



A biológiai anyagmaradványok cselekvési szintű vizsgálata bűnügyekben III. A Bayes-hálózatok

Analysis of biological traces given activity level propositions in criminal cases III. – Bayesian networks

Füredi Sándor

Dr., PhD, genetikus szakértő
Nemzeti Szakértői és Kutatóközpont,
Genetikai Szakértői Intézet
furedis@nszkk.gov.hu



Absztrakt

Cél: A háromrészes tanulmány harmadik részének célja, hogy magyar nyelven, konkrét példákon keresztül bemutassa a bűncselekményekkel kapcsolatba hozható biológiai anyagmaradványok (köztük a DNS) cselekvési szintű vizsgálatát szolgáló Bayes-hálózatanalízis alapelveit.

Módszertan: A tanulmány készítéséhez a nemzetközi szakirodalmat és szakmai ajánlásokat vetette össze a szerző, illetve Bayes-hálózatanalíziseket végzett el.

Megállapítások: A bűnügyekben vizsgált anyagmaradványok cselekvési szintű igazságügyi valószínűsítő értékelésének egy kiváló módszere a Bayes-hálózatanalízis. A Bayes-hálózat (BH) valószínűségi változókat és azok feltételes függőségeit tartalmazó, irányított körmentes gráf. A gráf dolgok (csomópontok, csúcsok) és rajtuk értelmezett összeköttetések (élek) halmaza. A BH irányítottsága teljesen megfelel a forenzikus cselekvési szintű elemzésekben is a vizsgálatok fókuszába kerülő ok → okozat, hatás → következmény (ti. cselekvés → anyagtranszfer) függőségeknek. A BH körmentes, azaz az állításokat, elemzett cselekvéseket, az azokhoz tartozó anyagtranszfer (TPPR) eseményeket és a szakértői vizsgálati eredményeket reprezentáló csomópontok egyirányú láncolata egyetlen csomópontba sem térhet vissza. Ez tökéletesen modellezi az

A szerző a kéziratot magyar nyelven nyújtotta be. Benyújtás: 2025. 10. 30. Átdolgozás: 2026. 03. 10. Elfogadás: 2026. 03. 25.

anyagmaradványok változásának térbeli és időbeli dinamikáját, amely soha nem térhet vissza a kiinduláskori állapotban és időben a kezdőpontra. Minden csomópont állapotát és azok valószínűségét a hozzájuk közvetlenül kapcsolódó szülő csomópont(ok) (például DNS-transzfer) állapota és valószínűsége befolyásolja. A szakértői vizsgálati eredménynek a vád és a védelem cselekvési szintű állítására vonatkozó valószínűségei (likelihood) a BH összes csomópontjának valószínűségéből kalkulálható. Egy ausztráliai és egy magyarországi bűnügyben elvégzett Bayes-hálózatanalízissel bemutatásra kerül, hogy a módszer hogyan segítheti az igazságszolgáltatás munkáját a genetikai szakértői eredmények bizonyító erejének statisztikai megbecsülésével, cselekvési szinten is.

Érték: Magyar nyelven a szerző elsőként mutatja be ezt a szakterületet az igazságszolgáltatás szereplőinek, megteremtve a szakmai háttérrel és nyelvezettel a magyarországi alkalmazásban. A szerző tudomása szerint cselekvési szintű igazságügyi genetikai Bayes-hálózatanalízis magyarországi bűnügy kapcsán most először kerül publikálásra.

Kulcsszavak: igazságügyi genetikai vizsgálatok, cselekvési szintű értékelés, DNS-transzfer, Bayes-hálózatok

Abstract

Aim: The aim of Part III of this three-part study is to present – in Hungarian and through concrete examples – the basic principles of Bayesian network analysis used for activity-level evaluation of biological traces (including DNA) associated with criminal offenses.

Methodology: For the preparation of this study, the author reviewed international literature, professional recommendations, and conducted Bayesian network analyses.

Findings: An excellent method for the activity-level forensic probabilistic evaluation of trace materials examined in criminal cases is Bayesian network analysis. A Bayesian network (BN) is a directed acyclic graph that contains probabilistic variables and their conditional dependencies. The graph consists of entities (nodes, vertices) and the connections (edges) defined between them. The directed nature of a BN perfectly corresponds to the cause → effect or action → consequence dependencies (i.e., activity → material transfer) that are also the focus of activity-level analyses in forensics. A BN is acyclic, meaning that the unidirectional chain of nodes – representing propositions, analyzed activities, the associated material transfer (TPPR) events, and expert examination results – cannot return to any previous node. This accurately models the spatial and temporal dynamics of the change in traces, which can never revert

to their initial state or point in time. The state and probability of each node are influenced by the state and probability of its directly connected parent node(s) (e.g., DNA transfer). The likelihoods of observing the trace evidence, given the prosecution's and defense's activity-level propositions, can be calculated from the probabilities of all nodes within the BN. Bayesian network analyses of an Australian and a Hungarian criminal case illustrate how this approach can support jurisdiction by providing statistical assessments of the probative value of forensic genetic results at the activity level.

Value: This is the first study to introduce this field in Hungarian to stakeholders in the justice system, providing both the professional framework and the terminology needed for domestic application. To the author's knowledge, this is the first published application of Bayesian network analysis for activity-level forensic genetics in a Hungarian criminal case.

Keywords: forensic genetic examinations, activity-level evaluation, DNA transfer, Bayesian network

Bevezetés

A Bayes-hálózatok vagy Bayes-hálók (BH) kriminalisztikában történő használata nem újkeletű Magyarországon. Elsősorban Orbán József munkássága teremtette meg hozzá hazánkban a szakmai alapokat és a magyar nyelvű terminológiát (Orbán, 2013; 2014; 2015; 2018; 2019; 2022). Ugyanakkor a kézirat írásának időpontjában a magyarországi igazságügyi genetikai gyakorlatban a Bayes-hálózatok alkalmazása még nem terjedt el. Ennek az egyik oka az, hogy alforrás-(DNS-) szinten mind a személyazonosításhoz, mind a rokonság megállapításához már rendelkezésre állnak azok a korszerű statisztikai szoftverek a magyar genetikus szakértők számára is, amely programok nem igénylik a Bayes-hálózatok használatát (Dobos et al., 2024; Füredi, 2024). Másrészről a több biológiai anyagmaradványra (BAM) kapott genetikai vizsgálati eredmények együttes forrásszintű elemzése, illetve egy vagy több BAM-ra megállapított eredmény cselekvési szintű értékelése – melyekhez a Bayes-hálózatok nagy segítséget nyújthatnának – még nem terjedt el Magyarországon.

A Bayes-hálózat egy valószínűségi gráfmodell.¹ A BH változókat és azok feltételes függőségeit tartalmazó, irányított körmentes gráf. A változókat, más néven állapotokat (state) csomópontok (node) tartalmazzák, és minden csomóponthoz

¹ A gráf dolgok (csomópontok, csúcsok) és rajtuk értelmezett összeköttetések (élek) halmaza.

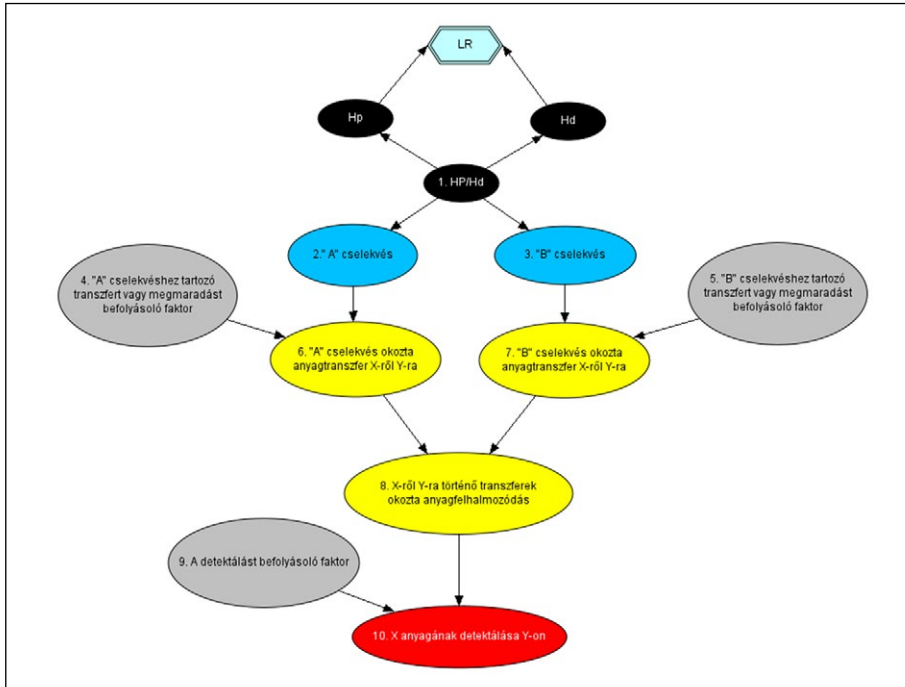
egy valószínűségi függvény tartozik, amely a csomópont szülőváltozóinak egy adott értékészletét veheti fel. A csomópontokat élek (edge) vagy más néven ívek (arc) kötik össze. Az élek a Bayes-hálózatok esetében két csomópont között mindig csak egy irányba mehetnek, azaz irányítottak, így nyilaknak (arrow) is hívhatjuk őket. Az irányítottság teljesen megfelel a cselekvési szintű elemzésekben is a vizsgálatok fókuszába kerülő ok → okozat, hatás → következmény (ti. cselekvés → anyagtranszfer) függőségeknek. A nyilak kiindulópontját szülő (parent) csomópontnak, végpontját gyermek (child) csomópontnak hívjuk. Szülő nélküli csomópont az alapító (founder) csomópont. Minden gyermek csomópont állapotát és azok valószínűségét a szülő csomópont(ok) állapota és valószínűsége befolyásolja. Fordított függőség a Bayes-hálózatban nem fordul elő, ugyanakkor a Bayes-elv alapján a gyermek csomópont állapotából következtetés vonható le a szülő csomópont állapotára (valószínűségére) is. A csomópontok kezdeti állapotaira előzetes (prior) valószínűségek jellemzők, amelyeket a szülő csomópont(ok) állapotai befolyásolhat(nak). Az előzetes valószínűségek lehetnek önkényesen meghatározott értékek, tapasztalati becslések, méréseken alapuló gyakoriságok vagy statisztikai modellek, eloszlások valószínűségei. A függőség számszerű mértékét az úgynevezett feltételes valószínűségi táblázatok (FVT) (conditional probability table, CPT) írják le. A FVT megmutatja, hogy a táblázat oszlopaiban szereplő szülői állapotok megvalósulása esetén a táblázat soraiban lévő gyermek csomóponti állapotok milyen feltételes (conditional) valószínűséggel várhatók. A Bayes-hálózat valószínűsége az összes csomópont valószínűségéből kalkulálható. A BH körmentes, azaz a csomópontok egyirányú láncolata egyetlen csomópontba sem térhet vissza. Ez tökéletesen modellezi a biológiai anyagmaradványok változásának térbeli és időbeli dinamikáját, amely soha nem térhet vissza a kiinduláskori állapotban és időben a kezdőpontra.

A Bayes-hálózatok a cselekvési szintű szakértői értékelésekben

Az igazságügyi genetikai szakterületen 2018-ban kidolgozásra és publikálásra került a cselekvési szintű Bayes-hálózatok olyan sablonja, amelyet anyagmaradvány azonosítással és átvitelrel foglalkozó más igazságügyi szakterületek is felhasználhatnak a saját vizsgálataihoz (Taylor et al., 2018; Taylor & Kokshoorn, 2023; Vink et al., 2024). Ez egyben nemcsak a szakterületen belül, hanem szakterületek között is megteremtheti a BH-analízis standardizálását. Ez a BH-sablon alapvetően ötféle csomóponttal rendelkezik, melyek a könnyebb áttekinthetőség érdekében különböző színekkel vannak jelölve (1. számú ábra).

1. számú ábra

A cselekvési szintű Bayes-hálózatok sablonja



Forrás. A szerző saját szerkesztése.

A fekete színű csomópont általában alapító, amely a cselekvésre vonatkozó feltételezéseket, leggyakrabban a vád és a védelem állítását tartalmazza (H_p és H_d , proposition node). A kék színű csomópont a feltételezett cselekvést jelöli (activity node). A sárga színű csomópont az anyagmaradvány átkerülését (transfer), megmaradását (persistence) és felhalmozódását (accumulation) képviseli (TP/accumulation node). A felhalmozódási csomópont két vagy több változó egyesítésével tudja befolyásolni az utána következő csomópont állapotát. A piros csomópont pedig a szakértői vizsgálat eredményét foglalja magába (result/observation node). Az eredmények leggyakrabban alforrás- (például DNS) vagy forrásszintű (például vérszennyeződés) információk, melyek érvényességét az ügyben érintett felek általában elfogadják. A csomópontokat a leírásuk sorrendjében kötik össze az irányított élek, és grafikusán általában felülről lefelé ábrázolják őket. Az ötödik, szürkével jelölt csomóponttípust magyarul gyökér csomópontnak (root node) nevezhetjük. A gyökér csomópontnak, ahogy a neve

alapján is sejthető, nincs szülője, illetve nem vonatkozik közvetlenül a feltételezett cselekvésekre. Ez a csomópont ugyanakkor befolyással bír a transzferre, a megmaradásra vagy az eredményre, mint például háttér anyagmaradvány, felülszennyeződés (kontamináció) vagy változékonysági faktor. Az 1. számú ábra legfelső részében, világoskék színnel még egy úgynevezett funkciós csomópont is kapcsolódik a sablon Bayes-háléhoz. Ez pusztán csak azt szolgálja, hogy az állítási (propozíciós) csomópontokhoz tartozó valószínűségekből azok hányadosát, a valószínűségi hányadost (likelihood ratio, LR) meghatározza. A Bayes-hálózatot úgy célszerű felépíteni, hogy minden csomópontoz csak egyféle valószínűség tartozzon, azaz ha a cselekvési modellünkben az egyes TPPR²-faktorok, a háttér vagy kontamináció külön állapotokkal és valószínűségekkkel rendelkeznek, akkor azokat különálló csomópontokhoz kell rendelni. A csomópontokat a könnyebb hivatkozhatóság és a rájuk vonatkozó FVT-k egyszerűbb hozzárendelhetősége érdekében célszerű számokkal is jelölni. A számozás egy nemzetközileg elfogadott módja szerint felülről lefelé és balról jobbra történik.

Cselekvési szintű Bayes-hálózatépítés lépései

Az 1. számú ábrán bemutatott sablon alapján megrajzolt Bayes-hálózat még azok számára is egy könnyen áttekinthető összképet adhat a cselekvési szinten vizsgált állításokról, folyamatokról és eredményekről, akik nem rendelkeznek ismeretekkel a Bayes-analízisről. Ennélfogva a grafikus BH a tárgyalóteremben történő szakértői prezentáció egy hasznos eszköze lehet, és segíthet megértetni az érintett felekkel az értékelés tárgyát. Emellett esetleg mind a vád, mind a védelem könnyebben tud kérdéseket feltenni, vagy módosító javaslatokat tenni a Bayes-hálóban feltüntetett cselekvési mozzanatokra, transzfereseményekre és az azokat befolyásoló faktorokra vonatkozóan. Ugyan a BH megrajzolásához egyszerű grafikai alkalmazások is elegendőek lehetnek, azonban bonyolult hálózatok megszerkesztéséhez, azok átszerkesztéséhez, és természetesen a statisztikai analízisek elvégzéséhez speciális szoftver szükséges. Hasonlóan más igazságügyi genetikai szakterülethez, a cselekvési szintű értékelésekhez sincsenek olyan szoftverek, amelyeket bármely nemzetközi szakmai szervezet hivatalosan, célzottan ajánlana. Ugyanakkor az igazságügyi genetika területén is egyes elismert szakmai közösségek és piaci szereplők szoftverfejlesztései – a sikeres

2 TPPR: az anyagmaradvány átkerülése (Transfer), megmaradása (Persistence), elterjedtsége (Prevalence) és kimutathatósága (Recovery).

gyártói és felhasználói tesztek és validálások után – a rutin vizsgálatok részévé váltak, mely folyamatot a szoftverekkel foglalkozó lektorált szakcikkek, illetve a nemzeti és nemzetközi szakmai testületek által tartott vagy támogatott előadások, tanfolyamok is elősegítik. E tanulmány írásának időpontjáig megjelent publikációk és megtartott kurzusok alapján a biológiai anyagmaradványok cselekvési szintű statisztikai értékeléséhez leggyakrabban felhasznált BH-elemző szoftver a HUGIN (Taylor et al., 2018; Gill et al., 2020; Taylor & Kokshoorn, 2023; URL1, URL2). A HUGIN szoftver elterjedtségének okai lehetnek a szoftver felhasználóbarát felülete, kezdők számára is könnyű kezelhetősége, mélyebb szintű elemzésre való alkalmassága és a magas szintű gyártói támogatás. Mindezek mellett a programnak egy ingyenes, úgynevezett Lite verziója is elérhető, amely alkalmas 50 db változónál több állapotot nem tartalmazó, kisebb hálózatok felépítésére és elemzésére. Az e tanulmányban bemutatásra kerülő Bayes-hálózatok is a HUGIN Lite szoftver 9.6 verziójával készültek.

A cselekvési szintű BH felépítésének hét alaplépeése van (Taylor et al., 2018; Taylor & Kokshoorn, 2023). E lépések megtételéhez természetesen meg kell határoznunk a vizsgált cselekvéshez tartozó állításokat, feltételezéseket és a feladathoz kapcsolódó háttérinformációkat (Füredi, 2026a). A cselekvési szintű analízishez ugyanakkor nincs feltétlenül szükség az elemzett cselekvéshez tartozó forrásszintű szakértői vizsgálat eredményére, ahogy az már e tanulmányosorozat első részében a CAI³-elemzés (Cook et al., 1998; Petrétei, 2023) tárgyalásánál korábban kifejtésre került (Füredi, 2026a). Azonban a cselekvési modell felállításánál ki kell térni arra, hogy a forrásszintű szakértői vizsgálat milyen eredménnyel zárulhat, és az eredmények kiértékelése milyen modell szerint fog történni. Alapvetően három eredményértékelési típust különböztethetünk meg. A bináris modell esetében csak a pozitív eredményt vagy annak hiányát tartjuk számon (például pozitív vagy negatív vérelőpróba reakció, POI-személy DNS-profiljának kimutatása vagy annak hiánya). A kvalitatív modell ugyan tartalmazhat bizonyos, mennyiségre vonatkozó információkat is, de az eredményeket kizárólag diszkrét minőségi típusokba soroljuk (például POI- vagy ismeretlen személy DNS-ét tartalmazó egyszemélyi, major/minor komponensű vagy egyéb kevert minta, valamint egyik sem). A kvantitatív modell esetében a vizsgált biológiai anyagmaradvány, leggyakrabban a DNS abszolút mennyiségét határozzuk meg a mintában a POI- vagy ismeretlen személyekre, illetve a háttérre vonatkozóan. A Bayes-hálózatépítés alaplépéseinek illusztrálásához példaügyként a tanulmányosorozat második részében korábban röviden tárgyalt

3 Case Assessment and Interpretation: az ügy előzetes szakértői értékelése a vizsgálati tárgyak analízise előtt.

ausztrál emberrablási kísérlet (Drummond-ügy) BH-analízisét fogom bemutatni (Taylor et al., 2016; Taylor & Kokshoorn, 2023; Füredi, 2026b). Ebben az ügyben a vád cselekvési szintű állítása a következő volt: Drummond (D) dulakodott a sértettel (S). A védelem pedig a következőt állította: Egy másik férfi (alternatív elkövető, AE) dulakodott a sértettel (S). A feladathoz kapcsolódó tényyszerű háttérinformációk az alábbiak voltak ebben az ügyben:

- Az emberrablási kísérlet valóban megtörtént és az elkövető férfi volt.
- A dulakodás során az elkövető megragadta a sértett karját a ruháján keresztül, míg a sértett megütötte a támadó mellkasát, szintén ruhán keresztül.
- Drummond és a sértett korábban soha nem találkoztak egymással.
- A sértett a bűncselekmény előtt egy órával megölelte egy barátját (B) ugyanabban a ruházatban.

Az ügyben felmerült bizonytalan tényezők közül az érintett felek elfogadták az alábbi feltételezéseket:

- Az ügyben érintett egyik személy sem viselt kesztyűt a bűncselekmény során, és nem mostak kezet előtte egy órán belül.
- Egyikőjük sem szenvedett olyan bőrbetegségben, amely kimagaslóan magas nyomhagyói státust jelentett volna az elemzett cselekvés időpontjában.
- A szakértői vizsgálatra került felsőruházatot viselte a sértett és a gyanúsított a bűncselekmény időpontjában, amelyre egyikőjük sem húzott rá egy másik ruhát, és amelyet nem mostak ki később.

A Drummond-ügyet példaként felhasználva a BH-építés egyes lépései a következők.

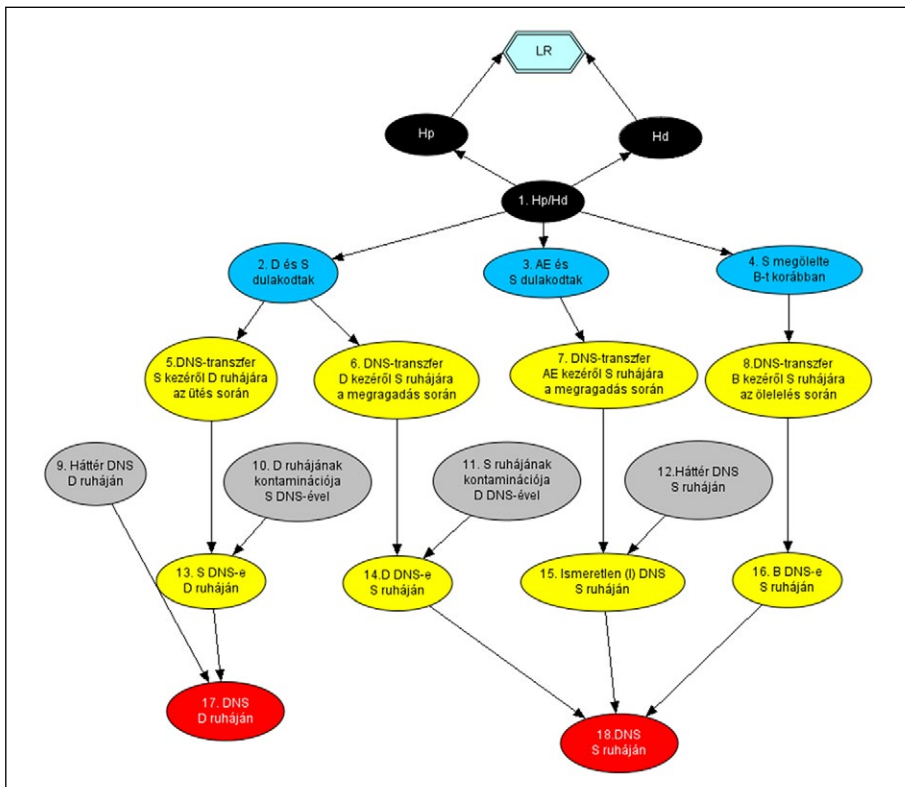
1) Az állítások csomópontjának meghatározása

Ez a Bayes-hálózat legfontosabb csomópontja abból a szempontból, hogyha ebben, vagy az ehhez tartozó feltételezésekben vagy háttérinformációkban érdemi változás történik, akkor az a teljes hálóra befolyással bírhat. A példaügyben a vád és a védelem korábban leírt állításait (Hp és Hd) még kiegészítettük azzal a háttérinformációval, hogy az elkövető megragadta a sértett karját, és a sértett pedig megütötte támadója mellkasát. Az állítások csomópontjának típusa – az ebben az ügyben tárgyalt legtöbb csomópontéhoz hasonlóan – úgynevezett címkézett (labelled) a HUGIN szoftveren belül. Ez azt jelenti, hogy a csomópont tetszőlegesen meghatározott, de csak diszkrét állapotú lehet. A számozott (numbered) csomóponttípus állapotai a valós számhalmazon belüli konkrét számok, amelyeket standard diszkrét eloszlásfüggvények is meghatározhatnak. E csomóponttípus egyfajta változatának tekinthetők az intervallum (interval)

csomópontok. Itt az állapotok a valós számok folyamatos tartományai, amelyeket standard folyamatos eloszlásfüggvények is definiálhatnak. A számozott és intervallum állapotok a mennyiségi alapon kiértékelt eredmények cselekvési szintű elemzésében játszanak fontos szerepet. A HUGIN szoftver által használt utolsó, negyedik csomóponttípus (logikai, boolean) pedig az „igaz” és a „hamis” logikai változót képviseli. Tekintettel arra, hogy a propozíciós csomópontok a Bayes-hálózatokban általában szülők, ezért alapállapotban csak kiindulási, előzetes (prior) valószínűségek tartoznak hozzájuk, amelyek értéke büntetőügyekben – az ártatlanság vélelmét alapul véve – 0,5–0,5 (50–50%), két állítás esetén (2. számú ábra 1. számú csomópont; 1. számú táblázat).

2. számú ábra

A cselekvési szintű Bayes-hálózat a Drummond-ügyben. D: terhelt (Drummond), S: sértett, AE: alternatív elkövető, B: sértett barátja



Forrás. A szerző saját szerkesztése.

1. számú táblázat

Az állítások csomópontjának valószínűségi táblázata

1. Hp/Hd	
Hp	0.5
Hd	0.5

Forrás. A szerző saját szerkesztése.

2) A cselekvési csomópontok meghatározása

A Drummond-ügy információi alapján igazságügyi genetikai szempontból négy cselekvés a mérvadó. Az egyik nem képezi vitat tárgyát az érintett felek között, mégpedig hogy a sértett a bűncselekmény előtt egy órával megölte a barátját (2. számú ábra 4. számú csomópont). A vád és a védelem abban nem ért egyet, hogy a sértettel vajon a gyanúsított dulakodott-e (2. számú ábra 2. számú csomópont), vagy egy ismeretlen (alternatív) elkövető (2. számú ábra 3. számú csomópont). Tekintettel arra, hogy mind a négy cselekvés egymástól függetlenül és egymástól eltérő BAM-átvitellel járhat együtt a személyek között, ezért azokat különálló csomópontokban tüntettük fel. Az egyes cselekvési csomópontokhoz tartozó feltételes valószínűségi táblázatokat a 2. számú táblázat mutatja.

2. számú táblázat

A cselekvési állítások csomópontjainak feltételes valószínűségi táblázatai

Forrás. A szerző saját szerkesztése.

2. D és S dulakodtak			3. AE és S dulakodtak			4. S megölte B-t korábban		
1. Hp/Hd	Hp	Hd	1. Hp/Hd	Hp	Hd	1. Hp/Hd	Hp	Hd
Igen	1	0	Igen	0	1	Igen	1	1
Nem	0	1	Nem	1	0	Nem	0	0

Az FVT például a 2. csomópontban úgy értelmezendő, hogyha az 1. proпози́ciós csomópontban a vád állítása az igaz, akkor ez a cselekvés (ti. Drummond és a sértett közötti dulakodás) ténylegesen megtörtént ($Hp = \text{Igen} \rightarrow 1$), illetve annak meg nem történte kizárható ($Hp = \text{Nem} \rightarrow 0$). Ha a védelem feltevését fogadjuk el, akkor nem volt ilyen cselekvés ($Hd = \text{Igen} \rightarrow 0$), illetve ha egy harmadik alternatív aktust nem tételezünk fel, akkor a két személy között a dulakodásnak meg kellett történnie, amennyiben nem fogadjuk el a védelem állítását ($Hd = \text{Nem} \rightarrow 1$). A 3. számú cselekvési csomópontoz tartozó FVT értelemszerűen a 2. inverze. A 4. csomóponti cselekvést (baráti ölelés), mivel egyik fél sem tagadja – azaz ez az állításoktól független esemény –, ezért azt mindkét fél feltevéséhez 100%-osnak vehetjük (Hp vagy $Hd = \text{Igen} \rightarrow 1$), és meg nem történtét kizárhatjuk (Hp vagy $Hd = \text{Nem} \rightarrow 0$).

3) Az egymáshoz hasonló minták vagy eredmények csoportosítása

Erre az egyszerűsítő lépésre akkor van leginkább lehetőség, amikor több olyan vizsgálati mintánk van, melyekre azonos vagy egymáshoz nagyon hasonló forrásszintű eredményt kaptunk, vagy hasonló eredmény várható, az eredmények egymástól függetlenek, és azokat ugyanazok a TPPR- és háttérfaktorok ugyanolyan mértékben befolyásolták. Mindezek mellett bizonyos esetekben egymástól jelentősen eltérő eredményt adó minták is összevonhatók, ha egyébként az előbbieken felsorolt többi feltétel teljesül. A Drummond-ügyben például tegyük fel azt, hogy a terhelt ingének mellkasi részéről több minta is elemzésre került, és abból csak az egyikben volt kimutatható a sértett DNS-profilja. Ebben az esetben ezek a minták összevonhatók (a pozitív azonosítás mellett), mivel elfogadható, hogy a fizikai kontaktus csak kisebb felületet érintett a mintavételezett területhez képest. Ugyanakkor ebben a példában az összevonás jogosága megkérdőjelezhető, ha a védelem a terhelt ingéről vett egyik mintában kimutatott sértetti DNS jelenlétét a hivatali eljárás során bekövetkezett felülszennyeződéssel magyarázza. Itt a csoportosítás lehetősége a feltételezett kontamináció idejétől, helyszínétől és módjától függhet.

4) Az eredmény csomópont(ok) meghatározása

Az egy vagy több eredmény csomópont (2. számú ábra 17. és 18. számú csomópontok) ugyan sorrendben nem a következő része a cselekvési szintű Bayes-hálózatnak, de logikailag ebben a fázisban célszerű megállapítani. Az eredmény csomópont(ok) kijelölésével megalkotjuk azt a „célállomást”, ahová a cselekvésekből el kell majd jutnunk. Így a háló további megkonstruálása már teljesen irányítottá válik, és nem kell majd foglalkoznunk olyan TPPR-eseményekkel, amelyek nem befolyásolták az eredményeket, illetve rájuk vonatkozóan nem végeztünk szakértői vizsgálatot. Természetesen a negatív vizsgálati eredmény is eredménynek tekintendő, így azt az eredmény csomópontban szerepeltetni kell, ha bármelyik feltételezett cselekvés vagy az ahhoz tartozó TPPR-faktorok a vizsgált biológiai jellemző kimutathatlanságát okozhatták. Az eredmények állapotainak egymást kölcsönösen kizáró diszkrét jellemzőknek, vagy egymással nem átfedő tartományoknak kell lenniük. A Bayes-hálózatnak nem alapkövetelménye, hogy minden megfigyelhető, de a konkrét ügyben ki nem mutatott vagy lényegtelen eredményállapotot tartalmazzon, ezáltal egyszerűbb hálózat is megfelelő lehet egy adott ügy cselekvési szintű értékeléséhez. Ugyanakkor egy teljes körű CAI-elemzéshez az összes lényeges eredménytípust magába foglaló BH szükséges, amely sablonként más ügyek hasonló cselekvéseinek vizsgálatára is alkalmas lehet.

5) A transzfer-, megmaradási és felhalmozódási csomópontok meghatározása
Ezek a csomópontok azokat a mechanizmusokat képviselik, amelyek révén a feltételezett cselekvések a megfigyelt vizsgálati eredményekhez vezetnek. A csomópontok meghatározásakor a következő dolgokat kell számításba venni. Egyetlen eredményt több cselekvés is okozhat. Némely útvonal jellemzéséhez egynél több csomópontra is szükség lehet. A cselekvések, és így a transzfer sorrendisége is fontos, és ezt tükröznie kell a Bayes-hálózatnak. A felhalmozódási csomópont (2. számú ábra 13–16. számú csomópontok) egy felületre egy vagy több transzferrel átkerült biológiai anyagmaradványt jelképez, illetve egyesít. Erre a csomóponttípusra a statisztikai számítások elvégzéséhez nincs szükség, azonban növeli a hálózat átláthatóságát és értelmezhetőségét.

A Drummond-ügyben vizsgált cselekvésekhez a következő négy transzfer- és megmaradási eseményt rendelhetjük:

- a sértett (S) kezéről a terhelt (D) ruhájára átkerülő DNS, amikor a sértett mellkason ütötte Drummondot;
- Drummond kezéről S ruhájára átkerülő DNS, amikor D megragadta S karját;
- az alternatív elkövető (AE) kezéről S ruhájára átkerülő DNS, amikor AE megragadta S karját;
- S barátjáról (B) S ruhájára átkerülő DNS, amikor megölelték egymást a bűncselekmény előtt egy órával.

Az ügyben érintett személyek között további anyagtranszferek is feltételezhetőek, azonban ezeknek vagy rendkívül kicsi a valószínűségük, vagy azok vizsgálatára nem volt lehetőség. Elképzelhető például, hogy Drummond (ha nem ő volt a tettes) és AE a bűncselekmény előtt vagy után fizikai kontaktusba kerültek egymással, de ez meglehetősen valószínűtlen. Kivéve természetesen azt az esetet, ha a védelem arra hivatkozik, hogy Drummondnak egy olyan rokona vagy ismerőse a tényleges elkövető, akivel a közelmúltban találkozott. Ezen túl mind AE (ha ő volt a tényleges elkövető), mind B ruhájára átkerülhetett S DNS-e a vizsgált cselekvések során, azonban az ő ruházatuk nem állt rendelkezésre a szakértői elemzés céljából.

A cselekvési szintű BH-analízis egyik legkritikusabb pontja a TPR-faktorokhoz, az esetleges kontaminációs eseményekhez, valamint a háttér-anyagmaradvány előfordulásához tartozó valószínűségek meghatározása. A BH-építésnek ezen a pontján már tudnunk kell azt, hogy milyen típusú (bináris, diszkrét, folytonos, kvalitatív vagy kvantitatív) eredményekkel fogunk rendelkezni, mert ez szabja meg azt, hogy az eredményeket létrehozó vagy befolyásoló faktorok valószínűségét hogyan állapítsuk meg. A példaügyünkben a könnyebb érthetőség kedvéért a bináris, kvalitatív eredménytípust elemezzük. Itt pusztán csak azt

vizsgáljuk, hogy az ügyben feltételezett kontaktusok után mi annak a valószínűsége, hogy az érintkezés következtében vizsgálatra alkalmas mennyiségű DNS átkerült a viselő ruhájára, de nem firtatjuk az átkerült DNS abszolút vagy relatív mennyiségét. Ugyan háromféle érintkezésről (ütés, megragadás, ölelés), és értelemszerűen négy különböző emberről és ruháról van szó a Drummond-ügyben, de szintén az egyszerűség érdekében ezekhez csak egyféle DNS-transzfer és megmaradást társítottunk. Daly és munkatársai egy kísérletükben száz (50 férfi és 50 női) önkéntest kértek meg arra, hogy csupasz kézzel egy percen keresztül fogjanak meg egy steril, DNS-mentes ruhadarabot (Daly et al., 2012). Ezek után azt vizsgálták, hogy a száz ruhadarabról hány esetben tudtak elemzésre alkalmas mennyiségben DNS-t kimutatni. Ez az arány 47%-nak bizonyult. Ezt az értéket felhasználva készíthetjük el az 5–8. csomópontok feltételes valószínűségi táblázatait (3. számú táblázat). Természetesen vita tárgya lehet az, hogy Daly és munkatársainak kísérleti eredményei érvényesek lehetnek-e a Drummond ügyben vizsgált transzfereseményekre, de mivel elképzelhető, hogy a sértett és az elkövető közötti fizikai kontaktus egy percig is eltarthatott, ezért az ügyet elemző szakemberek megfelelőnek tartották a Daly és munkatársai által publikált adatokat (Taylor et al., 2016; Taylor & Kokshoorn, 2023).

3. számú táblázat

A transzfersomópontok feltételes valószínűségi táblázatai

5.DNS-transzfer S kezéről D ruhájára az ütés során			6. DNS-transzfer D kezéről S ruhájára a megragadás során		
2. D és S dulakodtak	Igen	Nem	2. D és S dulakodtak	Igen	Nem
Igen	0.47	0	Igen	0.47	0
Nem	0.53	1	Nem	0.53	1
7. DNS-transzfer AE kezéről S ruhájára a megragadás során			8.DNS-transzfer B kezéről S ruhájára az ölelés során		
3. AE és S dulakodtak	Igen	Nem	4. S megölelte B-t korábban	Igen	Nem
Igen	0.47	0	Igen	0.47	0
Nem	0.53	1	Nem	0.53	1

Forrás. A szerző saját szerkesztése.

A táblázatokban $100 - 47 = 53\%$ -os valószínűséget állítottunk be ahhoz az állapothoz, hogy a cselekvés megtörténte esetén nem kerül át detektálható mennyiségben DNS. Természetesen, ha nem volt cselekvés, akkor 0, illetve 100% a valószínűsége annak, hogy a transzfer végbement, illetve nem történt meg.

6) A gyökércsomópont(ok) meghatározása

A gyökércsomópont a cselekvési szintű Bayes-hálózatnak nem egy kötelező eleme, ugyanakkor a valóság teljesebb körű modellezésében fontos szerepet játszik azzal, hogy szülő csomópontként további tényezőket (például háttér-anyagmaradvány,

kontamináció, változékonysági faktor) szolgáltat a transzferhez, a megmaradáshoz vagy az eredményekhez. Szkuta és munkatársai egy több laboratórium bevonásával elvégzett vizsgálatukban megállapították, hogy ingnek egy napon keresztül történő hordása után az ingekről vett 448 minta mintegy 80%-ában ismeretlen eredetű háttér DNS (is) kimutatható volt (Szkuta et al., 2019). A háttér DNS valószínűségeként ezt a gyakoriságot (lásd 4. számú táblázat) rendeltük a 2. számú ábra 9. és 12. számú gyökércsomópontjaihoz.

4. számú táblázat

A háttér DNS-re vonatkozó gyökér csomópontok valószínűségi táblázatai

9. Háttér DNS D ruháján		12. Háttér DNS S ruháján	
igen	0.8	Igen	0.8
Nem	0.2	Nem	0.2

Forrás. A szerző saját szerkesztése.

A BH ezen elrendezésében a 9. számú csomópont közvetlenül a terhelt ruhájáról kapott eredményhez csatlakozik, míg a 12. számú csomópont a 15. számú felhalmozódási csomóponthoz, ami egyesíti az alternatív elkövető DNS-ét a háttér DNS-sel a sértett ruháján.

A példaügyünk Bayes-hálózatának teljessé tételéhez képzeljük el azt a szituációt, hogy mind a sértett, mind a terhelt ruháján sikerül kimutatni a másik személy DNS-ét, de azt a védelem úgy magyarázza, hogy az inkrimináló DNS nem a bűncselekménykor, hanem a szakértői vizsgálatok során, laboratóriumi felülszennyeződéssel került a ruhákra. Tekintettel arra, hogy a sértettől és a gyanúsítottól lefoglalt bűnjelek és az azokról rögzített bűnjelminták szakértői elemzése egymástól elkülönült helyen és/vagy időben történt, ezért a két feltételezett kontaminációt egymástól független eseménynek tekinthetjük, azaz két különálló gyökércsomópontot rendelhetünk hozzájuk (2. számú ábra 10. és 11. csomópont). A kontamináció valószínűségének meghatározásához Kloosterman és munkatársainak egy 2014. évi tanulmányát használhatjuk fel, amelynek alapján a kontamináció esélyéhez példaképpen 0,001 (1‰) értéket rendelhetünk (Kloosterman et al., 2014). Természetesen a kontamináció mint DNS-kimutató szintén laboratóriumfüggő, amelyet befolyásol az alkalmazott módszertan detektálási érzékenysége, a DNS-profilok kiértékelésének protokollja, valamint a vizsgálólaboratórium minőségbiztosítási rendszere. Az 1‰-es kontamináció valószínűség meglehetősen konzervatív becslésnek tekinthető, mivel a Nemzeti Szakértői és Kutató Központ Genetikai Szakértői Intézetében évi több mint tízezer minta vizsgálata során sem került kimutatásra az ügyben érintett személy DNS-ével történő laboratóriumi felülszennyeződés. A 2. számú ábrán 10. és 11.

számon szereplő kontaminációs gyökércsomópontok valószínűségi táblázatát az 5. számú táblázat mutatja be.

5. számú táblázat

A kontaminációra vonatkozó gyökércsomópontok valószínűségi táblázatai

10. D ruhájának kontaminációja S DNS-ével		11. S ruhájának kontaminációja D DNS-ével	
Igen	0.001	Igen	0.001
Nem	0.999	Nem	0.999

Forrás. A szerző saját szerkesztése.

A Bayes-hálózatunkban három gyökércsomópont a 13., 14. és 15. számú felhalmozódási csomópontoz csatlakozik. Ezek a 16. számú csomóponttal együtt az érintett személyek (sértett, terhelt, ismeretlen, barát) DNS-ének a szóban forgó ruhán való lerakódását reprezentálják. E csomópontok FVT-jei a 6. számú táblázatban láthatók.

6. számú táblázat

A felhalmozódási csomópontok feltételes valószínűségi táblázatai

13. S DNS-e D ruháján				14. D DNS-e S ruháján			
10. D ruhájának kontaminációja S DNS-ével		Igen		Nem		11. S ruhájának kontaminációja D DNS-ével	
5. DNS-transzfer S kezéről D ruhájára az ütés során		Igen	Nem	Igen	Nem	Igen	Nem
Igen		1	1	1	0	1	1
Nem		0	0	0	1	0	0
15. Ismeretlen (D) DNS S ruháján				16. B DNS-e S ruháján			
12. Háttér DNS S ruháján		Igen		Nem		8. DNS-transzfer B kezéről S ruhájára az ölelés során	
7. DNS-transzfer AE kezéről S ruhájára a megragadás során		Igen	Nem	Igen	Nem	Igen	Nem
Igen		1	1	1	0	1	0
Nem		0	0	0	1	0	1

Forrás. A szerző saját szerkesztése.

Ezek a felhalmozódási csomópontok tulajdonképpen csak összegző kapcsolóként működnek, mivel állapotaik csak 0 és 1 értéket vehetnek fel. A 13. csomópont FVT-je például azt mutatja meg, a sértett DNS-ének jelenléte a terhelt ruháján mindazon esetekben várható, amikor Drummond ruhája kontaminálódott S DNS-ével és/vagy S kezéről DNS-transzfer történt D ruhájára az ütés során.

A példaügyünk Bayes-hálózatába az egyszerűség kedvéért külön megmaradási csomópontokat nem illesztettünk be a transzfer- és a felhalmozódási csomópontok közé. Ha lennének ilyenek is, akkor a hozzájuk kapcsolt megmaradási gyökércsomópontokkal lehetne szabályozni azt, hogy a különböző útvonalakon átkerült azonos típusú anyagmaradványok, vagy az eltérő típusú BAM-ok megmaradását egymástól függő vagy független eseményeknek tekintjük-e.

7) A Bayes-hálózat ellenőrzése a kategorikus valószínűségi eredményekre vonatkozóan

A BH-építéssel ebben az utolsó fázisban már majdnem készen vagyunk. Tekintettel arra, hogy az eredményeket létrehozó és befolyásoló összes tényezőt valószínűségekkel együtt meghatároztuk a hálózatban, így most már definiálni tudjuk a szakértői eredmények (várható) állapotait (7. számú táblázat).

7. számú táblázat

Az eredménycsomópontok feltételes valószínűségi táblázatai. I: ismeretlen eredetű DNS

		18. DNS 5 ruháján							
		16. B DNS-e S ruháján				15. ismeretlen (I) DNS S ruháján			
		Igen		Nem		Igen		Nem	
17. DNS D ruháján		Igen	Nem	Igen	Nem	Igen	Nem	Igen	Nem
13. S DNS-e D ruháján		Igen	Nem	Igen	Nem	Igen	Nem	Igen	Nem
9. Háttér DNS D ruháján		Igen	Nem	Igen	Nem	Igen	Nem	Igen	Nem
S=I	1	0	0	0	0	0	0	0	0
S	0	1	0	0	0	0	0	0	0
I	0	0	1	0	0	0	0	1	0
Egyik sem	0	0	0	1	0	0	0	0	1
14 D DNS-e S ruháján		Igen	Nem	Igen	Nem	Igen	Nem	Igen	Nem
D+B=I	1	0	0	0	0	0	0	0	0
B=I	0	1	0	0	0	0	0	0	0
D+B	0	0	1	0	0	0	0	0	0
B	0	0	0	1	0	0	0	0	0
D=I	0	0	0	0	1	0	0	0	0
I	0	0	0	0	0	1	0	0	0
D	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Egyik sem	0	0	0	0	0	0	0	1	0

Forrás: A szerző saját szerkesztése

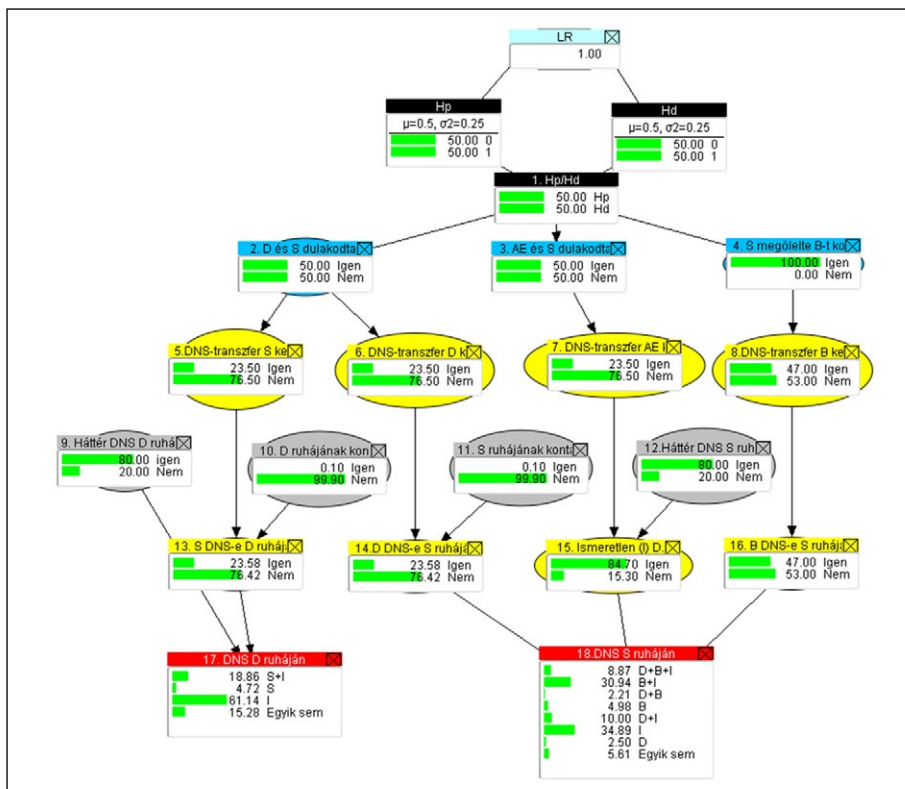
Az eredmények közé nem számítottuk bele azokat az eseteket, amikor a ruhákon azok viselőjének a DNS-ét (is) kimutattuk, mivel érdemi információval nem szolgáltatnak az elemzett cselekvésekhez, azaz lényegtelen eredmények. Ennek megfelelően a Bayes-hálózatunk nem is tartalmaz a saját DNS-re vonatkozó átkerülést és felhalmozódást. A 17. számú eredménycsomópontban a terhelt ruháján idegen DNS-ként a sértett és/vagy ismeretlen személy DNS-ének kimutatása várható, vagy egyik sem. A sértett ruhájára vonatkozó 18. csomópontban pedig nem saját DNS-ként detektálásra kerülhet a terhelt, a barát és/vagy ismeretlen személy DNS-e, valamint közülük egyik személyé sem. Amint az a 7. számú táblázatban látható, ezekben az esetekben az eredménycsomópontok feltételes valószínűségi táblázatai a felhalmozódási csomópontokéhoz hasonló elven épülnek fel.

A BH-analízis egyik alapelve, hogy egyik eredmény megfigyelése esetén sem lehet a vád vagy a védelem állításának utólagos (posterior) valószínűsége 0 vagy 100%-os. Ez a vizsgált cselekvés kategorikus bizonyítását ($LR = \infty$) vagy kizárását ($LR = 0$) jelentené, ami nem a Bayes-elvű elemzés territóriuma. Ennélfogva az állításokra 0 vagy 100%-os utólagos valószínűséget mutató BH architektúrája hibás. Az abszolút mértékben alátámasztó vagy kizáró utólagos valószínűségi (azaz kategorikus) eredményt mutató Bayes-hálózat felállítását két módon küszöbölhetjük ki. Először is, a transzfer- és megmaradási események előzetes (prior) valószínűségeihez nem rendelhetünk sem 0, sem 1 értéket. Természetesen lehetnek olyan szélsőséges helyzetek, amikor a szakértő

úgy gondolja, hogy ezek az események mindig, vagy sohasem következnek be. Ilyenkor azonban ezek az esetek vagy nem befolyásolják a Bayes-hálózat utólagos valószínűségeit, azaz lényegtelenek és elhagyhatók, vagy kizárják az egyik vagy másik cselekvési állítást, így értelmetlenné és feleslegessé teszik a cselekvési szintű BH-analízis elvégzését. Egy másik jellemzője a hibamentes Bayes-hálózatnak az, hogy egyrészt a BH transzfer útjaiban meghatározott összes lehetséges eredménytípust tartalmaznia kell, másrészt bármelyik állítás teljesülése esetén az eredmények egyike sem vehet fel 0 vagy 1 utólagos valószínűségi értéket. Ezt egyrésztől garantálhatja az egymással versengő állításokhoz tartozó transzferútvonalak szigorú elkülönítése és megfelelő összekötése az eredményekkel, másrésztől a gyökércsomópontok a háttér-anyagmaradvány, a véletlen DNS-profil egyezés vagy a kontamináció lehetőségének bevonásával kiegészíthetők és teljessé tehetők a forrásszintű szakértői megfigyeléseket. A felépített Bayes-hálózatunkat az esetleges kategorikus valószínűségi eredményekre vonatkozóan a cselekvési állítások valóra váltásával (instantiation) ellenőrizhetjük a HUGIN szoftveren belül. A csomópontok valóra váltásához a HUGIN eddigi BH szerkesztési (edit) üzemmódjából át kell váltanunk az úgynevezett futtatási üzemmódba (run mode). Amennyiben a szoftver nem talál olyan hibát vagy korlátatlépést, ami megakadályozná a statisztikai számítások elvégzését, akkor a HUGIN automatikusan végrehajtja a kalkulációt a futtatási üzemmódba való váltás során. Ebben a módban lehetőségünk van arra, hogy minden csomópont helyett vagy mellett a csomópontok állapotaihoz tartozó előzetes, feltételes vagy utólagos valószínűségeket százalékos számformátumban is megjelenítsük, melyekhez egy egyszerű fektetett oszlopdiagram is tartozik (3. számú ábra).

3. számú ábra

A Drummond-ügy cselekvési szintű Bayes-hálózatának alapállapotú valószínűségei

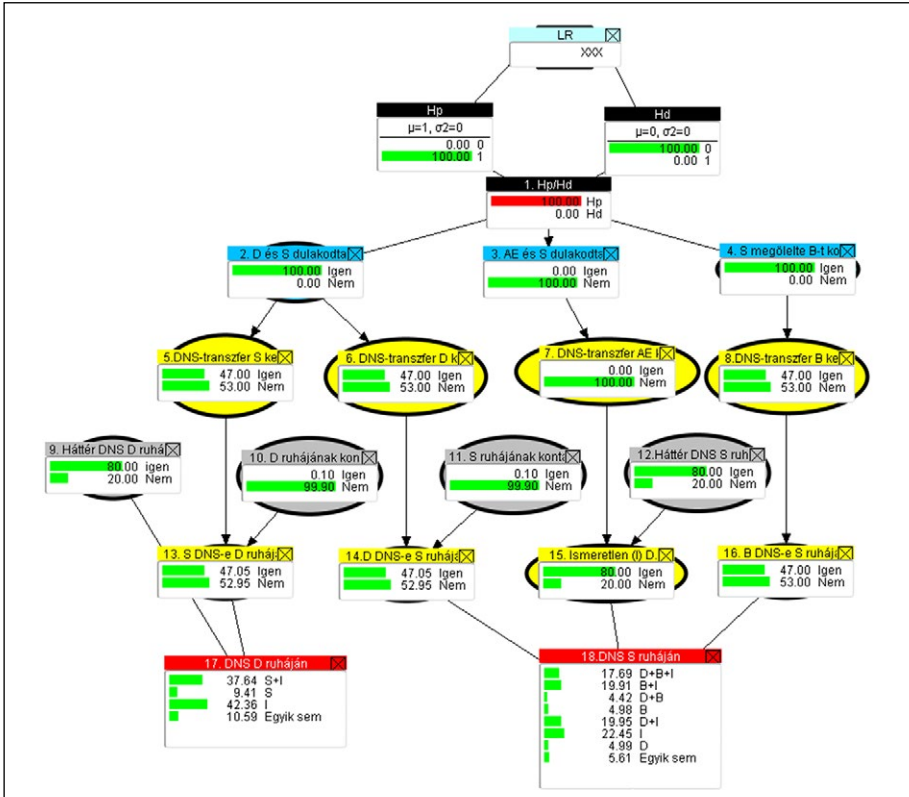


Forrás. A szerző saját szerkesztése.

Ha minden oszlop zöld színű, akkor az összes alapító csomópont alapállapotban van, azaz az állapotaik a hozzájuk rendelt előzetes valószínűséggel rendelkeznek. A Bayes-hálózatban rögzített bármelyik állapotot valóra válthatjuk azzal, hogy a HUGIN szoftveren belül bal egérgombbal duplán rákattintunk. Ekkor annak az állapotnak a valószínűsége 100%-osra, és a hozzá tartozó oszlop piros színűre változik. A sorozatos kattintásokkal tetszőleges számú csomópontban egy-egy állapotot valóra válthatunk, a visszaváltáshoz újra kétszer rá kell kattintanunk az adott állapotra. Az állapot(ok) valóra váltásával a többi állapot előzetes, feltételes vagy utólagos valószínűsége a BH struktúrájának és a Bayes-statisztikának megfelelően változhat meg. Az 1. csomópontban lévő vád állításának (Hp) valóra váltásával a Bayes-hálózatunk valószínűségeit a 4. számú ábra mutatja.

4. számú ábra

A Drummond-ügy cselekvési szintű Bayes-hálózatának valószínűségei a vád állításának valóra váltása után



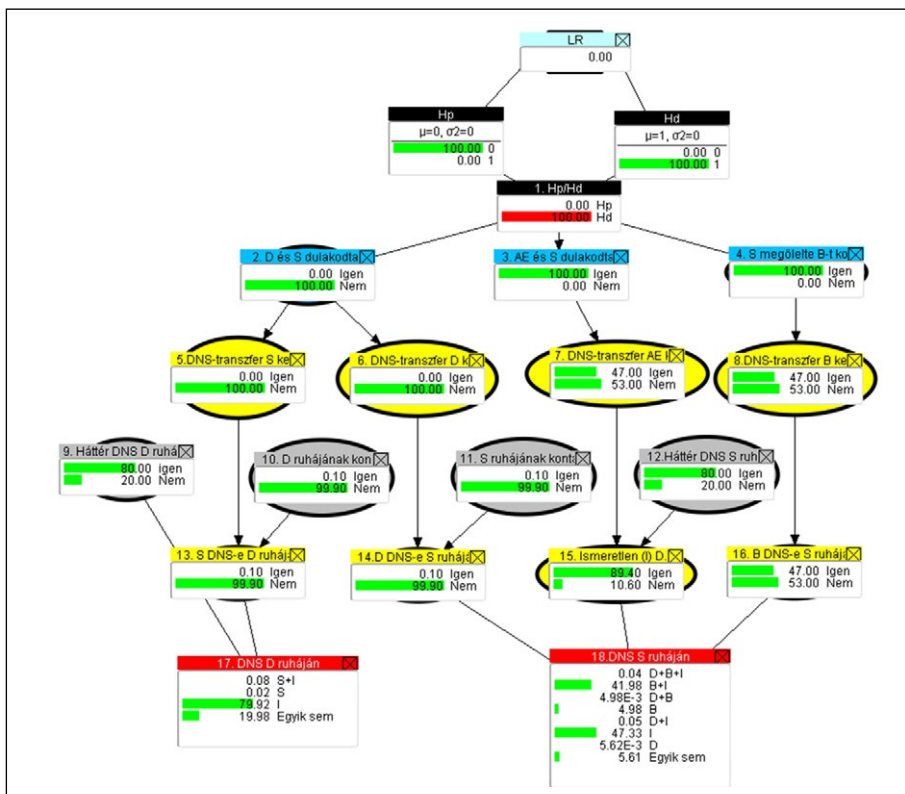
Forrás. A szerző saját szerkesztése.

A 4. számú ábrán látható, hogy a 17. és 18. számú csomópontok eredményei különböző valószínűségeket vettek fel, de egyik sem lett 0 vagy 100%-os, ami a helyes működés fontos jele. Az is leolvasható az ábrából, hogyha a vád állítása igaz, azaz a sértett és Drummond között tényleg megtörtént a dulakodás, még akkor is a ruházatokon a saját mellett vagy helyett kizárólag idegen DNS kimutatásának a valószínűsége meglehetősen magas (kb. 42% és 22%) ebben a BH modellben. Drummondra terhelő DNS-eredmény várható valószínűsége mindkét ruha esetében kb. 47%. Ha a forrásszintű szakértői vizsgálatok előtt a nyomozó hatóság cselekvési szintű CAI-értékelést kért volna, akkor ennek a BH-analízisnek alapján úgy lehetett volna tájékoztatni a hatóságot,

amennyiben a sértett a gyanúsítottal dulakodott, akkor kb. 47% az esélye annak, hogy a ruhájukon a másik személy DNS-e kimutatható lesz. Ezen információ segíthet a hatóságnak annak eldöntésében, hogy elrendelje-e a ruhák genetikai vizsgálatát vagy sem. Az 1. csomópontban lévő védelem állításának (Hd) valóra váltásával kapott valószínűségek az 5. számú ábrán láthatók.

5. számú ábra

A Drummond-ügy cselekvési szintű Bayes-hálózatának valószínűségei a védelem állításának valóra váltása után



Forrás. A szerző saját szerkesztése.

Az elvártaknak megfelelően ebben az esetben sem kaptunk 0 vagy 100% értéket az eredmények valószínűségeire. Mivel ekkor a védelem állításának megfelelően a sértett és Drummond soha nem találkozott egymással, ezért a DNS-ük jelenlétét egymás ruháján csak a rendkívül ritka kontamináció okozhatta, így DNS-ük kimutatásának várható valószínűsége nagyon alacsony.

A Bayes-hálózattal nemcsak az eredmények várható, utólagos valószínűségét tudjuk megbecsülni, hanem a cselekvési állításoknak egy vagy több konkrét eredményhez tartozó utólagos valószínűségét is. Ez mind az előzetes CAI-elemzés során, mind a forrásszintű genetikai vizsgálatok elvégzése után fontos lehet az ügyben érintett feleknek, és így sok esetben ez maga a cselekvési szintű szakértői kirendelés és értékelés tárgya. Az állítások utólagos valószínűségéről a szakértő általában nem tud nyilatkozni, mert legtöbbször nem kompetens az azokhoz tartozó előzetes valószínűségek meghatározásában. A szakértő feladata az eredmények kimutatási valószínűségeinek (likelihood) hányadosát jelentő valószínűségi hányados (LR) megállapítása. A Bayes-hálózattal az LR-számítás is megoldható az 1. számú csomópontnak két további (Hp és Hd) csomóponttal való kapcsolásával. Ezek úgynevezett számozott (numbered) típusú csomópontok a HUGIN szoftverben, amelyek külön-külön átviszik az állítások valószínűségeit a hozzájuk csatlakozó, az LR-számítást elvégző úgynevezett funkciós (function) típusú csomóponttal (1–5. számú ábrák felső része). E három csomópont valószínűségi táblázatát a 8. számú táblázat mutatja.

8. számú táblázat

Az LR-számítást végző csomópontok valószínűségi táblázatai

Hp			Hd			LR	
1. Hp/Hd	Hp	Hd	1. Hp/Hd	Hp	Hd	Expression	C19 / C20
0	0	1	0	1	0	Hd	
1	1	0	1	0	1	Hp	

Forrás. A szerző saját szerkesztése.

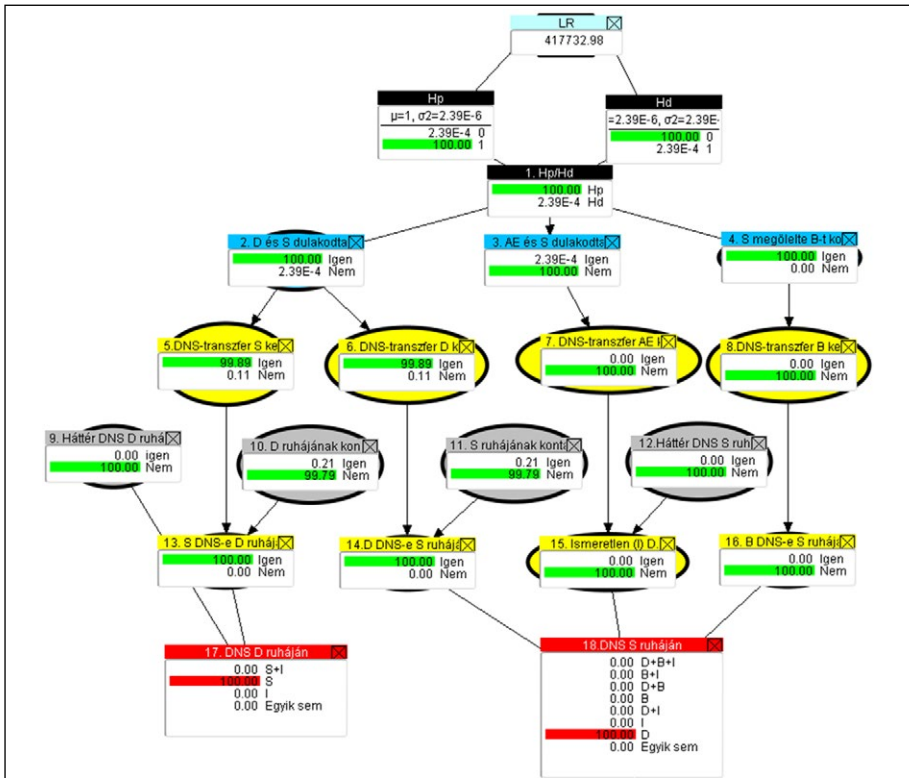
Az LR-csomópontban konkrét előzetes valószínűségek helyett a Hp és Hd csomópontokhoz tartozó valószínűségi értékek osztását elvégző egyszerű kifejezés szerepel.

E tanulmány sorozat első részében (Füredi, 2026a) is röviden ismertetett Bayes-tételből következően, ha a versengő állítások utólagos valószínűségeihez tartozó előzetes valószínűségek egymással azonosak (például két állítás esetén 50–50%), akkor az utólagos valószínűségek aránya megegyezik a valószínűségi hányadossal. Ezt az összefüggést használhatjuk ki a cselekvési szintű Bayes-hálózatokban is az előbb említett módon. A helyes LR-érték kiszámításának természetesen előfeltétele az, hogy az 1. számú állítási csomópontban 0,5 (50%) előzetes valószínűséget rendeljünk mindkét állításhoz. Érdekességgéppen megvizsgálhatjuk a Drummond-ügyben azt az elméleti esetet, amikor mindkét ruhán sikerült a másik személy DNS-ét kimutatni idegen DNS

nélkül. Ennek az eredménynek a várható esélye még akkor is nagyon kicsi ($0,0941 \times 0,0499 \approx 0,0047$; kb. 5‰), ha a sértett és a terhelt tényleg dulakodott egymással. A ruhák eredménycsomópontjaiban a sértetti és terhelti DNS-eredmény valóra váltásával megkaphatjuk az ebben a szituációban érvényes LR-értéket, ami ezerre felfelé kerekítve 418 ezer (6. számú ábra).

6. számú ábra

A Drummond-ügy cselekvési szintű Bayes-hálózatának valószínűségei a terheltre nézve legkedvezőtlenebb genetikai eredmény megvalósulása után



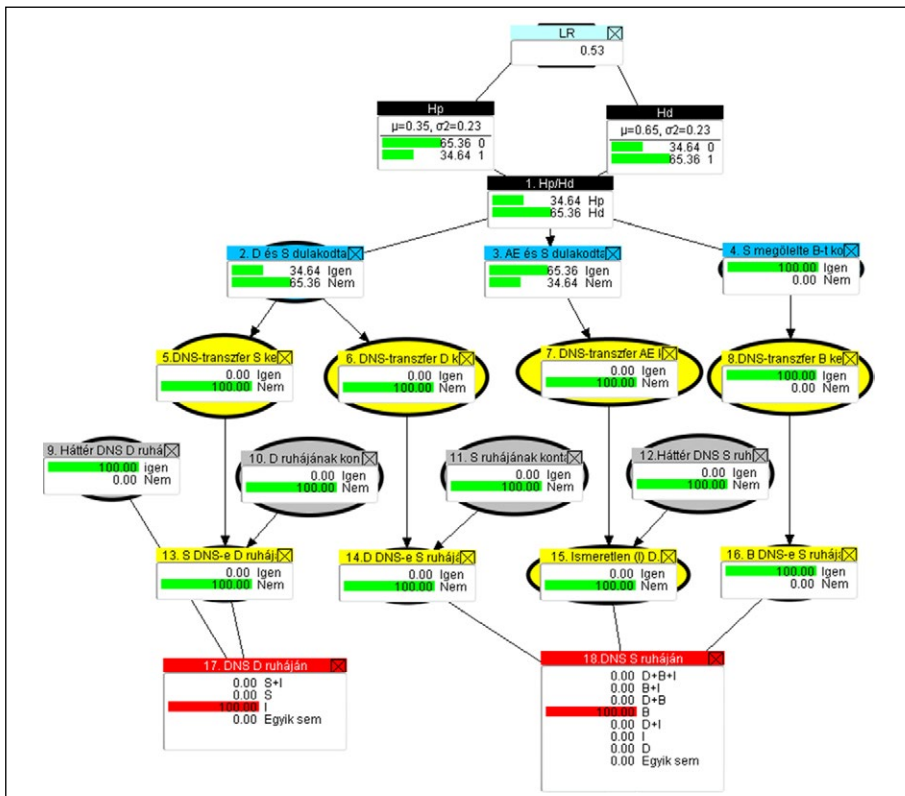
Forrás. A szerző saját szerkesztése.

Ebben a cselekvési szintű BH-modellünkben ez lenne az elképzelhető legnagyobb LR-t mutató, így leginkább terhelő statisztikai eredmény Drummondra nézve. Ez az eredmény azt jelenti, hogy a sértett és a terhelt ruháján a másik személy DNS-ének a kimutatása idegen DNS detektálása nélkül kb. 418 ezer-szer valószínűbb akkor, ha a sértett Drummondal dulakodott, ahhoz képest, mintha a sértett egy másik személlyel került volna ilyen fizikai kontaktusba.

Ahogy a tanulmányban a Drummond-ügy rövid bemutatásakor említésre került, a szakértők nem detektálták egyik személy DNS-ét sem a másik ruháján, ami a terhelő bizonyíték hiányának egy tipikus példája. Drummond ruháján a sajátja mellett ismeretlen eredetű DNS-t találtak, míg a sértett ruháján szármottevő nem saját DNS-ként a barátjának a DNS-ét azonosították. Valóra váltva a Bayes-hálókban ezeket a tényleges eredményeket, az így kapott LR-érték leesett 1 alá (LR = 0,53) (7. számú ábra).

7. számú ábra

A Drummond-ügy cselekvési szintű Bayes-hálózatának valószínűségei a ténylegesen megállapított genetikai eredmények alapján



Forrás. A szerző saját szerkesztése.

Ez azt jelenti, és e cselekvési szintű kiértékelésre adott szakvéleményben is az a következtetés lenne levonható, hogy a Drummondra nézve terhelő bizonyíték hiánya – pontosabban D ruháján idegen DNS, míg S ruháján B DNS-ének

kimutatása – kb. kétszer valószínűbb akkor, ha a sértett egy másik férfival dulakodott, és nem Drummonddal. Ez az LR-eredmény a vád és a védelem részéről a következőképpen interpretálható, amely interpretáció természetesen az érintett felek hatásköre, de ebben a szakértő pártatlan szakmai támogatást tud nyújtani. Egyrészt az ügy valós eredményeire kapott LR-érték kis mértékben támogatja a védelem állítását a vádéval szemben, ugyanakkor nem olyan mértékben, hogy a cselekvési szintű genetikai értékelés eredménye önmagában valószínűtlenné tenné a vád feltevését.

Cselekvési szintű Bayes-hálózatelemzés egy magyarországi emberölési ügy kapcsán

Az előző fejezetben bemutatott Bayes-hálózatanalízis egy tipikus példája annak a helyzetnek, amikor olyan cselekvéseket kell elemeznünk, amelyeket a vád, illetve a védelem állítása szerint ugyanazon a helyen és időben, de részben eltérő résztvevők hajtottak végre. Emellett lehet olyan szituáció is, amikor a védelem elismeri a vád által terhelőnek vélt tevékenységet, azonban annak időpontját vitatja. A tanulmányban leírtak ismeretében már tudhatjuk, hogy ilyenkor nemcsak a biológiai anyag átkerülése, hanem annak megmaradása is kulcsszerepet játszhat az időbeliség tisztázásában. Egy ilyen típusú cselekvési szintű Bayes-hálózatelemzésre az elkövetőkben bemutatok egy példát a tanulmánynak *A bűnügyekben felmerülő TPPR-problémák* című fejezetében leírt magyarországi emberölési ügy konkrét forrásszintű genetikai vizsgálati eredményének felhasználásával. Tudomásom szerint ez az első olyan publikált cselekvési szintű Bayes-hálózatanalízis, amelyet Magyarországon elkövetett bűncselekmény genetikai vizsgálati eredménye alapján végeztek el. Az ügyben a férfi vádlott (V) tagadta, hogy a bűncselekmény időpontjában találkozott volna az egyedül élő női sértettel (S). A szakértői vizsgálat eredményeképpen a sértett egyik körme alatt kimutatott DNS-ének jelenlétére a vádlott azt a magyarázatot adta, hogy az a bűncselekményt megelőző napokban kerülhetett oda, amikor az utcán elesett sértettet felsegítette. Tekintettel arra, hogy abban az időben mindketten ugyanabban a faluban laktak, ezt a védekezést a bíróság nem hagyhatta figyelmen kívül. A kérdéskör valószínűségi alapon történő értékelhetőségének alapfeltétele, hogy egyrészt rendelkezésre álljanak erre a cselekvéstípusra (ti. karmolás) transzfer- és megmaradási gyakorisági adatok, másrészt azok vizsgálati körülményei jól illeszkedjenek a konkrét üggyhöz és az ügyben elvégzett szakértői analízis módszertanához. A szakirodalom áttekintése során a Bolognai Egyetem munkatársának, Alessandra Iuvaronak a témában 2020-ban írt PhD-disszertációjában szereplő adatokat

megfelelőnek találtam a magyarországi bűnügy elemzéséhez is (URL3). Iuvaro kísérletében 48 férfi és 48 női felnőtt önkéntes részvételével, akik korábban nem kerültek fizikai kontaktusba egymással, párokat alkottak. A kísérletben minden pár női tagja megkarmolta férfi párjának alkarját olyan erősséggel, hogy a karmolás nyoma látható legyen, de ne okozzon vérző sérülést. 12 nőtől a karmolás után azonnal, a többitől tizenkettesével 6, 12 és 24 óra múlva mintát vettek a körmük alól. A nők tevékenységét a körömmintavételig nem korlátozták, belátásuk szerint végezték a napi dolgaikat. Az olasz kísérletben és a magyar bűnügyben alkalmazott DNS-vizsgáló módszerek egymáshoz hasonlóak voltak, azzal a különbséggel, hogy az olasz módszertan DNS-profil kimutatási érzékenysége az újabb generációs műszer és vegyszer használata miatt valószínűleg magasabb lehetett (ABI3500 genetikai analizátor kontra ABI3130 genetikai analizátor, Promega PowerPlex ESX17 STR PCR kit kontra ABI SGM Plus STR PCR kit). Iuvaro vizsgálatában mindegyik időpontban a nőktől összesen 72–72 db körömmintát vettek. Tekintettel arra, hogy az emberölési ügyben nem álltak rendelkezésre pontos adatok a sértetti körömminta DNS-profilkomponenseinek egymáshoz viszonyított arányára (M_x) vonatkozóan, ezért az eredményértékelés során a legegyszerűbb, bináris megközelítéssel éltem. Ennek megfelelően Iuvaro eredményeit úgy dolgoztam fel, hogy az azokból készített gyakorisági táblázat a megkarmolt férfiak testi kromoszómás DNS-profiljának kimutatási gyakoriságát mutassa az egyes körömmintavételi időpontokban (9. számú táblázat).

9. számú táblázat

Alessandra Ivoro karmolásos kísérletéből (URL3) származó gyakorisági adatok

A karmolás után eltelt idő a mintavétel időpontjáig (óra)	Megkarmolt férfi testi kromoszómás DNS-profiljának kimutatása a nő körme alatt (megfigyelt szám)	Megkarmolt férfi testi kromoszómás DNS-profiljának kimutatása a nő körme alatt (utólagos szám)	Mintaszám	Utólagos mintaszám	Utólagos valószínűség
0	37	38	72	74	0.514
6	1	2	72	74	0.027
12	2	3	72	74	0.041
24	0	1	72	74	0.014

Forrás. A szerző saját szerkesztése.

A 9. számú táblázat első és második oszlopában látható, hogy az olasz kísérletben 24 óra elteltével már nem sikerült kimutatni a megkarmolt férfiak testi kromoszómás DNS-profilját a nők körme alatt. Ebben az esetben az emberölési ügyben eljáró szakértő ezt az eredményt kategorikus kizárásként is értékelhetné, azaz azt mondhatná az eljáró hatóságnak, hogy kategorikusan kizárható az a lehetőség, hogy élő személy körme alatt a karmolás után 24 órával még kimutatható a megkarmolt személy testi kromoszómás DNS-e. Figyelembe

véve azonban a 24 órás kísérlethez elvégzett 12 db karmolást és az azokhoz vett 72 db mintát, ezek a számok túlságosan kicsik ahhoz, hogy minden más körülménytől eltekintve önmagában megalapozhassák a kategorikus kizárás interpretációját. Ugyanakkor ahogy korábban már említésre került, a cselekvési Bayes-hálózatépítéshez olyan TPPR valószínűségi értékek szükségesek, amelyek kizárják a cselekvésekre vonatkozó állítások kategorikusnak bizonyuló (ti. 0 vagy 100%-os) utólagos valószínűségét. Ennek megakadályozásának legegyszerűbb módja az úgynevezett Dirichlet előzetes érték (Dirichlet prior) alkalmazása olyan esetekben, ahol a gyakorisági adatokat egymást kölcsönösen kizáró, és az összes lehetséges kimenetelt kimerítő esettípusok megszámlálásával kapjuk meg (Taylor & Kokshoorn, 2023). Könnyen belátható, hogy ismétléses kísérletekben (például lottószelvények kitöltése) egy ritka esemény bekövetkezésének várható valószínűsége felülről megbecsülhető az eredménytelen kísérletek számának reciprokával. Sohasem lehetünk biztosak ugyanis abban, hogy az eredménytelen kísérletsorozat után épp nem a következő próba fog a várt eredménnyel zárulni. A Dirichlet előzetes érték alkalmazása tehát azt jelenti, hogy még a vizsgálat megkezdése előtt minden eredménytípushoz egy db előzetes pozitív megfigyelést rendelünk, amelyhez hozzáadva a vizsgálatban az adott eredménytípusra kapott darabszámot megkapjuk a megfigyelések utólagos számát az eredménytípusra. A vizsgált ügyünkben csak két eredménytípust különböztettünk meg (vádolt DNS-ének kimutatása és annak hiánya), így az összes esetszámunkat kettővel megnövelve az utólagos mintaszámunk 74 lett az egyes körömmintavételi időpontokhoz. A Dirichlet eloszlási modellben a pozitív eredmények utólagos darabszámát az utólagos mintaszámmal elosztva megkapjuk a Bayes-hálózatunkhoz szükséges, 0 és 1 közé eső valószínűségi értékeket a megkarmolt férfi személy DNS-ének megmaradására és kimutathatóságára vonatkozóan a nő körme alatt (9. számú táblázat utolsó oszlopa).

A cselekvési szintű Bayes-hálózatelemzés elvégzése előtt meg kell határoznunk a cselekvésre vonatkozó állításokat, feltételezéseket és tényszerű háttérinformációkat. Mivel az olasz karmolási kísérletben a 24. órát követően újabb mintavételre már nem került sor, így későbbi időpontokhoz tartozó, nem nulla valószínűségi értékek csak extrapolálással vagy valószínűségi eloszlási modell felállításával lennének megállapíthatók, mely műveleteket az egyszerűség érdekében nem végeztem el. Ennek megfelelően az emberölési ügyben vizsgált két cselekvési állítást a következőképpen határoztam meg. A vád állítása: A sértett a vádlottat a bűncselekmény időpontjában karmolta meg a sértett lakásában. A védelem állítása: A sértett a vádlottat a bűncselekmény előtt egy nappal korábban karmolta meg az utcán. A sértett és a vádlott utána nem találkoztak egymással. Az ügy cselekvési szintű értékelésénél az alábbi feltételezésekkel éltem:

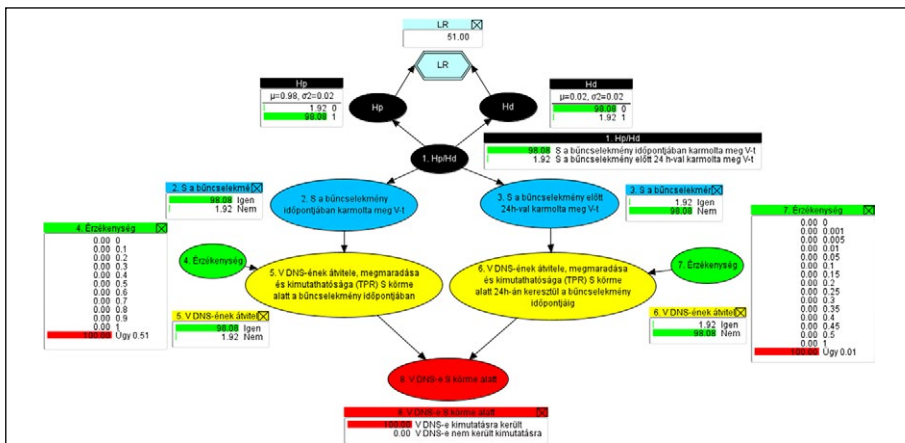
- Az olasz karmolási kísérletben részt vevő nők körme, karmolási mechanizmusa és tisztálkodási szokásai nem tértek el jelentősen a bűnügy sértettjétől.
- A bűnügy sértettje nem viselt kesztyűt a karmolás során. Ezt azért kell feltételezéseként leszögezni, mivel a bűncselekmény decemberben történt, így elképzelhető, hogy olyankor a sértett az utcán általában kesztyűt viselt.
- Az olasz karmolási kísérletben részt vevő személyek nyomhagyó képessége nem tért el jelentősen a bűnügyben érintettekétől.
- Az olasz karmolási vizsgálat DNS-kimutatói érzékenysége megegyezett a bűnügyben használt módszerével, vagy annál magasabb volt.
- A bűncselekmény után eltelt idő és a mintavételi, tárolási és szállítási körülmények érdemben nem befolyásolták a DNS kimutathatóságát a két feltételezett cselekvés összehasonlíthatósága szempontjából.

A feladathoz tartozó fontos háttérinformáció azok a tények, melyek szerint a sértett és a vádlott a bűncselekmény idejében egy faluban laktak, illetve a sértett a bántalmazása során kitartóan védekezett. Mindezek mellett a sértett körme alatt egyéb idegen DNS nem volt detektálható.

Ebben az emberölési ügyben a sértett körmmintájára kapott DNS-eredmény és az olasz karmolási kísérlet 0. és 24. órájához tartozó utólagos gyakorisági értékek felhasználásával készített cselekvési szintű Bayes-hálózatot a 8. számú ábra mutatja be. A hálózat csomópontjainak valószínűségi táblázatai a 10. számú táblázatban láthatók.

8. számú ábra

A tényleges DNS-vizsgálati eredmény szerint valóra váltott cselekvési szintű Bayes-hálózat a magyarországi emberölési ügyben

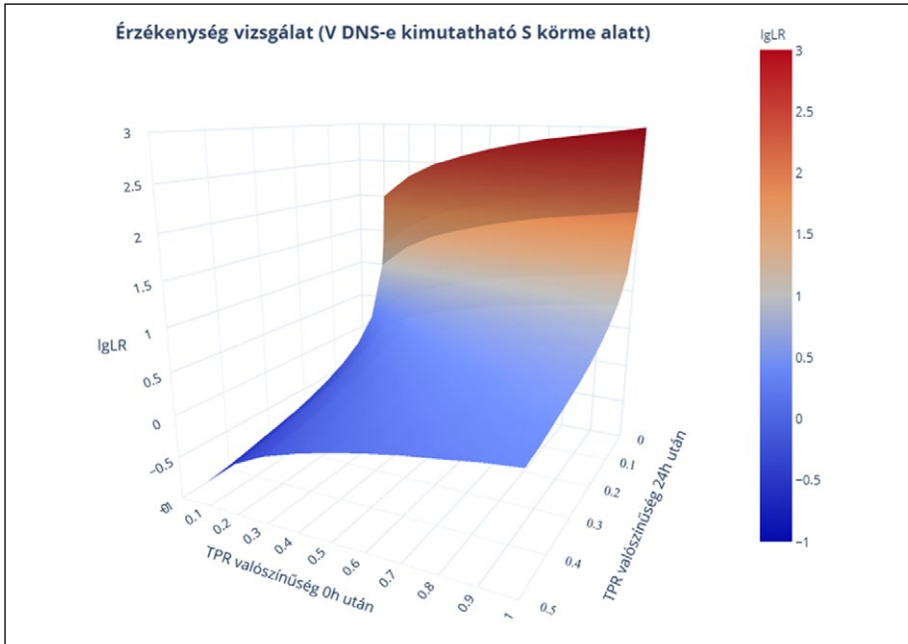


Forrás: A szerző saját szerkesztése.

fókuszálhat, amelyek jelentős befolyással bírhatnak a hálózat segítségével kiszámított valószínűségi hányadosra (Taylor & Kokshoorn, 2023). A szenzitivitás teszt során a csomópontok átrendezésével, egyesítésével, vagy újabb (például háttér) csomópontok beiktatásával változtatgathatjuk a Bayes-hálózatunk felépítését, megfigyelve közben az LR-értékek alakulását. Másik lehetőségként felülvizsgálhatjuk a forrásszintű genetikai eredményeket, és azok módosításával az LR-re gyakorolt hatásukat is elemezhetjük. Az úgy egyes feltételezett körülményeinek megváltoztatásával, kibővítésével (például megmaradási időtartam módosítása) szintén tesztelni tudjuk a valószínűségi hányados érzékenységét ezekre az esetekre vonatkozóan. Végül, de nem utolsó sorban a szenzitivitás teszt elvégezhető a TPPR- és háttérfaktorok valószínűségének megváltoztatásával vagy azok forrásadatainak újbóli mintavételezésével. Ha az előbbieken említett bármelyik tesztben egy valószínű tartományon belüli kisebb változtatás is az LR értékét nagyságrendekkel növeli vagy csökkenti, akkor a BH-analízis módfelett érzékeny arra a Bayes-háló struktúrára, eredményre, körülményre vagy TPPR-faktorra. Az emberölési ügyben a hálózatelemzés megbízhatósága szempontjából a legkritikusabb tényezőnek a karmolás során átkerült idegen biológiai anyag transzferének (T), megmaradásának (P) és kimutathatóságának (R) a becsült valószínűségét tekinttem. Mivel ezt bináris (van/nincs) eredménymodellben vizsgáltam, így a TPR-csomópontokhoz elegendő egy-egy egyszerű, címkézett gyökércsomópontot rendelni 0 és 1 közötti előzetes TPR-valószínűségekkel. Az ilyen típusú érzékenységvizsgálathoz nem feltételül szükséges tesztelni a teljes valószínűségi tartományt, az szűkíthető az elemezni kívánt, kritikusnak vélt intervallumra. A 8. számú ábra 7. érzékenységi csomópontjában eltérő valószínűségi léptéket használtam a 4. csomóponthoz képest annak érdekében, hogy nagyobb felbontásban értékelhessem az LR-eredményeket egy kritikusnak tekintett, 0–0,5 közötti TPR-valószínűségi tartományon belül. Az olasz karmolási kísérletből származó valószínűségek egyszerűbb valóra váltása érdekében az érzékenységi csomópontokban külön ügyállapotként a konkrét valószínűségeket (0,51, illetve 0,01) is rögzítettem. Az érzékenységtesztet ebben a Bayes-hálózatban úgy lehet elvégezni, hogy az úgy DNS-vizsgálati eredményének valóra váltása mellett az érzékenységi csomópontokban lévő valószínűségeket is egyesével valóra váltogatjuk, és közben feljegyezzük a hozzájuk tartozó LR-értékeket. Tekintettel arra, hogy csak egy genetikai eredményadatunk és két érzékenységi csomópontunk van, így az érzékenységvizsgálatunk összesített eredményét egy 3-D diagramon ábrázolni tudjuk (9. számú ábra)

9. számú ábra

A magyarországi emberölési ügyben felállított cselekvési szintű Bayes-hálózat érzékenységvizsgálati eredményének 3-D diagramja



Forrás. A szerző saját szerkesztése.

A 9. számú ábrán lévő színes görbe felület minden pontja megmutatja azt, hogy az adott pontnak a vízszintes tengelyeken lévő vetületét képviselő TPR-valószínűségekhez milyen logaritmusos LR-érték (lgLR) tartozik a függőleges tengelyen. A diagram alapján az a következtetés vonható le, hogy az LR-érték nagyságrendjét leginkább az idegen eredetű DNS 24 óra utáni TPR-valószínűsége befolyásolja a 0–0,2 valószínűségi tartományon belül. Ez azt jelenti, hogy a sértett körme alatt a terhelti DNS kimutatásának ezzel a Bayes-hálózatanalízis modellel történő cselekvési szintű értékelésének eredménye leginkább a köröm alá kerülő terhelti DNS megmaradásának valószínűségére érzékeny alacsony TPR-valószínűség esetén. Ez az érzékenységi tesztvizsgálati eredmény összhangban van ebben a karmolási cselekményben előzetesen elvártakkal.

Ezen emberölési ügy cselekvési szintű igazságügyi genetikai szakértői kiértékelésének szakvéleménybe foglalásakor is azokat a szempontokat kell figyelembe venni, melyeket tanulmányosorozatom első részében bemutattam (Füredi, 2026a). A szakvélemény felépítése és szövegezése – szem előtt tartva az

igazságügyi szakértőkről szóló 2016. évi XXIX. törvény előírásait is – a következő lehet (Taylor & Kokshoorn, 2023).

1) A vizsgálat tárgya (lelet)

A kiértékelő (evaluative) típusú szakvéleményt a bűnügyben vizsgálandó, az érintett felek által korábban már megfogalmazott cselekvések rövid leírásával, és a rendelkezésre álló, általában (al)forrásszintű genetikai eredmények ismeretetésével célszerű kezdeni:

„A nyomozó vagy vádhatóság állítása (Hp): A sértett a terheltet a bűncselekmény időpontjában karmolta meg a sértett lakásában.

A védelem állítása (Hd): A sértett a terheltet a bűncselekmény időpontja előtt 1 nappal korábban karmolta meg, amikor a vádlott segítséget nyújtott a sértettnek az utcán. A sértett és a terhelt utána már nem találkoztak egymással.

Az érintett felek a korábbi szakértői vizsgálatok eredménye alapján elfogadták, hogy a sértett körme alatt idegen komponensként csak a terhelt DNS-e volt kimutatható.”

2) Vizsgálati módszer

Ebben a részben célszerű leírni az értékeléshez szükséges feltételezéseket és háttérinformációkat. A vizsgált cselekvésekhez szöveges formában vagy ábrán közölhetjük a cselekvésekben szerepet játszó biológiai anyagmaradványok TPPR-eseményeihez tartozó út- és idővonalakat. Az ezek ismeretében levezetett LR-képlet vagy felrajzolt Bayes-hálózat szintén részét kell képezze a szakvéleménynek. Az egyes TPPR-faktorokhoz rendelt valószínűségek feltételes valószínűségi táblázatokban kerülhetnek megadásra a valószínűségi adatok forrásainak feltüntetésével. Összetettebb cselekvés vagy genetikai eredmény esetén a bonyolultabb LR-képletet, Bayes-hálózati rajzot, valamint a hozzájuk tartozó valószínűségi táblázatokat célszerű a szakvélemény mellékletébe vagy függelékébe helyezni.

„Az ügyben A vizsgálat tárgyában leírt állítások cselekvési szintű Bayes-hálózatalízisét végeztem el a HUGIN szoftver segítségével. Az eljáró hatóságtól kapott információk alapján a kiértékelés során az alábbi feltételezésekkel éltem és háttérinformációkat használtam fel: ...” (itt az ügyben már korábban leírtak következhetnek).

„A vizsgált cselekvések során átkerülő DNS út- és idővonalát a mellékelt Bayes-hálózatban tüntettem fel. A DNS átkerüléséhez (Transzfer), megmaradásához (Perzisztencia) és kimutathatóságához (Recovery) (összefoglalóan a TPR-hez) tartozó feltételes valószínűségi táblázatok a valószínűségi adatok forrásának feltüntetésével szintén a mellékletben található. A Bayes-hálózatban

ún. szenzitivitas teszttel azt is megvizsgáltam, hogy a kapott statisztikai eredményt milyen mértékben befolyásolhatják a különböző TPR-valószínűségek.”

A Vizsgálati módszer részben szükség esetén a Bayes-hálózatanalízis alapjai is röviden kifejtethők, amelyhez e tanulmány is segítséget nyújthat az eljáró szakértők számára.

3) Vizsgálati eredmények, szakértői ténymegállapítás

A kiértékelés számszerűsített eredménye a valószínűségi hányados (LR), amelynek a jelentését ebben a részben célszerű leírni, mert így az érintett felek a vizsgálati módszer tételes átolvasása nélkül is gyorsan értelmezni tudják a szakértői vizsgálat eredményét:

„A DNS-eredmények felhasználásával A vizsgálati módszer fejezetben leírtak szerint elvégeztem a cselekvési szintű Bayes-hálózatanalízist. A számításoknál a terhelti DNS kimutatási valószínűségeinek egymáshoz viszonyított arányát (LR) kaptam meg két állítás (Hp és Hd) vonatkozásában:

Hp állítás: A sértett a terheltet a bűncselekmény időpontjában karmolta meg a sértett lakásában.

Hd állítás: A sértett a terheltet a bűncselekmény időpontja előtt 1 nappal korábban karmolta meg, amikor a vádlott segítséget nyújtott a sértettnek az utcán. A sértett és a terhelt utána már nem találkoztak egymással.

A Bayes-hálózatanalízis eredményeképpen a terhelt DNS-ének kimutatási valószínűsége Hp állítás vonatkozásában legalább 51-szer nagyobbak adódtak a Hd állításhoz számított értékhez képest.

Az elemzett Bayes-hálózat érzékenység-vizsgálati eredményét a mellékelt grafikonon tüntettem fel.”

4) Vélemény

A szakvélemény konklúzió részében szöveges értékelést is érdemes társítani az LR számértéke mellé:

„A sértett körme alatt a terhelt DNS-ének kimutatása legalább 51-szer valószínűbb, ha a cselekvés a nyomozó (vagy vád-) hatóság állításának megfelelően történt a védelem állításához képest. Ennek alapján a genetikai bizonyíték alátámasztja a nyomozó (vagy vád-) hatóság állítását a védelem állításával szemben.”

Szöveges interpretáció esetén a szakvéleménynek, vagy annak mellékletének tartalmaznia kell a bizonyítottság mértékét kifejező, a tanulmány sorozatom első részében említett verbális skálát is (Füredi, 2026a). Ha a szakértői elemzés során érzékenységvizsgálat is történt, akkor annak interpretációját a korábban leírtakhoz hasonló szövegezéssel célszerű beilleszteni a szakvélemény Vélemény részébe. A szakvélemény végén fontos hangsúlyozni az következőket:

„Felhívom a T. eljáró hatóság figyelmét arra, hogy a megadott statisztikai eredmény nem az állítások, és így a cselekvések valószínűségét hivatott megbecsülni, hanem a kapott genetikai eredmény valószínűségét a cselekvésekre tett állítások elfogadásakor. Mindezek mellett a statisztikai eredmény és az abból levont következtetés is változhat, amennyiben az elemzett cselekvésre vonatkozó állítások, feltételezések vagy háttérinformációk változnak.”

A cselekvési szintű TPPR-faktorok és Bayes-hálózatok meghatározásának és alkalmazásának kihívásai a magyarországi igazságügyi genetikai gyakorlatban

Magyarországon a Nemzeti Szakértői és Kutató Központban (NSZKK) rendelkezésre állnak azok a laboratóriumi alaplátványok és statisztikai genetikai szoftverek, amelyek alkalmazásával a legkülönbözőbb biológiai anyagmaradványtípusok forrásszintű azonosítása elvégezhető (Fullár et al., 2020; Füredi, 2023; Füredi, 2024; Dobos et al., 2024). E módszerek érvényességét és az eredmények megbízhatóságát az NSZKK külföldi jártassági tesztekben (GEDNAP, CTS – URL4; URL5) való sikeres részvételei is igazolják. Ezek a laboratóriumi és statisztikai genetikai eljárások megfelelnek a tanulmányosorozat második részében (Füredi, 2026b) korábban leírt, a TPPR-faktorok meghatározásához és az eredmények publikálásához szükséges követelményeknek forrásszinten (Gosch & Courts, 2019; Taylor & Kokshoorn, 2023; Gill et al., 2026). Ugyanakkor ahhoz, hogy egy laboratórium a cselekvési szintű értékeléseihez használni tudja más laboratóriumok által meghatározott TPPR-értékeket, a szakembereknek meg kell győződnie arról, hogy az alábbi négy területen a laboratóriumok módszertanában és a kimutatások hatékonyságában nincs jelentős különbség:

- 1) A mintavétel, illetve a biológiai anyag (DNS, RNS stb.) kivonásának hatékonysága.
- 2) A tisztított biológiai anyag mennyiségmérésének pontossága.
- 3) A biológiai profilmeghatározás érzékenysége.
- 4) A biológiai profilalapú személyazonosítás statisztikai módszere.

Az érvényesség elméleti alapon történő eldöntésében elsősorban a mintavételi, laboratóriumi és statisztikai genetikai módszerek protokolljainak összehasonlítása játsza a legfőbb szerepet. Ugyanakkor még ugyanolyan vagy nagyon hasonló protokollok alkalmazása esetén is lehetnek különbségek a különböző laboratóriumok bizonyos forrásszintű eredményeiben (elsősorban a DNS-kivonás hatékonyságában), ahogy erre az ENFSI ReAct projektje rámutatott (Gill et al.,

2025a). A lehetséges különbségek magyarországi feltérképezésében jelentős szerepet játszhat a már publikált külföldi kísérletek (például ReAct projekt) hazai laboratóriumokban történő megismétlése, illetve a tanulmányorozat második részében korábban említett DNS-mennyiség meghatározási korrekciós faktor laboratóriumként történő megállapítása (Füredi, 2026b). A magyar szakemberek előtt ugyancsak feladatot jelent még a TPPR-t befolyásoló egyéb tényezők hazai feltérképezése. Fontos lenne megvizsgálni például, hogy magyarországi ügyekben:

- potenciálisan érintett személyek nyomhagyói státusában;
- a bűnjeltárgyak típusában, anyagában;
- a biológiai anyagmaradványok helyszínen vagy bűnjeltárgyakon való elterjedtségében;
- a BAM-ok megmaradását befolyásoló helyszíni vagy eljárási körülményekben (például érintett személyek életkörülményei, időjárás, mintavétel, csomagolás, tárolás, szállítás) vannak-e olyan különbségek a már publikált külföldi adatokhoz képest, amelyek jelentős befolyással bírhatnak a már rendelkezésre álló TPPR-eredmények felhasználhatóságára. Mindezek mellett még nem vagy nem teljeskörűen publikált, magyarországi ügyekben gyakran előforduló TPP-jelenségek vagy cselekvéstípusok kísérletes vizsgálatára is szükség lenne a közeljövőben. Ilyen lehet például a kesztyűben elkövetett bűncselekmények tekintetében a különböző típusú kesztyűkön lévő BAM elterjedtségének, közvetett vagy közvetlen átvitelének mélyebb megismerésére irányuló kísérletek, amelyek a szövetkesztyűk esetében elemi szálak TPPR-vizsgálatával is kombinálhatók lennének. Hasonlóan érdekes kérdéskör és nem teljeskörűen elemzett terület a biológiai anyagmaradványok utólagos használat nélküli vagy (ideiglenes) használat utáni megmaradása a helyszínen vagy különböző elkövetési tárgyakon, melyre sok esetben hivatkozik a terhelt védekezésképpen. A cselekvési szintű Bayes-hálózatalízis vonatkozásában e kézirat írásának időpontjában Magyarországon is nehézséget okoz egy könnyen kezelhető, minden szükséges funkcióval ellátott, nem limitált kapacitású ingyenes szoftver hiánya. Emellett a hatékony rutin szintű működéshez szükség lenne egy olyan BH típusadatbázisra, amely a magyarországi ügyekben gyakran előforduló cselekvéstípusokra már kész sablon Bayes-hálózatokat tartalmazna. E sablon BH-k rendelkezésre állása esetén a szakértőknek már csak a konkrét ügyben érvényes TPPR valószínűségi értékeket és a várható vagy meghatározott eredményadatokat kellene beilleszteniük a Bayes-hálózatba az ily módon gyorsan elvégezhető előzetes CAI-analízis, vagy utólagos szakvéleményezés során. A tanulmányban leírásra került két Bayes-hálózat kiindulópontként is szolgálhat e magyarországi BH-adatbázis felépítéséhez. A magyarországi ügyekben

felállított Bayes-hálózatok transzfer- és eredménycsomópontjaihoz úgynevezett kimutatás változékonysági (variability) gyökércsomópontok is rendelhetők lennének, amelyekkel a laboratóriumok közötti esetleges kimutatási és értékelési különbségek kompenzálhatók lennének még olyan esetekben is, amikor nincs mód a mások által publikált kísérletek megismétlésére (Taylor et al., 2025). Végül, de nem utolsó sorban a gyakran előforduló típusügyekben vagy súlyos bűncselekményekben az érintett felek által vitatott cselekvések kísérletes szimulációjával meghatározott TPPR-értékek és felállított Bayes-hálózatok nemcsak a konkrét ügyekben, hanem más eljárásokban is hasznos adatokat szolgáltatathatnának a biológiai anyagmaradványok cselekvési szintű vizsgálatához mind hazánkban, mind külföldön.

Felhasznált irodalom

- Cook, R., Evett, I. W., Jackson, G., Jones, P. J., Lambert, J. A. (1998). A model for case assessment and interpretation. *Sci Justice.*, 38(3), 151–156. [https://doi.org/10.1016/s1355-0306\(98\)72099-4](https://doi.org/10.1016/s1355-0306(98)72099-4)
- Daly, D. J., Murphy, C., McDermott, S. D. (2012). The transfer of touch DNA from hands to glass, fabric and wood. *Forensic Science International: Genetics*, 6(1), 41–46. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2010.12.016>
- Dobos, Á., Dudás-Boda, E., Füredi, S., Heinrich, A., Kormos, Z., Mátrai N., Pamzsav H., Tapasztó A. (2024). Genetikai Szakértői Intézet. In *Forenzikus Füzetek 2. A Nemzeti Szakértői és Kutató Központ jelene és jövőképe II.* (pp. 28–56). https://nshkk.gov.hu/content/forenzikus_fuzetek/ff-2024-2szam-full.pdf
- Fullár, A., Kutnyánszky, V., Leiner, N. (2020). Identification of burglars using foil impressioining based on tool marks and DNA evidence. *Forensic Sci Int.*, 316, 110524. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2020.110524>
- Füredi S. (2023). A nyomhordozók és emberi eredetű biológiai anyagmaradványok típusai és genetikai vizsgálatának jelentősége a magyarországi büntető- és közigazgatási eljárásokban – Esetleírások. (2023). *Belügyi Szemle*, 71(12), 2179–2196. <https://doi.org/10.38146/BSZ.2023.12.4>
- Füredi S. (2024). A magyarországi bűnügyi DNS-profil nyilvántartás találatkeresési módszerének fejlesztése. *Rendőrségi Tanulmányok 7 (Különszám)*, 3-77. <http://dx.doi.org/10.53304/RT.2024.ksz.01>
- Füredi S. (2026a). A biológiai anyagmaradványok cselekvési szintű vizsgálata bűnügyekben I. - A DNS-azonosítás szintet lép. *Belügyi Szemle*, 74(4), 909-949. <https://doi.org/10.38146/bsz-ajia-ajia.2026.v74.i4.pp909-949>
- Füredi S. (2026b). A biológiai anyagmaradványok cselekvési szintű vizsgálata bűnügyekben II. - A DNS-transzfer. *Belügyi Szemle*, 74(5), 1331-1368. <https://doi.org/10.38146/bsz-ajia.2026.v74.i5.pp1331-1368>

- Gill, P., Hicks, T., Butler, J. M., Connolly, E., Gusmão, L., Kokshoorn, B., Morling, N., van Oorschot, R. A. H., Parson, W., Prinz, M., Schneider, P. M., Sijen T., & Taylor, D. (2020). DNA commission of the International society for forensic genetics: Assessing the value of forensic biological evidence - Guidelines highlighting the importance of propositions. Part II: Evaluation of biological traces considering activity level propositions. *Forensic Science International: Genetics*, *44*, 102186. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2019.102186>
- Gill, P., Fonneløp, A., E., Hicks, T., Xenophontos, S., Cariolou, M., van Oorschot, R., Buckel, I., Sukser, V., Papić, S., Merkaš, S., Kostic, A., Pereira, A. M., Teutsch, C., Forsberg, C., Haas, C., Petkovski, E., Hass, F., Masek, J., Stosic, J., Lee, J. S., Syn C. K-C, Groombridge, L., Trimborn, M., Hadjivassiliou, M., Breathnach, M., Novackova, J., Parson, W., Hatzer-Grubwieser, P., Pietikäinen, S., Joas, S., Willuweit, S., Grethe, S., Miličević, T., Hasselqvist, T., Kallupurackal, V., Stenzl, V., Jansson, S., Glocker, I., Brunck, S., Nyhagen, K., Linglem, A. B. D., Autere, H., Thornbury, D., Pedersen, N., Fox, S., Moore, D., Escott, G., Petersen, C. B., Larsen, H. J., Giles, R., Allen, P. S., Prieto, L., Ramirez, E., de Yuso, I. M., Bastisch, I. (2025a). The ReAct project: Analysis of data from 23 different laboratories to characterise DNA recovery given two sets of activity level propositions. *Forensic Science International: Genetics*, *76*, 103222. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2025.103222>
- Gill, P., Hicks, T., Kokshoorn, B., van Oorschot, R. A. H., Taylor D., Parson, W. (2026). Minimum FSI: Genetics requirements for publishing data on DNA transfer and recovery, given activities. *Forensic Science International: Genetics*, *80*, 103330. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2025.103330>
- Gosch, A., Courts, C. (2019). On DNA transfer: The lack and difficulty of systematic research and how to do it better. *Forensic Science International: Genetics*, *40*, 24–36. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2019.01.012>
- Kloosterman, A., Sjerps, M., Quak, A. (2014). Error rates in forensic DNA analysis: Definition, numbers, impact and communication. *Forensic Science International: Genetics*, *12*, 77–85. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2014.04.014>
- Orbán J. (2013). A Bayes-hálók rendészeti alkalmazhatóságának vizsgálata. *Pécsi Határőr Tudományos Közlemények, XIV.*, 379–386. <https://www.pecshor.hu/periodika/XIV/orbanj.pdf>
- Orbán J. (2014). Kriminálisztikai valószínűségi becslés Bayes-hálókkal. *Magyar Rendészet, 14(4)*, 115–130. <https://folyoirat.ludovika.hu/index.php/magyrend/article/view/3909/3167>
- Orbán J. (2015). A felderítés és a nyomozás támogatása bayesi módszerekkel. *Pécsi Határőr Tudományos Közlemények, XVI.*, 169–174. <https://www.pecshor.hu/periodika/XVI/orban.pdf>
- Orbán J. (2018). Bayes-hálók a bűnügyekben. PhD értekezés. *Pécsi Tudományegyetem Állam- és Jogtudományi Karának Doktori Iskolája*. <https://pea.lib.pte.hu/server/api/core/bitstreams/5f6e0a6b-29cb-43af-bcce-c99fd1ce58ca/content>
- Orbán J. (2019). Vélelmek bizonyosságának növelése a büntetőeljárásban. Útkeresés a Bayes módszerben rejülő lehetőségek használata felé az Alaptörvény XXVI. cikkére figyelemmel. *Szegedi Tudományegyetem*. https://acta.bibl.u-szeged.hu/71311/1/szegedi_jogasz_doktorandusz_konf_002_235-245.pdf

- Orbán J. (2022) Bayesian Networks in Law Enforcement. *Belügyi Tudományos Tanács*. https://bm-tt.hu/wp-content/uploads/2022/02/OrbanJ_Security_Challenges_in_the_21st_Century_web-42.pdf
- Petrétei D. (2023). A szakértői „üzemmódok”. *Pécsi Határőr Tudományos Közlemények. XXV.* Pécs, 301–308. https://pecshor.hu/periodika/XXV/Petretei_David.pdf
- Szkuta, B., Ansell, R., Boiso, L., Connolly, E., Kloosterman, A. D., Kokshoorn, B., McKenna, L. G., Steensma, K., van Oorschot, R. A. H. (2019). Assessment of the transfer, persistence, prevalence and recovery of DNA traces from clothing: An inter-laboratory study on worn upper garments. *Forensic Science International: Genetics*, 42, 56–68. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2019.06.011>
- Taylor, D. (2016). The evaluation of exclusionary DNA results: a discussion of issues in R v. Drummond. *Law, Probability and Risk*, 15(3), 175–197. <https://doi.org/10.1093/lpr/mgw004>
- Taylor, D., Biedermann, A., Hicks, T, Champod, & C. (2018). A template for constructing Bayesian networks in forensic biology cases when considering activity level propositions. *Forensic Science International: Genetics*, 33, 136–146. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.12.006>
- Taylor, D. & Kokshoorn, B. (2023). *Forensic DNA Trace Evidence Interpretation: Activity Level Propositions and Likelihood Ratios* (1st ed.). CRC Press. <https://doi.org/10.4324/9781003273189>
- Taylor, D., Volgin, L., Gill, P., Kokshoorn, B. (2025). Accounting for inter-laboratory DNA recovery data variability when performing evaluations given activities. *Forensic Science International: Genetics*, 78, 103283. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2025.103283>
- Vink, M., de Koeijer, J. A., Sjerps, M. J. (2024) A template Bayesian network for combining forensic evidence on an item with an uncertain relation to the disputed activities. *Forensic Science International: Synergy* (9), 100546. <https://doi.org/10.1016/j.fsisyn.2024.100546>

A cikkben szereplő online hivatkozások

URL1: *Advanced DNA interpretation given activity level propositions*. <https://www.formation-continue-unil-epfl.ch/formation/advanced-dna-interpretation/>

URL2: *HUGIN EXPERT*. <https://www.hugin.com/>

URL3: *Iuvaro, A. (2020). Forensic analysis of fingernail debris after a scratch experiment and its applications in violence against women investigation. PhD thesis*. https://amsdottorato.uni-bo.it/id/eprint/9419/1/Tesi_Alessandra_Iuvaro.pdf

URL4: *German DNA Proficiency Test*. <https://www.gednap.org/>

URL5: *Collaborative Testing Services, Inc*. <https://collaborative-testing.com/>

Alkalmazott jogszabály

2016. évi XXIX. törvény az igazságügyi szakértőkről

A cikk APA szabály szerinti hivatkozása

Füredi S. (2026). A biológiai anyagmaradványok cselekvési szintű vizsgálata bűnügyekben III. A Bayes-hálózatok. *Belügyi Szemle*, 74(6), 1649–1686. <https://doi.org/10.38146/bsz-ajia.2026.v74.i6.pp1649-1686>

Nyilatkozatok

Összeférhetetlenség

A szerző nem jelentett összeférhetetlenséget.

Finanszírozás

A szerző nem kapott pénzügyi támogatást a kutatáshoz, a szerzőséghez és/vagy a cikk publikálásához.

Etikai nyilatkozat

Az adatokat kérésre rendelkezésre bocsátják.

Nyílt hozzáférésről szóló tájékoztatás

A közlemény nyílt hozzáféréssel, a Creative Commons Attribution–NonCommercial–NoDerivatives 4.0 International License (CC BY-NC-ND 4.0) feltételei szerint jelenik meg.

A közlemény változatlan formában, nem kereskedelmi célból, bármely médiumban és formátumban szabadon megosztható és újraközölhető, feltéve, hogy az eredeti szerző(k), a közlés helye és a licenc hivatkozása megfelelően feltüntetésre kerül. Módosított vagy átdolgozott változat terjesztése, valamint kereskedelmi célú felhasználása nem megengedett.

Levelező szerző

A cikk levelező szerzője Füredi Sándor, aki a furedis@nszkk.gov.hu e-mail címen érhető el.