja nowego paradygmatu kryminalistyki

Wraz z krytyką klasycznych metod identyfikacji pojawiły się przewidywania zmiany paradygmatu kryminalistyki, polegającej na obiektywizacji badań poprzez wykorzystanie w dyskredytowanych działach kryminalistyki standardów badawczych zbliżonych do metodyki identyfikacji genetycznej, czyli na przejściu od badań jakościowych (dokonywania przez ekspertów subiektywnych ocen wartości identyfikacyjnej cech) do badań ilościowych (doświadczalnym ustalaniu częstości występowania cech identyfikacyjnych oraz stosowaniu statystycznych szacunków wiarygodności uzyskanych wyników badań porównawczych). M.J. Saks oraz J.J. Koehler w swoim głośnym artykule<sup>28</sup>, nawiązującym do teorii skokowego rozwoju nauki Thomasa Khuna, zapowiadają przejście od wiedzy *a priori*, intuicyjnego przewidywania faktów, do wiedzy opartej na badaniach empirycznych. Zauważają też potrzebę prowadzenia badań nad poziomem błędów w poszczególnych metodach identyfikacyjnych.

J. Konieczny, odnosząc się do wyżej przytoczonej publikacji, napisał: „Doniosłość artykułu jest historyczna (...). Przyszłość kryminalistyki leży w nowoczesnej logice, matematyce i informatyce, z ich zastosowaniami do statystyki, sztucznej inteligencji itd., ze skutkami w analizie kryminalnej, profilowaniu kryminalnym, planowaniu i prowadzeniu śledztwa, przede wszystkim jednak z doniosłymi konsekwencjami dla (deskryptywnej, choć zapewne nie tylko) teorii dowodów, raczej na pewno z koniecznością rekonstrukcji tradycyjnego rozumienia zasady prawdy materialnej”<sup>29</sup>. Pełne poparcie koncepcji zmiany paradygmatu identyfikacji kryminalistycznej wyraża J. Konieczny w swojej monografii, pisząc m.in.: „Nowy paradygmat wskazuje jako logicznie poprawne i zgodne z wymaganiami nauki podejście probabilistyczne, sprowadzające rolę eksperta do podmiotu przeprowadzającego specjalistyczne badanie i poprawnie interpretującego jego wynik, ostateczne decyzje indywidualizujące, czyli wiążące (albo niewiążące) podejrzanego/oskarżonego z określoną sytuacją, pozostawiając organowi procesowemu”<sup>30</sup>.

Przywołany artykuł M. Saksa i J. Koehlera spotkał się także z bardzo krytycznymi ocenami przedstawicieli kryminalistyki, np. N. Rudin i K. Inman w swoich publikacjach o ironicznych tytułach<sup>31</sup> stwierdzają przede wszystkim,

<sup>28</sup> M.J. Saks, J.J. Kohler, *The Coming Paradigm Shift in Forensic Identification Science*, „Science” 2005, nr 309, s. 892–895.

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

<sup>30</sup> J. Konieczny, *Identyfikacja kryminalistyczna*, Warszawa 2017, s. 7.

<sup>31</sup> N. Rudin, K. Inman, *The Shifty Paradigm, Part I: Who Gets to Define the Practice of Forensic Science?*, „The CAC News”, 4th Quarter 2005, s. 13–16; N. Rudin, K. Inman, *The Shifty Paradigm, Part II: Errors and Lies and Fraud, Oh My!*, „The CAC News”, 1th Quarter 2006, s. 16–18.

że obserwatorzy kryminalistyki (M.J. Saks – profesor prawa oraz J.J. Koehler – profesor nauk behawioralnych) nie powinni wytyczać kierunków rozwoju kryminalistyki. Uważają przyjęcie założenia, że istnieje możliwość zastosowania modelu identyfikacji genetycznej w klasycznych działach kryminalistyki za naiwne. Zgadzają się z postulatem budowania populacyjnych baz danych, umożliwiających ocenę ilościową, jednak trzeba mieć na uwadze, że w pewnych dziedzinach kryminalistyki takie podejście może być zupełnie nieadekwatne i prowadzić do gorszych rezultatów niż ocena jakościowa. Dowodzą też, że badania identyfikacyjne śladów w postaci odwzorowań (np. daktyloskopijne, mehanoskopijne, obuwia) nie są wykonywane w oparciu o intuicję, lecz według przyjętych kryteriów, opracowanych na podstawie bogatej praktyki.

### **Trudności w realizacji postulatów nowego paradygmatu**

Urzeczywistnienie nowego paradygmatu kryminalistyki zależy głównie od możliwości zbudowania reprezentatywnych baz populacyjnych, które będą pozwalały na wiarygodną ocenę statystyczną uzyskanych rezultatów badań porównawczych.

DNA, które jest niezmiennie i nie jest fałszowane, posiada też bardzo klarowną strukturę. Dzięki temu można dość łatwo zbudować tzw. drabinę alleli, czyli katalog cech identyfikacyjnych, a następnie sprawdzić doświadczalnie, jak często występują poszczególne cechy w wybranej grupie osób, reprezentujących określoną populację. Zbudowana w ten sposób baza populacyjna pozwala na statystyczną ocenę prawdopodobieństwa przypadkowego powtórzenia się takiego samego profilu DNA u różnych osób, co stanowi naukowy fundament tego rodzaju identyfikacji.

Na drugim biegunie znajduje się pismo ręczne. Jego zmienność i podatność na zaburzenia, możliwość zmiany obrazu własnego pisma, jak i naśladowania cudzego oraz nieograniczona różnorodność odmian cech identyfikacyjnych sprawiają, że identyfikacja pismoznawcza obarczona jest wysokim stopniem subiektywizmu. Nie ma możliwości zbudowania reprezentatywnych i wyczerpujących katalogów cech identyfikacyjnych. Wiele cech pisma ręcznego nie podlega obiektywnym pomiarom w skali ilorazowej, np. w jednostkach długości czy kątów. Są one subiektywnie oceniane w skali nominalnej bądź porządkowej, np. stopień wyrobienia pisma, jego czytelność, naturalność, etap rozwoju, ogólny obraz, tempo pisania, cieniowanie, budowa znaku i inne. Badania pilotażowe<sup>32</sup>, które doprowadziły do zbudowania katalogu odmian minuskuł oraz obliczenia częstości ich występowania w oparciu o próbki pisma 100 osób,

<sup>32</sup> J. Moszczyński, J. Piotrowska, *Odmiany minuskuł oraz częstości ich występowania w rękopisach – badania pilotażowe*, „Problemy Kryminalistyki” 2008, nr 261, s. 35–42.



wymagają kontynuacji przy wykorzystaniu znacznie większej liczby wzorów pisma oraz uwzględnieniu szerszego katalogu znaków graficznych. Ale nawet wówczas nie uzyska się wiarygodności szacunków statystycznych, charakteryzującej identyfikację genetyczną, co nie znaczy, że nie należy podejmować takich starań. Trzeba też mieć na uwadze, że w ramach ekspertyz pismoznawczych zazwyczaj badane są podrobione zapisy i podpisy – bazy populacyjne nie pomogą w rozstrzygnięciu badania autentyczności kwestionowanych inskrypcji. Bazy populacyjne mogą być pomocne jedynie w ocenie wartości identyfikacyjnej niesfałszowanych zapisów i podpisów. Zatem identyfikacja pismoznawcza jest w dużym stopniu „skazana” na subiektywną ocenę ekspertów, a więc ocenę opartą na ich wiedzy i doświadczeniu.

Podobne uwagi odnoszą się do identyfikacji osób na podstawie mowy, której właściwości także nie pozwalają na budowanie reprezentatywnych baz populacyjnych. Fonoskopia jest jednak w nieco lepszej sytuacji, ponieważ oprócz ocenianych audytywnie przez ekspertów cech lingwistycznych (słownictwo, gramatyka, dialekt, nawyki i inne) oraz cech fonetycznych (np. artykulacja, intonacja, tempo, rytm, akcent, oddychanie, iloczasy), badane są w obiektywny sposób (aparaturowo) fizyczne parametry głosu (częstotliwość podstawowa tonu krtaniowego, barwa i dźwięczność głosu, formanty). Problem jednak w tym, że te ostatnie – fizyczne cechy akustyczne – nie są stabilne i zależą w dużym stopniu od stanu emocjonalnego mówcy.

W przypadku traseologii można budować bazy wzorów spodów obuwi, ale te będą przydatne jedynie do oceny wartości identyfikacyjnej cech grupowych (kształt podeszwy, rozmiar, kompozycja wzornicza). Natomiast zbudowanie katalogów cech powstałych w wyniku użytkowania butów (sposoby zdarcia podeszew, zarysowania, ubytki i inne) jest niezwykle trudne.

Równie trudne jest zbudowanie mechanoskopijnych baz populacyjnych, aczkolwiek byłoby bardzo pouczające zbadanie stopnia indywidualności śladów ostrzy różnych narzędzi. Warto zapewne także zbadać rozkłady częstości cech identyfikacyjnych broni palnej czyli np. śladów wewnętrznej powierzchni lufy na powierzchni bocznej pocisku, śladów iglicy i wyrzutnika na dnie łuski itp.

Zupełnie nie ma możliwości zbudowania katalogów cech identyfikacyjnych zapachów ludzi, rozpoznawanych przez specjalnie tresowane psy, ponieważ nie jest jeszcze dobrze rozpoznana natura zapachu, a żywe „narzędzia” identyfikacyjne jeszcze bardziej utrudniają zadanie.

W stosunkowo dobrej sytuacji znajduje się zdetronizowana daktyloskopia. Linie papilarne są niezmiennie i nie są fałszowane, ale ich budowa jest znacznie bardziej urozmaicona niż struktura DNA, co sprawia, że trudniej jest zbudować jednoznaczne katalogi minucji. Niezwykle istotne jest powszechne funkcjonowanie systemów automatycznej identyfikacji daktyloskopijnej (AFIS), których bazy mogą być wykorzystywane także jako bazy populacyjne. Za ich pomocą można ustalać wartość identyfikacyjną określonych konfiguracji mi-

nucji występujących w badanych śladach. Są nawet gotowe programy komputerowe, które po zeskanowaniu śladu i przeszukaniu bazy AFIS, obliczają wartość ilorazu wiarygodności<sup>33</sup>. Mimo to statystyczne podejście do identyfikacji daktyloskopijnej nie znajduje praktycznego zastosowania. Dzieje się tak zapewne z powodu dodatkowej pracochłonności, a poza tym z dotychczasowej, bardzo szerokiej praktyki i modeli matematycznych wynika, że prawdopodobieństwo powtórzenia się układu około dziesięciu minucji jest znikome. Jednak w przypadku śladów o małej liczbie cech, statystyczna ocena ich wartości identyfikacyjnej pozwoliłaby na wykorzystanie ich do celów dowodowych – aktualnie, zgodnie ze standardem numerycznym, uznawane są za nienadające się do identyfikacji.

Problemy związane z budowaniem populacyjnych baz cech identyfikacyjnych dotyczą większości działów kryminalistyki.

### Zasadność wydawania opinii kategoriycznych

Zdania na temat postulowanej w ramach nowego paradygmatu kryminalistyki rezygnacji z opinii kategoriycznych są podzielone.

John R. Vanderkolk jest zdecydowanym zwolennikiem teorii powszechnego występowania cech indywidualnych, a właściwie unikalności obiektów, będących przedmiotem identyfikacji. W swojej popularnej monografii pisze np.: „Podstawę identyfikacji kryminalistycznej stanowi zasada „wzory (obiekty) stworzone przez naturę są *niepowtarzalne*”. Unikalność jest obecna nawet w obiektach wytworzonych przez człowieka, które posiadają powtarzalne cechy, jak podeszwy butów wytworzone przy użyciu tych samych form lub narzędzia wyprodukowane w tych samych fabrykach. Dostrzeganie unikalności to wyzwanie. Pobieżne spojrzenie może nie ujawnić cech indywidualnych. Im bliżej i dokładniej obserwujemy cechy obiektu, tym bardziej możemy uświadamiać sobie ich unikalność”<sup>34</sup>. Przywołuje także opinie H. Cumminsa i C. Midlo: „Każdy naturalny wzór jest unikalny” oraz „Natura nigdy się nie powtarza w identyczny sposób”<sup>35</sup>.

---

<sup>33</sup> 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, vol. 52, nr 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, nr 16792-30, s. 189–195.

<sup>34</sup> J. R. Vanderkolk, *Forensic Comparative Science. Qualitative Quantitative Source of Unique Impressions, Images, and Objects*, Amsterdam 2009, s. 15–16.

<sup>35</sup> H. Cummins, C. Midlo, *Finger Prints, Palms and Soles – An Introduction to Dermatoglyphics*, New York 1961.

Całkowicie odmienne poglądy w kwestii cech indywidualnych prezentują M.J. Saks oraz J.J. Kohler<sup>36</sup>, pisząc: „Koncepcja indywidualizacji, która leży u podstaw wielu dziedzin kryminalistyki, istnieje jedynie w sensie metafizycznym lub retorycznym. Nie posiada walorów naukowych i w dużej mierze opiera się na błędnej logice, która utożsamia rzadkie zjawiska z unikalnymi (...). Produkt prawdopodobieństw większych niż zero, zawsze daje wartość większą niż zero. Dlatego podejście probabilistyczne prowadzi do konkluzji, że zawsze może istnieć inne źródło śladu, niż podejrzana osoba lub obiekt. (...) Twierdzenie o istnieniu indywidualności/unikalności nie może być dowiedzione poprzez podawanie przykładów (...). Nie ma możliwości udowodnienia indywidualności żadnej cechy człowieka bez sprawdzenia jej u wszystkich ludzi”.

S.A. Cole postuluje kryminalistykę bez cech indywidualnych (*uniqueness*) oraz opinie bez kategoriycznych wniosków identyfikacyjnych (*individualization*)<sup>37</sup>. Także J.E. Starrs uważa, że kryminaliści nie mają podstaw do wydawania kategoriycznych opinii<sup>38</sup>.

Inne i zarazem przekonujące stanowisko zajmuje David H. Kaye<sup>39</sup>, stwierdzając m.in., że stosując obliczenia statystyczne należy brać pod uwagę nie tylko fakt istnienia większego od zera prawdopodobieństwa jakiejś hipotezy, lecz także wartość tego prawdopodobieństwa. Jeśli jest ono bardzo małe, to można je uznać za niemożliwe. W przeciwnym wypadku – idąc tokiem rozumowania Saksa i Kohlera – można by obalić wiele praw fizyki, co byłoby nonsensem.

Jak już wspomniano, w opiniach dotyczących identyfikacji genetycznej nie stosuje się sformułowań kategoriycznych typu: „ślad pochodzi od podejrzanego”, nawet wówczas, gdy wartość ilorazu wiarygodności jest bardzo wysoka (lub prawdopodobieństwo powtórzenia się profilu bardzo małe). Jednak czy nie jest uzasadnione w takich przypadkach użycia sformułowań kategoriycznych? Nie wydaje się, żeby „zaokrąglenie” statystycznego prawdopodobieństwa graniczącego z pewnością do praktycznej pewności 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

<sup>36</sup> M.J. Saks, J.J. Kohler, *The Individualization Fallacy in Forensic Science Evidence*, „Vanderbilt Law Review” 2008, t. 61, nr 1, s. 199.

<sup>37</sup> S.A. Cole, *Forensics without uniqueness, conclusions without individualization: the new epistemology of forensic identification*, „Law, Probability and Risk” 2009, nr 8, s. 233–255.

<sup>38</sup> J.E. Starrs, *Foreword*, [w:] S.H. James, J.J. Nordby, S. Bell (red.), *Forensic Science: An Introduction to Scientific and Investigative Techniques*, Boca Raton, CRC Press 2003.

<sup>39</sup> D.H. Kaye, *Probability, Individualization, and Uniqueness in Forensic Science Evidence: Listening to the Academies*, „Brooklyn Law Review” 2010, nr 4, s. 1163–1185.

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<sup>40</sup>.

Podsumowując tę kwestię, nie sposób zgodzić się z poglądem, iż samo stosowanie metod statystycznych do szacowania wiarygodności wyników badań identyfikacyjnych, wyklucza możliwość wydawania kategoriycznych opinii. Decyduje o tym wielkość prawdopodobieństwa powtórzenia się określonego zespołu cech identyfikacyjnych w dwóch różnych obiektach. Jeśli jest ono mniejsze o wiele rzędów od odwrotności wielkości populacji tych obiektów, to można uznać, że zdarzenie takie jest w praktyce niemożliwe i w konsekwencji wydanie kategoriycznej opinii jest uzasadnione. Nie można też ignorować wiedzy wynikającej z szerokiej praktyki eksperckiej.

Wydanie opinii kategoriycznej nie wkracza, zdaniem autora tego artykułu, w kompetencje organu procesowego. Oznacza jedynie, że ślad został pozostawiony przez konkretną osobę lub przedmiot. Zadaniem organu procesowego jest natomiast powiązanie (lub nie) tego faktu z zaistniałym przestępstwem. Wszak kategoriyczna opinia biegłego nie jest wyrokiem, a wyrok skazujący nie zmienia opinii prawdopodobnej w kategoriyczną.

## Wnioski

Obiektywizacja wszelkich metod identyfikacyjnych, wynikająca z postulatów nowego paradygmatu kryminalistyki jest bardzo pożądana, ale jednocześnie bardzo trudna, a nawet niemożliwa do realizacji. Na przeszkodzie stoją odmienne właściwości cech identyfikacyjnych obiektów będących przedmiotem badań w kryminalistyce. Ich zmienność i niski stopień określoności nie pozwalają na budowanie reprezentatywnych baz populacyjnych. Ponadto bazy takie ani obliczenia statystyczne nie są przydatne do oceny autentyczności zapisów i podpisów. Nie znaczy to jednak, że nie da się ograniczyć zakresu subiektywnych ocen ekspertów. Podejmowanie prób budowania nawet niewielkich, wycinkowych baz populacyjnych w różnych dziedzinach kryminalistyki może być bardzo istotne dla weryfikacji przekonań ekspertów o stopniu indywidualności poszczególnych rodzajów cech identyfikacyjnych i prowadzić do trafniejszych wniosków. Kategoriyczne opinie są uzasadnione (jeśli są oparte na bogatej praktyce eksperckiej) bądź ze statystycznych obliczeń wynika, że przypadkowe powtórzenie się określonego zespołu cech jest praktycznie nie-

<sup>40</sup> W. Achrem, *Proces indywidualizacji w kryminalistycznych badaniach genetycznych*, [w:] J. Moszczyński, D. Solodov, I. Sołtyszewski, (red.), *Przestępczość, dowody, prawo. Księga Jubileuszowa Prof. Bronisława Młodziejowskiego*, Olsztyn 2016, s. 39–56.

możliwe. Należy przyjąć, że wiedza i doświadczenie ekspertów w klasycznych metodach identyfikacyjnych nadal będą odgrywały decydującą rolę w klasycznych metodach identyfikacji.

## Wykaz literatury

- Achrem W., *Proces indywidualizacji w kryminalistycznych badaniach genetycznych*, [w:] J. Moszczyński, D. Solodov, I. Soltyszewski, (red.), *Przestępczość, dowody, prawo. Księga Jubileuszowa Prof. Bronisława Młodziejewskiego*, Wyd. UWM, Olsztyn 2016.
- Babecka J., *Skóra jako źródło śladów kryminalistycznych w kontekście badań DNA*, [w:] I. Soltyszewski (red.), *Aktualne zagadnienia biologii kryminalistycznej*, „Zeszyty Metodyczne” 2002, nr 15.
- Branicki W., Kupiec T., Wolańska-Nowak P., *Badania DNA dla celów sądowych*, Wyd. Instytutu Ekspertyz Sądowych, Kraków 2008.
- Butler J.M., *Forensic DNA Typing. Biology, Technology, and Genetics of STR Markers*, Elsevier, Amsterdam 2005.
- Champod C., Vuille J., *Scientific evidence in Europe – admissibility, appraisal and equality of arms*, „International Commentary on Evidence” 2011, vol. 9(1).
- Cole S.A., *More than zero: Accounting for terror in latent fingerprint identification*, „Journal of Criminal Law and Criminology” 2005, nr 95(3).
- Cole S.A., *Forensics without uniqueness, conclusions without individualization: the new epistemology of forensic identification*, „Law, Probability and Risk” 2009, nr 8.
- Cummins H., Midlo C., *Finger Prints, Palms and Soles – An Introduction to Dermatoglyphics*, Dover Publications, Inc., New York 1961.
- 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, nr 16792-30.
- Epstein R., *Fingerprints meet Daubert: The myth of fingerprint science is revealed*, „Southern California Law Review” 2002, nr 75.
- Filewicz, A. Soltyszewski I., *Bazy danych DNA w Europie - rozwiązania legislacyjne*, „Problemy Kryminalistyki” 2003, nr 241.
- 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, nr 2.
- Goc M., Dąbrowska H., *Polska baza danych DNA dziś i jutro*, „Problemy Kryminalistyki” 2002, nr 237.
- Gruza E., *Genetyka-zaginionym*, [w:] V. Kwiatkowska-Wójcikiewicz (red.), *Kryminalistyka dla prawa. Prawo dla kryminalistyki*, TNOiK „Dom Organizatora”, Toruń 2010.
- Grzesiak G., Konopka T., Lech M., *DNA zabójcy na szyi ofiary zadławienia*, „Problemy Kryminalistyki” 2007, nr 257.
- Innocence Project*, <http://www.innocenceproject.org/>.
- Juźwiak R., *Ocena przydatności wybranych zestawów do pobierania wymazów ze słuzówki jamy ustnej*, „Zeszyty Metodyczne” 2002, nr 15.
- Kaye D.H., *Probability, Individualization, and Uniqueness in Forensic Science Evidence: Listening to the Academies*, „Brooklyn Law Review” 2010, nr 4.

- Kokowski M. (red.), *Tajemnica grobu Mikołaja Kopernika. Dialog ekspertów (Kraków 22–23.II.2010)*, Polska Akademia Umiejętności; Centrum Kopernika Badań Interdyscyplinarnych, Kraków 2012.
- Konieczny J., *Identyfikacja kryminalistyczna*, Instytut Wydaw. EuroPrawo, Warszawa 2017.
- Konieczny J., *Kryzys czy zmiana paradygmatu kryminalistyki?*, „Państwo i Prawo” 2012, nr 1.
- 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.
- Miller Coyle H., 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>.
- Mondzelewski J., *Problematyka międzynarodowej automatycznej wymiany danych DNA prowadzonej w ramach postanowień decyzji Prüm*, [w:] E.W. Pływaczewski, W. Filipkowski, Z. Rau (red.), *Przestępczość w XXI wieku. Zapobieganie i zwalczanie. Problemy technologiczno-informatyczne*, Wolters Kluwer, Warszawa 2015.
- Moszczyński J., *Opiniowanie w kryminalistyce – wybrane zagadnienia*, „Studia Prawnoustrojowe” 2016, nr 31.
- Moszczyński J., *Subiektywizm w badaniach kryminalistycznych. Przyczyny i zakres stosowania subiektywnych ocen w wybranych metodach identyfikacji człowieka*, Wyd. UWM, Olsztyn 2011.
- Moszczyński J., *Wymiana danych daktyloskopijnych i genetycznych w granicach Unii Europejskiej*, [w:] S. Pikulski, M. Romańczuk-Grącka, B. Orłowska-Zielińska (red.), *Tożsamość polskiego prawa karnego*, Pracownia Wydawnicza EISet, Olsztyn 2011.
- Moszczyński J., *Z historii polskiej daktyloskopii*, „Studia Prawnoustrojowe” 2014, nr 26.
- Moszczyński J., Piotrowska J., *Odmiany minuskuł oraz częstości ich występowania w Rękopisach – badania pilotażowe*, „Problemy Kryminalistyki” 2008, nr 261.
- Neumann C., Champod C., Puch-Solis R., Egli N., Anthonioz A., Bromage-Griffiths A., *Computation of Likelihood Ratios in Fingerprint Identification for Configurations of Any Number of Minutiae*, „Journal of Forensic Sciences” 2007, vol. 52, nr 1.
- Pawłowski R., *Medyczno-sądowe badania śladów biologicznych*, Wyd. Instytutu Ekspertyz Sądowych, Kraków 1997.
- Pyrek K.M., *Forensic Science under Siege. The Challenges of Forensic Laboratories and the Medico-Legal Death Investigation System*, Elsevier, Amsterdam 2007.
- Report to the U.S. President, *Forensic Science in Criminal Courts: Ensuring Scientific Validity of Feature Comparison Methods*, September 2016 [https://obamawhitehouse.archives.gov/sites/default/files/microsites/ostp/PCAST/pcast\\_forensics\\_request\\_for\\_information.pdf](https://obamawhitehouse.archives.gov/sites/default/files/microsites/ostp/PCAST/pcast_forensics_request_for_information.pdf).
- Rudin N., Inman K., *The Shifty Paradigm, Part I: Who Gets to Define the Practice of Forensic Science?*, „The CAC News”, 4th Quarter 2005.
- Rudin N., Inman K., *The Shifty Paradigm, Part II: Errors and Lies and Fraud, Oh My!*, „The CAC News”, 1th Quarter 2006.
- 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., *Johnson v. Commonwealth: How dependable is identification by microscopic hair comparison?* "The Advocate" 2004, nr 26(1).
- Saks M.J., Kohler J.J., *The Coming Paradigm Shift in Forensic Identification Science*, „Science” 2005, nr 309(5736).
- Saks M.J., Kohler J.J., *The Individualization Fallacy in Forensic Science Evidence*, „Vanderbilt Law Review” 2008, t. 61, nr 1.
- Sołtyszewski I., Młodziejowski B., *Problematyka identyfikacji NN zwłok i szczątków ludzkich*, [w:] I. Sołtyszewski (red.), *Badania kryminalistyczne (wybrane aspekty)*, Wyd. UWM, Olsztyn 2007.
- Sołtyszewski I., Niemcunowicz-Janica A., Pepiński W., Janica J., *Genetyka populacyjna układów HumFES/FPS i HumF13B w populacji północno-wschodniej Polski*, „Zeszyty Metodyczne” 2002, nr 15.
- Starrs J.E., *Foreword*, [w:] S.H. James, J.J. Nordby, S. Bell (red.), *Forensic Science: An Introduction to Scientific and Investigative Techniques*, Boca Raton, CRC Press 2003.
- 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 D.C. 2009, <http://www.nap.edu/catalog/12589/strengthening-forensic-science-in-the-united-states-a-path-forward>.
- Thompson W.C., *Subjective interpretation, laboratory and the value of forensic DNA evidence: three case studies*, „Genetica” 1995, nr 96.
- Tomaszewski T., *Ekspertyza DNA jako dowód naukowy*, [w:] V. Kwiatkowska-Wójcikiewicz (red.), *Kryminalistyka dla prawa. Prawo dla kryminalistyki*, TNOiK „Dom Organizatora”, Toruń 2010.
- Tomaszewski T., *Genetyczne badania identyfikacyjne – przełom i wyzwanie kryminalistyki*, „Problemy Współczesnej Kryminalistyki” 1996, t. I.
- Vanderkolk J. R., *Forensic Comparative Science. Qualitative Quantitative Source of Unique Impressions, Images, and Objects*, Elsevier, Amsterdam 2009.
- Wolańska-Nowak P., Branicki W., *Baza danych profili DNA – nowe narzędzie dla wymiaru sprawiedliwości*, „Prokuratura i Prawo” 2000, nr 5.
- Wójcikiewicz J., *Ekspertyza genetyczna w Polsce – 20 lat później*, [w:] V. Kwiatkowska-Wójcikiewicz (red.), *Kryminalistyka dla prawa. Prawo dla kryminalistyki*, TNOiK „Dom Organizatora”, Toruń 2010.

## Summary

### Reflections on the new forensic science paradigm

**Key words:** forensic science, identification, subjectivity, population databases, categorical opinions.

Forecasts for the emergence of the new forensic science paradigm appeared at the end of the first decade of the current century and were born from a confrontation of the methodology of genetic identification and classical types of forensic identifications. In the latter, it is expected that there will be a departure from the subjective assessment of the identification value of the features of the examined objects, in favour of experimental checking of their frequency.

Consequently, the opinions issued should be based on statistical estimates of the likelihood of a specific feature configuration being repeated in two different objects. This is also intended to lead to only probable opinions being issued. The purpose of this article is to present the views of selected forensic scientists regarding anticipated paradigm changes and to assess the reality of postulates. DNA and other objects that are the subject of forensic research have different properties, which makes it very difficult or even impossible to build representative population databases to form the basis for statistical calculations. Thus, the anticipated transition from subjective qualitative methods to objective quantitative methods, although desirable, is in practice very limited.