



DECYZJA WYKONAWCZA KOMISJI (UE) 2026/1064

z dnia 8 czerwca 2026 r.

**ustanawiająca zasady stosowania rozporządzenia Parlamentu Europejskiego i Rady (UE) 2024/982
w odniesieniu do zautomatyzowanego przeszukania i zautomatyzowanej wymiany danych
biometrycznych za pośrednictwem routera Prüm**

KOMISJA EUROPEJSKA,

uwzględniając Traktat o funkcjonowaniu Unii Europejskiej,

uwzględniając rozporządzenie Parlamentu Europejskiego i Rady (UE) 2024/982 z dnia 13 marca 2024 r. w sprawie zautomatyzowanego przeszukania danych i zautomatyzowanej wymiany danych na potrzeby współpracy policyjnej oraz zmieniające decyzje Rady 2008/615/WSiSW i 2008/616/WSiSW oraz rozporządzenia Parlamentu Europejskiego i Rady (UE) 2018/1726, (UE) 2019/817 i (UE) 2019/818 (rozporządzenie Prüm II) ⁽¹⁾, w szczególności jego art. 5 ust. 3, art. 8 ust. 2 i 3, art. 9 ust. 3, art. 13 ust. 2 i 3, art. 14 ust. 2, art. 22 ust. 2 i 3, art. 23 ust. 2, art. 31 i art. 37 ust. 6,

a także mając na uwadze, co następuje:

- (1) Rozporządzenie (UE) 2024/982 ustanawia ramy dla zautomatyzowanego przeszukania i zautomatyzowanej wymiany niektórych kategorii danych na potrzeby transgranicznej współpracy policyjnej, w tym zautomatyzowanej wymiany danych biometrycznych między państwami członkowskimi a Europolem w celu zapobiegania przestępczości transgranicznej i jej zwalczania.
- (2) Zgodnie z rozporządzeniem (UE) 2024/982 Komisja określa zasady techniczne w zakresie zautomatyzowanego przeszukania i zautomatyzowanej wymiany danych biometrycznych, a mianowicie profili DNA, danych daktyloskopijnych i wizerunków twarzy, które to operacje mają odbywać się za pośrednictwem routera Prüm.
- (3) Należy w związku z tym określić normy, procedury i specyfikacje techniczne dotyczące funkcjonowania routera Prüm i powiązanych usług, aby umożliwić eu-LISA stworzenie projektu routera, a także opracowanie specyfikacji technicznych, przeprowadzenie testów oraz ogólną koordynację projektu i zarządzanie nim.
- (4) Skuteczna wymiana danych biometrycznych wymaga stosowania standaryzowanych formatów, niepowtarzalnych identyfikatorów i zharmonizowanych protokołów dla profili DNA, danych daktyloskopijnych i wizerunków twarzy. Stosowanie norm uznanych na szczeblu międzynarodowym powinno zapewnić interoperacyjność i kompatybilność między systemami państw członkowskich oraz z Europolem. W zasadach technicznych określa się kody podmiotów, struktury komunikatów, ładunki danych i mechanizmy routingu w celu zagwarantowania spójnego i dokładnego automatycznego przetwarzania.
- (5) Wymieniane wrażliwe dane biometryczne powinny być chronione przed nieuprawnionym dostępem, ingerencją lub utratą, a router Prüm powinien funkcjonować jako system o wysokiej dostępności z redundancją we wszystkich obiektach podstawowych i rezerwowych. Należy w związku z tym określić bezpieczne protokoły komunikacyjne, automatyczne mechanizmy ponownego wyszukiwania i procedury monitorowania. Takie protokoły, mechanizmy i procedury powinny zapewniać niezawodność systemu, terminowe reagowanie i obsługę błędów na potrzeby nieprzerwanej transgranicznej wymiany danych.
- (6) Wymiana profili DNA, danych daktyloskopijnych i wizerunków twarzy powinna być zgodna z minimalnymi standardami jakości, aby umożliwić wiarygodną identyfikację i weryfikację. Automatyczne procedury dopasowania należy uzupełnić ręczną weryfikacją kryminalistyczną w celu potwierdzenia wystąpienia dopasowania i weryfikacji zapytań o dane podstawowe. Należy w związku z tym ustanowić zasady techniczne regulujące formaty profili, rozdzielczość, dopasowanie loci, uszeregowanie kandydatów, procedury ponownego dopasowania i sprawozdawczość. Powinno to umożliwić dokładne interpretowanie wymienianych danych i wykorzystywanie ich do celów postępowań przygotowawczych zgodnie z rozporządzeniem (UE) 2024/982.
- (7) Zgodnie z art. 1 i 2 Protokołu nr 22 w sprawie stanowiska Danii, załączonego do Traktatu o Unii Europejskiej i do Traktatu o funkcjonowaniu Unii Europejskiej, Dania nie uczestniczyła w przyjęciu rozporządzenia (UE) 2024/982 i nie jest nim związana ani go nie stosuje. Dania nie jest zatem związana niniejszą decyzją ani jej nie stosuje.
- (8) Irlandia jest związana rozporządzeniem (UE) 2024/982, a zatem jest związana niniejszą decyzją.

⁽¹⁾ Dz.U. L, 2024/982, 5.4.2024, ELI: <http://data.europa.eu/eli/reg/2024/982/oj>.

- (9) Router Prüm przyczynia się do świadczenia transgranicznej cyfrowej usługi publicznej. Jako że niniejsza decyzja wprowadza wiążące wymogi mające wpływ na rozwój tej usługi, zgodnie z art. 3 rozporządzenia Parlamentu Europejskiego i Rady (UE) 2024/903 ⁽²⁾ (akt w sprawie Interoperacyjnej Europy) wymagana jest ocena interoperacyjności. Ocena taka została przeprowadzona, a sprawozdanie z oceny zostanie opublikowane na portalu Interoperacyjna Europa.
- (10) Europejski Inspektor Ochrony Danych wydał opinię w dniu 27 stycznia 2026 r.
- (11) Środki przewidziane w niniejszej decyzji są zgodne z opinią komitetu Prüm II ustanowionego w art. 77 rozporządzenia (UE) 2024/982,

PRZYJMUJE NINIEJSZĄ DECYZJĘ:

Artykuł 1

Do celów niniejszej decyzji stosuje się następujące definicje:

- a) „podmiot” oznacza państwo członkowskie lub Europoł;
- b) „pytający podmiot” oznacza państwo członkowskie lub Europoł inicjujące kwerendę;
- c) „odpytywany podmiot” oznacza państwo członkowskie lub Europoł, do którego skierowana jest kwerenda i który inicjuje odpowiedź;
- d) „transakcja” oznacza jedną transakcję kwerendy i odpowiadającą jej transakcję (transakcje) wyników;
- e) „punkt kwoty” oznacza punkt przydzielany każdej transakcji, którą odpytywany podmiot otrzymał, przetworzył i na którą udzielił odpowiedzi;
- f) „częściowy locus” oznacza locus z tylko jednym wypełnionym allelem;
- g) „zdjęcie sygnalityczne” oznacza wizerunek twarzy pobrany w kontrolowanym środowisku;
- h) „zdjęcie niesygnalityczne” oznacza wizerunek twarzy pobrany w niekontrolowanym środowisku;
- i) „ponowne dopasowanie” oznacza zadanie wykonywane przez router w celu jednorodnego uszeregowania kandydatów poprzez porównanie danych biometrycznych wykorzystanych do dokonywania kwerend z danymi biometrycznymi dostarczonymi w ramach transakcji odpowiedzi przez odpytywane podmioty, zgodnie z art. 37 ust. 4 rozporządzenia (UE) 2024/982.

Artykuł 2

Specyfikacje dotyczące zasad technicznych w zakresie zautomatyzowanego przeszukania i zautomatyzowanej wymiany danych biometrycznych za pośrednictwem routera Prüm określono w załączniku.

Artykuł 3

Niniejsza decyzja wchodzi w życie dwudziestego dnia po jej opublikowaniu w *Dzienniku Urzędowym Unii Europejskiej*.

Sporządzono w Brukseli dnia 8 czerwca 2026 r.

W imieniu Komisji
Przewodnicząca
Ursula VON DER LEYEN

⁽²⁾ Rozporządzenie Parlamentu Europejskiego i Rady (UE) 2024/903 z dnia 13 marca 2024 r. w sprawie ustanowienia środków na rzecz wysokiego poziomu interoperacyjności sektora publicznego na terytorium Unii (akt w sprawie Interoperacyjnej Europy (Dz.U. L, 2024/903, 22.3.2024, ELI: <http://data.europa.eu/eli/reg/2024/903/oj>).

ZAŁĄCZNIK

Zasady techniczne w zakresie zautomatyzowanego przeszukania i zautomatyzowanej wymiany danych biometrycznych za pośrednictwem routera Prüm, określone zgodnie z art. 2**ROZDZIAŁ 1: Router**

1. Tabela kodów podmiotów

Podmioty pytające i podmioty odpytywane identyfikowane są za pomocą dwuliterowego kodu zgodnie z ISO 3166. Jeżeli podmiot nie ma przypisanego kodu ISO, odnośny kod jest zdefiniowany w tabeli 1 w niniejszym dokumencie.

Tabela 1

Wykaz kodów podmiotów stosowanych w zautomatyzowanej wymianie danych Prüm II

Nazwa podmiotu	Kod
Austria	AT
Belgia	BE
Bułgaria	BG
Cypr	CY
Czechy	CZ
Niemcy	DE
Estonia	EE
Hiszpania	ES
Finlandia	FI
Francja	FR
Grecja	GR
Chorwacja	HR
Węgry	HU
Irlandia	IE
Włochy	IT
Litwa	LT
Luksemburg	LU
Łotwa	LV
Malta	MT
Niderlandy	NL
Polska	PL
Portugalia	PT
Rumunia	RO
Szwecja	SE
Słowenia	SI
Słowacja	SK
Router UE	EU
Europol	EP

2. Procedura techniczna dotycząca dokonywania przez router kwerend w bazach danych państw członkowskich i w danych Europolu

Do wymiany danych z podmiotami router wykorzystuje sieć TESTA Eurodomain⁽¹⁾ lub jej późniejsze implementacje. Router i podmioty wymieniają dane w ramach transakcji asynchronicznych za pośrednictwem usług sieciowych. Wszystkie transakcje między wszystkimi podmiotami są definiowane przez eu-LISA.

Usługi sieciowe opierają się na tych samych protokołach komunikacyjnych i na tym samym formacie wiadomości co europejski portal wyszukiwania. Wszystkie podmioty wdrażają usługi sieciowe w celu przetwarzania następujących transakcji:

- a) Kwerenda pierwszego etapu kierowana przez podmiot pytający za pośrednictwem routera do jednego lub kilku podmiotów odpytywanych
 - 1) Kwerenda dotycząca DNA
 - 2) Kwerenda dotycząca danych daktyloskopijnych
 - 3) Kwerenda dotycząca wizerunku twarzy.
- b) Odpowiedź pierwszego etapu udzielona podmiotowi pytającemu za pośrednictwem routera przez jeden lub kilka podmiotów odpytywanych
 - 1) Odpowiedź dotycząca DNA
 - 2) Odpowiedź dotycząca danych daktyloskopijnych
 - 3) Odpowiedź dotycząca wizerunku twarzy.
- c) Zapytanie drugiego etapu w celu otrzymania danych podstawowych kierowane przez podmiot pytający za pośrednictwem routera do podmiotu odpytywanego
 - 1) Zapytanie o dane podstawowe z zakresu DNA
 - 2) Zapytanie o dane podstawowe z zakresu danych daktyloskopijnych
 - 3) Zapytanie o dane podstawowe z zakresu wizerunku twarzy.
- d) Odpowiedź drugiego etapu na zapytanie o dane podstawowe udzielona podmiotowi pytającemu za pośrednictwem routera przez podmiot odpytywany
 - 1) Odpowiedź na zapytanie o dane podstawowe z zakresu DNA
 - 2) Odpowiedź na zapytanie o dane podstawowe z zakresu danych daktyloskopijnych
 - 3) Odpowiedź na zapytanie o dane podstawowe z zakresu wizerunku twarzy.

Usługi sieciowe komunikują się z odpowiednimi usługami routera w celu prawidłowego przetwarzania i kierowania danych do innych podmiotów.

Każda usługa sieciowa może być dostępna za pośrednictwem specjalnego schematu adresowania IP, aby uwzględnić sytuacje, w których w wymianie uczestniczy kilka różnych organów.

Usługi sieciowe mogą być łączone w jeden krajowy punkt kontaktowy lub większą ich liczbę.

Dla każdej transakcji eu-LISA definiuje specjalną obwiednię routingu.

Obwiednia routingu zawiera następujące informacje dotyczące routingu:

- pytający podmiot,
- podmioty odpytywane,
- rodzaj transakcji w przypadku kwerendy oraz kod transakcji kwerendy (Transaction Query Code – TQC),
- rodzaj transakcji w przypadku odpowiedzi oraz kod transakcji odpowiedzi (Transaction Response Code – TRC),
- rodzaj transakcji w przypadku opcji ponownego dopasowania, jeżeli pytający podmiot wystąpił o jej zastosowanie; ta informacja dotycząca routingu nie ma zastosowania do profili DNA,
- wymagana liczba kandydatów.

Obwiednia routingu może zawierać dodatkowe informacje dotyczące routingu, takie jak opcjonalne funkcje i anonimowe dane niezbędne do tworzenia statystyk, jak określono w sekcji 5.4.

⁽¹⁾ TESTA Eurodomain to bezpieczna, prywatna, ogólnounijnia sieć, która umożliwia zaszyfrowaną i niezawodną wymianę danych między instytucjami UE, organami i agencjami państw członkowskich, w szczególności w odniesieniu do informacji szczególnie chronionych, takich jak dane organów ścigania i wymiaru sprawiedliwości.

W obwiedni routingu umieszcza się właściwy ładunek danych.

Ładunek danych definiowany jest przez eu-LISA. Podmiot pytający zapewnia prawidłowe sformatowanie ładunku danych. Podmiot odpytywany zapewnia prawidłowe sformatowanie odpowiedzi.

W przypadku ponownego dopasowania router waliduje ładunek danych. We wszystkich pozostałych przypadkach router nie waliduje ładunku danych.

Odpytywany podmiot waliduje ładunek danych, aby zapewnić jego prawidłowe przetwarzanie.

Jeżeli odpytywany podmiot nie jest w stanie prawidłowo przetworzyć ładunku danych, za pośrednictwem routera do podmiotu pytającego odsyła się komunikat o błędzie transakcji. Format i szczegóły tego standaryzowanego komunikatu o błędzie transakcji definiowane są przez eu-LISA. Komunikat zawiera kody błędów dotyczące odpytywanego podmiotu i routera.

3. Format odpowiedzi routera i proces

Każda transakcja wysłana do usługi sieciowej kwerend („transakcja kwerendy”) jest identyfikowana za pomocą kodu transakcji kwerendy (TQC) składającego się z dwuliterowego kodu podmiotu pytającego, po którym następuje niepowtarzalny kod składający się z daty i godziny kwerendy oraz numeru kwerendy.

Każda transakcja wysłana do usługi sieciowej odpowiedzi („transakcja odpowiedzi”) zawiera TQC transakcji kwerendy.

Każda transakcja odpowiedzi od podmiotów odpytywanych jest identyfikowana za pomocą kodu transakcji odpowiedzi (TRC) składającego się z dwuliterowego kodu podmiotu odpytywanego, po którym następuje niepowtarzalny kod składający się z daty i godziny odpowiedzi oraz numeru odpowiedzi.

Format i szczegóły dotyczące TQC i TRC definiowane są przez eu-LISA.

Jeżeli router otrzymuje transakcję odpowiedzi, transakcja ta jest odsyłana podmiotowi pytającemu w odniesieniu do każdego podmiotu odpytywanego. Transakcja odpowiedzi zawiera TQC pierwotnej transakcji kwerendy i TRC transakcji odpowiedzi. Jeżeli router zgłasza przekroczenie limitu czasu, TRC jest generowany przez router zgodnie z formatem, który zostanie określony przez eu-LISA. Wszelkie odpowiedzi, jakie router otrzyma po zgłoszeniu przekroczenia limitu czasu w odniesieniu do konkretnej transakcji, są usuwane przez router.

Każda transakcja jest potwierdzana przez odpowiednią usługę sieciową.

W obrębie transakcji kwerendy wszystkie biometryczne dane referencyjne (dane referencyjne DNA, daktyloskopijne dane referencyjne lub dane referencyjne wizerunku twarzy) są jednoznacznie oznakowane oznaczeniem referencyjnym danych (Data Reference Number – DRN) utworzonym przez podmiot pytający zgodnie z art. 7, 12 i 21 rozporządzenia (UE) 2024/982.

W obrębie transakcji odpowiedzi wszystkie dane biometryczne, w przypadku których stwierdzono dopasowanie (profile DNA, dane daktyloskopijne lub wizerunki twarzy) są jednoznacznie oznakowane DRN utworzonym przez podmiot odpytywany, zgodnie z art. 9, 15 i 24 rozporządzenia (UE) 2024/982. O formacie i szczegółach dotyczących DRN decydują podmioty.

DRN służą do jednoznacznego identyfikowania danych biometrycznych i wykorzystuje się je przy składaniu zapytań w celu otrzymania danych podstawowych.

4. Opcja ponownego dopasowania: techniczne zasady porównywania i szeregowania kandydatów według danych biometrycznych

Zgodnie z art. 37 ust. 4 rozporządzenia (UE) 2024/982 w przypadku transakcji kwerendy dotyczących danych daktyloskopijnych i wizerunków twarzy podmiot pytający może w odniesieniu do każdej transakcji zwrócić się do routera o porównanie w celu ponownego dopasowania jego danych biometrycznych z danymi biometrycznymi otrzymanymi od podmiotów odpytywanych.

Ponowne dopasowanie przeprowadza się za pomocą serwisu ponownego dopasowania danych biometrycznych będącego odrębną usługą na platformie, na której znajduje się również wspólny system porównywania danych biometrycznych (sBMS).

Niezależnie od tego, czy podmiot pytający wybrał porównanie w celu ponownego dopasowania, czy też nie, otrzymuje on listy kandydatów, w tym pliki NIST zawierające kompletny zbiór danych daktyloskopijnych lub wizerunki twarzy każdego odpytywanego podmiotu, w takiej formie, w jakiej router otrzymuje je od odpytywanych podmiotów. Router generuje komunikat o przekroczeniu limitu czasu, jak tylko takie przekroczenie zostaje wykryte.

4.1. Porównanie w celu ponownego dopasowania niewidocznych śladów linii papilarnych z kartami daktyloskopijnymi

Jeżeli podmiot pytający wybiera możliwość porównania w celu ponownego dopasowania niewidocznych śladów linii papilarnych z kartami daktyloskopijnymi, router tymczasowo zatrzymuje listy kandydatów otrzymane od odpytywanych podmiotów i korzysta ze szczególnych funkcji platformy, na której znajduje się sBMS, w celu dokonania ponownego dopasowania niewidocznych śladów linii papilarnych dostarczonych przez podmiot pytający z kandydatami otrzymanymi od odpytywanych podmiotów.

Ponowne dopasowanie odbywa się wyłącznie między niewidocznymi śladami linii papilarnych a odciskiem palca w zestawie odcisków palców wskazanym jako możliwe dopasowanie.

W ramach procesu ponownego dopasowania powstaje nowo uszeregowana lista wszystkich dopasowań otrzymanych od odpytywanych podmiotów. Ta nowo uszeregowana lista wykorzystuje identyfikatory zestawów odcisków palców. Podmiot pytający może wystąpić o przekazanie mu wszystkich plików NIST z obrazami odbitek linii papilarnych zawartych na karcie daktyloskopijnej w ramach nowo uszeregowanej listy, jako część opcjonalnego parametru obwiedni transakcji.

Jeżeli podmiot pytający w pierwszej transakcji kwerendy aktywuje opcję porównania w celu ponownego dopasowania, router uruchamia porównanie w celu ponownego dopasowania faktycznie otrzymanych kandydatów.

Na nowo uszeregowanej liście wskazuje się, które odpytywane podmioty nie udzieliły odpowiedzi przed przekroczeniem limitu czasu.

4.2. Porównanie w celu ponownego dopasowania śladów dłoni z odbitkami dłoni

Jeżeli podmiot pytający wybiera możliwość porównania w celu ponownego dopasowania śladów dłoni z odbitkami dłoni, zastosowanie ma proces opisany w pkt 4.1.

4.3. Porównanie w celu ponownego dopasowania zdjęć niesygnalitycznych ze zdjęciami sygnalitycznymi

Jeżeli podmiot pytający wybiera możliwość porównania w celu ponownego dopasowania zdjęć niesygnalitycznych ze zdjęciami sygnalitycznymi, zastosowanie ma proces opisany w pkt 4.1.

5. Opis systemu

5.1. Dostępność systemu

Podstawowy router zostanie zbudowany i będzie się nim zarządzać w obiekcie podstawowym eu-LISA, a router rezerwowy zostanie zbudowany i będzie się nim zarządzać w obiekcie rezerwowym agencji.

Podstawowy router jest zbudowany w obiekcie podstawowym eu-LISA jako system o wysokiej dostępności z pełną redundancją i tak jest zarządzany.

W odniesieniu do wszystkich usług sieciowych i w każdym momencie wszystkie podmioty komunikują się z jednym routerem.

Przełączanie wszystkich podmiotów z obiektu podstawowego do obiektu rezerwowego (i odwrotnie) realizowane jest przez zautomatyzowane mechanizmy, wdrożone przez wszystkie podmioty i oparte na statusie lokalizacji routerów, o którym zadecyduje eu-LISA.

Usługi sieciowe w routerze nie są wdrażane w celu zagwarantowania trwałości otrzymywanych danych we wszystkich obiektach. Każda transakcja jest przypisana do realizacji w obrębie jednego konkretnego routera. Jeżeli podstawowy router staje się niedostępny, podmioty są automatycznie informowane na podstawie decyzji eu-LISA, a kolejne transakcje są kierowane do routera w obiekcie rezerwowym. Wszelkie bieżące transakcje, które nie zostały jeszcze w pełni zakończone w podstawowym routerze, uznaje się za utracone i zgłasza się w ich przypadku przekroczenie limitu czasu.

Każdy klient usługi sieciowej, czy to podmiot pytający, odpytywany czy sam router, wdraża automatyczny mechanizm ponownego wyszukiwania. Jeżeli dana usługa nie jest dostępna, klient i router podejmują ponowne próby, aż do chwili przekroczenia limitu czasu. Limity czasu są specyficzne dla każdej usługi sieciowej i dla każdego podmiotu i są definiowane przez eu-LISA.

Każdy podmiot wdraża obsługę błędów w ramach własnych usług sieciowych, aby mieć dostęp do pełnego przeglądu własnych nieudanych transakcji przychodzących i wychodzących.

W ramach usług sieciowych routera wdraża się mechanizm obsługi błędów i zgłaszania błędów, oparty na otrzymanych lub nieotrzymanych od podmiotów potwierdzeniach technicznych, który umożliwia eu-LISA uzyskanie informacji o niedostępności usług sieciowych podmiotów. eu-LISA kontaktuje się z podmiotem, którego usługa sieciowa była stale niedostępna przez dłuższy okres. eu-LISA kontaktuje się również z podmiotem, który regularnie doprowadza do przekroczenia limitu czasu w routerze.

Router zapewnia międzysystemowe transakcje umożliwiające regularne i automatyczne sprawdzanie faktycznego stanu dostępności usług sieciowych w poszczególnych podmiotach. Wszystkie podmioty mogą przeszukiwać zebrane statusy dostępności za pośrednictwem usługi sieciowej zapewnianej przez router.

W przypadku gdy zapytanie klienta zakończyło się przekroczeniem limitu czasu podmiot pytający jest o tym informowany i musi on podjąć decyzję o skierowaniu konkretnej transakcji do ponownej realizacji przez odpytywany podmiot, który nie był w stanie zakończyć poprzedniej transakcji. Odpytywany podmiot jest informowany o niezakończonych transakcjach; tych transakcji odpytywany podmiot nie odlicza od kwoty dziennej.

5.2. Zautomatyzowane przeszukiwanie (kwerenda i odpowiedź)

Kwerendy dotyczące zautomatyzowanego przeszukania profili DNA zgodnie z art. 6 ust. 2 i 3 rozporządzenia (UE) 2024/982, zautomatyzowanego przeszukania danych daktyloskopijnych zgodnie z art. 11 ust. 1 rozporządzenia (UE) 2024/982 oraz zautomatyzowanego przeszukania wizerunków twarzy zgodnie z art. 20 ust. 1 rozporządzenia (UE) 2024/982 są przetwarzane w ramach w pełni zautomatyzowanej procedury. Przy ustalaniu zgodności profili DNA pod kątem pokrewieństwa i powinowactwa kwerendy przetwarzane są w sposób półautomatyzowany.

Proces zautomatyzowanego przeszukania profili DNA opisano w rozdziale 2. Proces zautomatyzowanego przeszukania danych daktyloskopijnych opisano w rozdziale 3. Proces zautomatyzowanego przeszukania wizerunków twarzy opisano w rozdziale 4.

Jeżeli podmiot pytający wysłał transakcję kwerendy, która nie jest obsługiwana przez podmiot odpytywany, do podmiotu pytającego odsyłany jest komunikat biznesowy informujący, że przedmiotowa transakcja nie jest obsługiwana przez odpytywany podmiot.

Każda transakcja kwerendy dotycząca profilu DNA, skierowana przez podmiot pytający za pośrednictwem routera do jednego podmiotu odpytywanego lub do większej ich liczby, może zawierać maksymalnie 500 profili. Odnośna transakcja odpowiedzi, kierowana przez podmiot odpytywany do podmiotu pytającego za pośrednictwem routera, nie zawiera żadnego pasującego kandydata, zawiera jednego takiego kandydata lub większą ich liczbę dla każdego profilu, którego dotyczy kwerenda.

5.3. Wymiana danych podstawowych (kwerenda i odpowiedź)

Zgodnie z art. 6 ust. 6 i 7, art. 11 ust. 2 i art. 20 ust. 2 rozporządzenia (UE) 2024/982 po otrzymaniu odpowiedzi z routera podmiot pytający może podjąć decyzję o potwierdzeniu dopasowania dwóch danych biometrycznych. Jeżeli podmiot pytający podejmie decyzję o potwierdzeniu dopasowania, dokonuje ręcznej weryfikacji wyników w celu potwierdzenia dopasowania.

W ramach pojedynczej transakcji za pośrednictwem routera podmiot pytający informuje odpytywany podmiot o potwierdzonym dopasowaniu i przekazuje opis faktów i wskazanie przestępstwa leżącego u jego podstaw, przy użyciu wspólnej tabeli kategorii przestępstw określonej w akcie wykonawczym, przyjętym zgodnie z art. 11b ust. 1 lit. a) decyzji ramowej Rady 2009/315/WSiSW⁽²⁾. Router standaryzuje te treści za pomocą kodów ze wspólnej tabeli kategorii przestępstw.

Podmiot pytający przesyła kod transakcji kwerendy (TQC), kod transakcji odpowiedzi (TRC) i oznaczenie referencyjne danych (DRN) w odniesieniu do otrzymanych od podmiotu odpytywanego danych biometrycznych, w przypadku których stwierdzono dopasowanie, podmiotowi odpytywanemu będącemu właścicielem tych danych. Kombinacja tych trzech kodów jest niepowtarzalna i może być wykorzystywana przez podmiot odpytywany do weryfikacji dokładności zapytania o dane podstawowe.

Podmiot odpytywany wykorzystuje DRN do gromadzenia danych podstawowych z zarejestrowanych danych biometrycznych, które zidentyfikowano jako potencjalne dopasowanie. Podmiot odpytywany odsyła dane podstawowe podmiotowi pytającemu w ciągu 48 godzin zgodnie z art. 47 ust. 1 rozporządzenia (UE) 2024/982.

⁽²⁾ Decyzja ramowa Rady 2009/315/WSiSW z dnia 26 lutego 2009 r. w sprawie organizacji wymiany informacji pochodzących z rejestru karnego pomiędzy państwami członkowskimi oraz treści tych informacji (Dz.U. L 93 z 7.4.2009, s. 23, ELI: http://data.europa.eu/eli/dec_framw/2009/315/oj).

Zgodnie z art. 47, po ręcznym potwierdzeniu dopasowania oraz przekazaniu przez podmiot pytający opisu faktów i wskazania przestępstwa leżącego u jego podstaw, odpytywany podmiot odsyła zbiór danych podstawowych za pośrednictwem routera w ciągu 48 godzin. Nie ma obowiązku odesłania danych podstawowych, jeżeli w wyniku przeszukania przeprowadzonego przez odpytywane państwo członkowskie stwierdzono dopasowanie względem przekazanych przez Europol danych z państw trzecich. W takim przypadku kolejne działania wykonywane są zgodnie z rozporządzeniem Parlamentu Europejskiego i Rady (UE) 2016/794^(*).

W swojej odpowiedzi podmiot odpytywany wskazuje, czy udziela podmiotowi pytającemu uprzedniej zgody na przetwarzanie przekazanych danych biometrycznych i danych podstawowych w innych celach, zgodnie z art. 50 ust. 1 rozporządzenia (UE) 2024/982.

Zgodnie z art. 6 ust. 7 rozporządzenia (UE) 2024/982 podmiot odpytywany może również podjąć decyzję o potwierdzeniu dopasowania dwóch profili DNA. Jeżeli podmiot odpytywany postanowi potwierdzić dopasowanie, dokonuje ręcznej weryfikacji wyników w celu potwierdzenia dopasowania oraz inicjuje niezależną i niewywołaną transakcję za pośrednictwem routera skierowaną do podmiotu pytającego w celu zwrócenia się o dane podstawowe. W tym przypadku zastosowanie ma ta sama procedura wymiany danych podstawowych.

Struktura danych podstawowych musi być zgodna z uniwersalnym formatem wiadomości (UMF). Specyfikacje techniczne dotyczące wymiany danych podstawowych definiowane są przez eu-LISA.

W przypadku gdy: (i) podmiot odpytywany nie może odesłać danych podstawowych po ocenie proporcjonalności zapytania zgodnie z art. 47 ust. 1 lit. c) rozporządzenia (UE) 2024/982; lub (ii) odmówiono wydania zgody organu sądowego zgodnie z art. 47 ust. 2 rozporządzenia (UE) 2024/982; lub (iii) gdy odpytywany podmiot ma w krajowej bazie danych inny profil DNA odpowiadający tej samej osobie, zawierający dodatkowe loci, które wykluczają dopasowanie zgodnie z rozdziałem 2 część 5, podmiot pytający jest o tym informowany za pośrednictwem routera.

5.4. Dane statystyczne

Router analizuje obwiednię routingu transakcji przychodzących i wychodzących, w obie strony – zarówno od podmiotów pytających, jak i od podmiotów odpytywanych – w celu pozyskania danych statystycznych.

Router jest w stanie pobrać kombinację zanonimizowanych danych z obwiedni routingu i przekazać je do centralnego repozytorium sprawozdawczo-statystycznego (CRRS) w celu stworzenia następujących statystyk:

- a) liczba wychodzących kwerend w podziale na podmioty pytające i kategorie danych, według wskaźnika priorytetu (w stosownych przypadkach) wraz z informacjami dotyczącymi terminów;
- b) liczba odpytywanych podmiotów przypadających na wychodzące zapytanie (w podziale na podmioty pytające);
- c) liczba unikalnych danych referencyjnych DNA przypadających na transakcję kwerendy (tylko profil DNA);
- d) opcje aktywowane dla wychodzącego zapytania (w podziale na podmioty pytające);
- e) liczba odpowiedzi przychodzących od podmiotów odpytywanych wraz z informacjami dotyczącymi terminów;
- f) liczba kandydatów wymaganych przez podmioty pytające, w podziale na kategorie danych;
- g) liczba kandydatów w odpowiedziach od podmiotów odpytywanych, w podziale na kategorie danych;
- h) liczba dopasowań przypadająca na transakcję odpowiedzi (tylko profil DNA);
- i) liczba potwierdzonych dopasowań w przypadkach, w których nastąpiła wymiana danych podstawowych;
- j) liczba potwierdzonych dopasowań w przypadkach, w których nie nastąpiła wymiana danych podstawowych;
- k) porównanie uszeregowania dokonanego przez podmioty odpytywane z nowym uszeregowaniem uzyskanym w wyniku ponownego dopasowania;
- l) liczba zapytań o dane podstawowe w podziale na podmioty pytające i podmioty odpytywane oraz na kategorie danych, w korelacji z pierwszą kwerendą i odpowiedzią wraz z informacjami dotyczącymi terminów;
- m) liczba odpowiedzi na zapytania o dane podstawowe w podziale na podmioty odpytywane i kategorie danych wraz z informacjami dotyczącymi terminów;
- n) liczba odpowiedzi na zapytania o dane podstawowe w podziale na rodzaj przestępstwa;
- o) liczba kwerend za pośrednictwem routera we wspólnym repozytorium danych umożliwiających identyfikację;

(*) Rozporządzenie Parlamentu Europejskiego i Rady (UE) 2016/794 z dnia 11 maja 2016 r. w sprawie Agencji Unii Europejskiej ds. Współpracy Organów Ścigania (Europol), zastępujące i uchylające decyzje Rady 2009/371/WSiSW, 2009/934/WSiSW, 2009/935/WSiSW, 2009/936/WSiSW i 2009/968/WSiSW (Dz.U. L 135 z 24.5.2016, s. 53, ELI: <http://data.europa.eu/eli/reg/2016/794/oj>).

- p) liczba dopasowań według rodzaju w następujący sposób:
- 1) dane zidentyfikowane (osoba) – dane niezidentyfikowane (śląd);
 - 2) dane niezidentyfikowane (śląd) – dane zidentyfikowane (osoba);
 - 3) dane niezidentyfikowane (śląd) – dane niezidentyfikowane (śląd);
 - 4) dane zidentyfikowane (osoba) – dane zidentyfikowane (osoba).

5.5. Protokoły i standardy, które mają być wykorzystywane do szyfrowania

Protokół TLS z uwierzytelnianiem wzajemnym (Mutual Transport Layer Security – mTLS) stosuje się do uwierzytelnienia każdego serwera przechowującego dowolną część usługi sieciowej we wszystkich udostępnionych środowiskach. Jeżeli podmioty przechowują usługi sieciowe na różnych serwerach, dla każdego serwera dostarcza się oddzielne certyfikaty. Certyfikaty bezpieczeństwa są generowane i zarządzane przez eu-LISA.

ROZDZIAŁ 2: Wymiana profili DNA

1. Właściwości profili DNA i odpowiednie normy europejskie lub międzynarodowe dotyczące wymiany profili DNA

Państwa członkowskie wymieniają wszystkie loci profilu zgodnie ze swoim ustawodawstwem krajowym.

Profil DNA może zawierać wszystkie dostępne pary wartości reprezentujących allele loci autosomalnych, częściowe loci, amelogeninę i loci Y-STR.

Nazwy loci przedstawione są w dwóch poniższych tabelach:

a) Wykaz loci z europejskiego standardowego zestawu loci (ESS)

VWA	TH01	D21S11	FGA	D8S1179	D3S1358
D18S51	D1S1656	D2S441	D10S1248	D12S391	D22S1045

Te dwanaście loci to obecny europejski standardowy zestaw loci (ESS), jak określono w rezolucji Rady 2009/C 296/01 (*). W zautomatyzowanej wymianie profili DNA uwzględnia się wszelkie nowe wersje ESS.

b) Niewyczerpujący wykaz loci, które mogą być wymieniane

Amelogenina	Wszystkie loci Y-STR	TPOX	CSF1P0	D13S317	D7S820	D5S818	D16S539
D2S1338	D19S433	Penta D	Penta E	SE33	D6S1043	D6S474	D1S1677
D2S1776	D3S4529	D4S2408	D5S2800	D12ATA63	D14S1434	D17S1301	D20S482
D9S1122	CD4	FES	F13A1	F13B	GABA		

Ponadto wymieniane mogą być amelogenina i wszystkie loci Y-STR. Nie są one porównywane, ale mogą być wykorzystywane jako dodatkowe informacje do celów analizy kryminalistycznej dopasowania.

Państwa członkowskie mogą pobierać i wymieniać wszelkie inne rodzaje loci autosomalnych niewymienione w tabelach. Państwom członkowskim zaleca się, by przy wymianie profili DNA przekazywały informację pochodzącą z dodatkowych loci, innych niż loci ESS, jeżeli taka informacja jest dostępna. Liczba wymienianych loci nie jest ograniczona.

Państwa członkowskie stosują zestawy DNA, które analizują co najmniej loci ESS. Przy tworzeniu profilu analiza obejmuje wszystkie loci ESS obowiązujące w momencie przeprowadzania analizy.

Specyfikacje dotyczące wymiany danych są definiowane przez eu-LISA.

(* Rezolucja Rady z dnia 30 listopada 2009 r. w sprawie wymiany wyników analiz DNA (Dz.U. C 296, 5.12.2009, s. 1).

Kategorie osób, których dane dotyczą, są w miarę możliwości zharmonizowane z normą ISO/IEC 19794-14:

- P = osoba zidentyfikowana,
- S = niezidentyfikowany ślad biologiczny,
- U = niezidentyfikowane szczątki ludzkie,
- M = osoba zaginiona,
- K = pokrewieństwo i powinowactwo osoby zaginionej.

Zidentyfikowany profil DNA odpowiada profilom „osoba zidentyfikowana” (P) i „pokrewieństwo i powinowactwo osoby zaginionej” (K).

Niezidentyfikowany profil DNA odpowiada profilom „niezidentyfikowany ślad biologiczny” (S), „niezidentyfikowane szczątki ludzkie” (U) oraz „osoba zaginiona” (M).

Tabela 2

Matryca wyszukiwania określająca, jakie rodzaje profili DNA są ze sobą porównywane

Ustalanie zgodności profili DNA według kategorii	P	S	U	M	K
P	Tak	Tak	Tak	Tak	Nie
S	Tak	Tak	Tak	Tak	Nie
U	Tak	Tak	Tak	Tak	Tak
M	Tak	Tak	Tak	Tak	Tak
K	Nie	Nie	Tak	Tak	Nie

Profile „pokrewieństwo i powinowactwo osoby zaginionej” (K) są porównywane wyłącznie z profilami „niezidentyfikowane szczątki ludzkie” (U) lub „osoby zaginione” (M).

Profil „niezidentyfikowane szczątki ludzkie” (U) jest również porównywany z zidentyfikowanymi profilami (P) i z niezidentyfikowanymi profilami (S+U+M).

2. Minimalne standardy jakości

W przypadku zautomatyzowanego przeszukania profili DNA zgodnie z art. 6 ust. 1 rozporządzenia (UE) 2024/982 wszystkie profile DNA porównuje się podczas pierwszego zautomatyzowanego przeszukania w momencie początkowego połączenia z routerem.

W przypadku zautomatyzowanego przeszukania profili DNA zgodnie z art. 6 ust. 2 i 3 rozporządzenia (UE) 2024/982 wymieniane nowe profile DNA muszą spełniać następujące standardy jakości.

Standardy jakości dla zidentyfikowanych profili DNA różnią się od standardów jakości dla niezidentyfikowanych profili DNA.

Standardy jakości mają zastosowanie wyłącznie do profili DNA wymienianych na podstawie rozporządzenia (UE) 2024/982 i przesyłanych przez podmioty pytające w celu zautomatyzowanej wymiany. Nie mają one zastosowania do przechowywania profili DNA w krajowej bazie danych.

Zidentyfikowane profile DNA (P) zawierają co najmniej 10 pełnych wyznaczonych loci autosomalnych, w tym 8 loci ESS i 2 dodatkowe pełne wyznaczone loci.

Niezidentyfikowane profile DNA (S, U i M) zawierają co najmniej 6 pełnych wyznaczonych loci autosomalnych. Nie określa się minimalnej liczby loci ESS, którą powinny zawierać niezidentyfikowane profile DNA.

Profile DNA niespełniające standardów jakości nie mogą zostać przesłane do porównania. Można je jednak udostępniać w celu ustalania zgodności z profilami otrzymanymi od podmiotów pytających. Wykaz podmiotów korzystających z tej możliwości określa się w podręczniku Prüm.

W celu zwiększenia trafności wszystkie dostępne allele przechowywane są w opatrzonej indeksem bazie danych profili DNA i wykorzystywane do porównania i weryfikacji. Każde państwo członkowskie powinno tak szybko, jak to będzie możliwe w praktyce, wdrożyć wszelkie nowe loci ESS przyjęte przez UE.

Rzadkie wartości alleli oznaczają wartości wykraczające poza zakres wartości wzorcowych zdefiniowanych dla danego zestawu DNA. Te istniejące wartości są podawane w formie, w jakiej istnieją, i nie są przekształcane w symbol wieloznaczny (*).

Profile mieszane są niedozwolone. Wartości alleli każdego locus będą składały się tylko z dwóch wartości, które mogą być takie same w przypadku homozygotyczności danego locus.

Jeśli chodzi o porządek wartości alleli danego locus, na pierwszej pozycji należy umieścić niższy allel, a na drugiej pozycji – wyższy. Kropkę należy stosować jako separator wartości alleli mikrowariantów.

W częściowym locus puste pola (puste miejsca) należy pozostawić w niezmienionej postaci, tj. nie należy ich zastępować.

Symbole wieloznaczne i mikrowarianty należy traktować z zastosowaniem następujących zasad:

- Symbol wieloznaczny nie może zastąpić brakującej wartości lub „pustego pola” w profilach DNA.
- W profilu DNA można użyć więcej niż jednego symbolu wieloznacznego.
- Należy wdrożyć funkcję ustalania zgodności, tak aby obie pozycje wartości numerycznych były sprawdzane, tj. aby umożliwić kontrolę obu wersji.
- Wyklucza się wszelkie wartości nienumeryczne alleli, z wyjątkiem amelogeniny.
- Wartości trialleliczne: Locus trialleliczny, zwłaszcza profilu referencyjnego, najczęściej wskazuje na przypadek rzadkiej wartości. Loci trialleliczne profilu śladu biologicznego mogą podważać to twierdzenie. Pierwszy allel zostanie zaakceptowany, a pozostałe dwa allele zostaną automatycznie przekształcone w celu wyeksportowania do symbolu wieloznacznego (*) i przeszukiwane, porównując ze wszystkimi. Aplikacje na stronach krajowych powinny dokonać takiego przekształcenia przed włączeniem locus triallelicznego do indeksowanej bazy danych DNA.
- Homozygotyczność: W przypadku homozygoty puste pole allelu należy zastąpić wartością drugiego allelu locus. Uwzględniając system CODIS, locus, np. z parą wartości „a”,”” zostaje przekształcony w parę wartości „a”, „a” przed wprowadzeniem do indeksowanej bazy danych DNA do celów przeszukania i porównania przez inne państwa członkowskie.
- Gdy na allel 1 lub 2 przypadają wartości symbolu wieloznacznego, przeszukane zostaną obydwie wersje wartości numerycznej podanej na dany locus (na przykład 12, * mogą zgadzać się z 12, 14 lub 9, 12).
- Formuły tolerancji dla mikrowariantów (Microvariant Tolerance Equations – MTE):
 - 1) Zgodność mikrowariantów pentanukleotydów (np. Penta D i Penta E) zostanie ustalona według następujących formuł:
 - $x = (x-1).4, x, x.1$
 - $x.1 = x, x.1, x.2$
 - $x.2 = x.1, x.2, x.3$
 - $x.3 = x.2, x.3, x.4$
 - $x.4 = x.3, x.4, x + 1$
 - 2) Zgodność mikrowariantów trinukleotydów (np. D22S1045) zostanie ustalona według następujących formuł:
 - $x = (x-1).2, x, x.1$
 - $x.1 = x, x.1, x.2$
 - $x.2 = x.1, x.2, x+1$
 - 3) Zgodność mikrowariantów tetranukleotydów (pozostałe loci to głównie tetranukleotydy) zostanie ustalona według następujących formuł:
 - $x = (x-1).3, x, x.1$
 - $x.1 = x, x.1, x.2$
 - $x.2 = x.1, x.2, x.3$
 - $x.3 = x.2, x.3, x + 1.$

3. Zasady ustalania zgodności (minimalna liczba loci)

Porównanie dwóch profili DNA jest dokonywane na podstawie loci, dla których w przynajmniej jednym profilu DNA dostępna jest para wartości alleli. W przypadku dwóch profili, w których częściowo wypelniono ten sam locus, ten częściowy locus nie jest porównywany łącznie.

Pełny wyznaczony locus zawiera wartości numeryczne lub symbol wieloznaczny i nie powinien zawierać żadnego pustego pola dla zastąpienia braków analitycznych.

Wartość liczby dopasowań oblicza się na podstawie dopasowań między dwoma pełnymi wyznaczonymi loci. Niedokładna zgodność w pełnych wyznaczonych loci oraz w częściowym locus stanowi podstawę do wykluczenia. Częściowy locus udostępnia się jako dodatkowe informacje na potrzeby analizy kryminalistycznej dopasowania, w celu określenia liczby przypadków niedokładnej zgodności i w celu wykluczenia wyników fałszywie dodatnich.

3.1. Zasady regularnego automatycznego ustalania zgodności

Zasady regularnego automatycznego ustalania zgodności mają zastosowanie do przeszukania według profili DNA „osoba zidentyfikowana” (P), „niezidentyfikowany ślad biologiczny” (S), „niezidentyfikowane szczątki ludzkie” (U) i „osoba zaginiona” (M).

Pełną zgodność (jakość 1) definiuje się jako taką, w przypadku której pewna liczba pełnych wyznaczonych loci numerycznych (z wyłączeniem amelogeniny i loci Y-STR) pokazuje identyczne dopasowanie, a wszystkie wartości alleli w porównywanych loci (pełnych wyznaczonych i częściowych) powszechnie zawartych w profilach DNA, o które się występuje i w profilach przesyłanych w odpowiedzi, są takie same.

Bliską zgodność (jakość 2, 3 i 4) definiuje się jako zgodność, w przypadku której w dwóch porównywanych profilach DNA różni się wartość tylko jednego z porównywanych alleli. Bliska zgodność obejmuje trzy kategorie różnic – między symbolami wieloznacznymi, mikrowariantami lub inną wartością numeryczną.

Pierwszy napotkany symbol wieloznaczny uznaje się za różnicę. Pozostałe symbole wieloznaczne należy brać pod uwagę tylko w przypadku, gdy w profilu, który ma zostać porównany, nie ma odpowiednich loci zawierających kolejne symbole wieloznaczne.

Przyczyną bliskiej zgodności może być:

- błąd w pisowni popełniony przez człowieka w chwili wpisywania jednego z profili DNA w zapytaniu dotyczącym przeszukania lub w bazie danych DNA,
- błąd w ustalaniu i typowaniu alleli w trakcie procedury generowania profilu DNA,
- zanik loci lub allelu wynikający ze zdegradowanych próbek DNA lub mutacji,
- użycie innej metody analizy,
- wynik fałszywie dodatni; niektóre profile nie są istotne ze względu na niską wartość różnicującą.

Określono cztery poziomy jakości, jeżeli chodzi o zgodność:

- **zgodność o jakości 1 (dokładna/pełna zgodność):** zgodność co najmniej 6 pełnych wyznaczonych loci ze wszystkimi tymi samymi wartościami numerycznymi alleli porównywanymi w obu profilach DNA, przy braku różnicy w jakichkolwiek dodatkowych wartościach,
- **zgodność o jakości 2 (bliska zgodność/symbol wieloznaczny):** zgodność co najmniej 6 pełnych wyznaczonych loci numerycznych przy dopuszczeniu co najmniej jednego symbolu wieloznacznego w celu zastąpienia rzadkich wartości alleli, które są dozwolone poza 6 pełnymi wyznaczonymi loci (6 pełnych + ≥ 1 symbol wieloznaczny),
- **zgodność o jakości 3 (bliska zgodność/mikrowariant):** zgodność co najmniej 6 pełnych wyznaczonych loci numerycznych przy dopuszczeniu jednej różnicy w przypadku mikrowariantu, która jest dozwolona poza 6 pełnymi wyznaczonymi loci (6 pełnych +1 mikrowariant),
- **zgodność o jakości 4 (bliska zgodność/niedokładna zgodność):** zgodność co najmniej 8 pełnych wyznaczonych loci numerycznych przy dopuszczeniu jednej różnicy (innej niż symbol wieloznaczny lub mikrowariant), która jest dozwolona poza 8 pełnymi wyznaczonymi loci (8 pełnych +1 różnica). Dopuszczalna jest tylko jedna wartość różnicy w jednym allelu jednego locus.

Podmioty mogą zdecydować, które poziomy jakości należy zweryfikować. Funkcja ustalania zgodności w interfejsie użytkownika może zostać skonfigurowana tak, aby wyświetlała wyłącznie te poziomy jakości zgodności, które podmiot chce zweryfikować.

Dwie wartości różnicy w dwóch różnych loci lub w tych samych loci profilu DNA prowadzą do braku zgodności.

Tabela 3

Opis poziomów jakości w zakresie zgodności

Sytuacja	Rezultat	Locus 1		Locus 2		Locus 3		Locus 4		Locus 5		Locus 6		Locus 7		Locus 8		Locus 9	
		Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2
Zgodność 1 locus	Brak zgodności	≡	≡	≠	≠	≠	≠	≠	≠	≠	≠	≠	≠						
Zgodność 2 loci	Brak zgodności	≡	≡	≡	≡	≠	≠	≠	≠	≠	≠	≠	≠						
Zgodność 3 loci	Brak zgodności	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≠	≠	≠	≠	≠	≠						
Zgodność 4 loci	Brak zgodności	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≠	≠	≠	≠						
Zgodność 5 loci	Brak zgodności	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≠	≠						
Zgodność >=6 loci & niedokładna zgodność >= 1 pełnego	Brak zgodności	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≠	≠				
Zgodność 6 loci & niedokładna zgodność >= 1 allelu	Brak zgodności	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≠	∅				
Zgodność 6 loci & niedokładna zgodność >= 1 allelu	Brak zgodności	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≠				
Zgodność 7 loci & niedokładna zgodność >= 1 allelu	Brak zgodności	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≠		
Zgodność 7 loci & niedokładna zgodność >= 1 allelu	Brak zgodności	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≠	∅		
Zgodność >= 6 loci	Zgodność Jakość 1	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡						
Zgodność >= 6 loci & zgodność >= 1 allelu	Zgodność Jakość 1	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	∅				
Zgodność >= 6 loci & symbol wieloznaczny >= 1 allelu	Zgodność Jakość 2	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	≡	*				

Sytuacja	Rezultat	Locus 1		Locus 2		Locus 3		Locus 4		Locus 5		Locus 6		Locus 7		Locus 8		Locus 9		
		Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2	Allel 1	Allel 2	
Zgodność ≥ 6 loci & różnica mikrowariantu = 1 allelu	Zgodność Jakość 3	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	n.x-1 n.x+1					
Zgodność ≥ 8 loci & niedokładna zgodność = 1 allelu	Zgodność Jakość 4	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	*
Zgodność ≥ 8 loci & niedokładna zgodność = 1 allelu	Zgodność Jakość 4	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	=	*	∅

Legenda

=	równe
*	różne
∅	puste/null
*	symbol wieloznaczny
n.x-1 n.x+1	różnica mikrowariantu

3.2. Zasady ustalania zgodności pod kątem pokrewieństwa i powinowactwa

Podmioty mogą zdecydować się na ustalenie zgodności pod kątem pokrewieństwa i powinowactwa. Wykaz podmiotów stosujących ustalenie zgodności pod kątem pokrewieństwa i powinowactwa określa się w podręczniku Prüm.

Przy ustalaniu zgodności pod kątem pokrewieństwa i powinowactwa kwerendy przetwarzane są w sposób półautomatyzowany.

Koncepcja ustalania zgodności pod kątem pokrewieństwa i powinowactwa opiera się na wykorzystaniu drzewa genealogicznego.

Profil „pokrewieństwo i powinowactwo osoby zaginionej” zawiera profile rodziców osoby zaginionej, dzieci osoby zaginionej, drugiego rodzica dzieci osoby zaginionej lub rodzeństwa osoby zaginionej i ogranicza się do tych profili. Rodzaj relacji podaje się w kwerendach.

3.2.1. Profil pokrewieństwa i powinowactwa oparty na jednym profilu

Profil pokrewieństwa i powinowactwa może zawierać jeden profil, bądź rodzica biologicznego, bądź biologicznego dziecka, z co najmniej 15 wyznaczonymi loci. Może również zawierać loci Y-STR i mtDNA do celów analizy kryminalistycznej.

Próg zgodności wynosi 15 pełnych wyznaczonych loci dopasowanych. Oprócz wartości liczby dopasowań podmiot pytający może obliczyć i wykorzystać wskaźnik prawdopodobieństwa do dalszego przetwarzania.

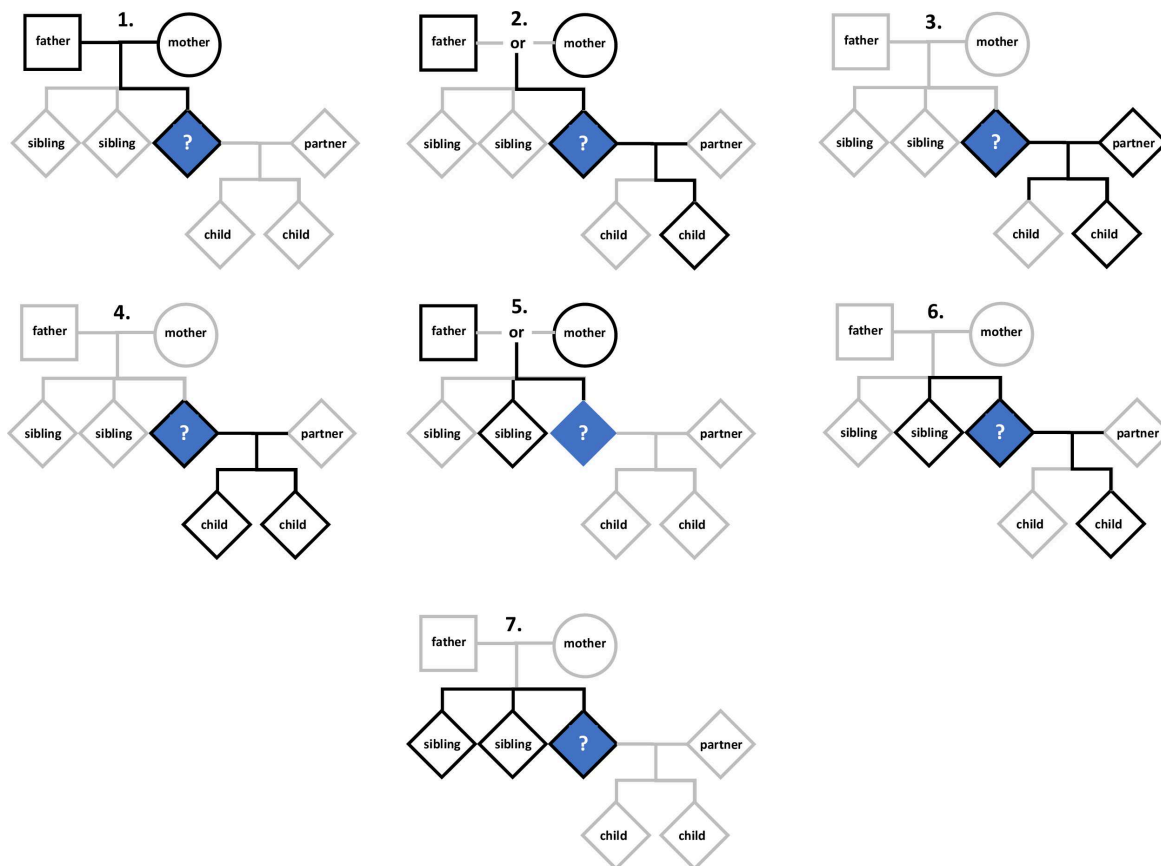
3.2.2. Profil pokrewieństwa i powinowactwa oparty na dwóch lub kilku profilach

Profil pokrewieństwa i powinowactwa może zawierać co najmniej dwa profile lub większą ich liczbę w następujących możliwych kombinacjach:

- 1) biologiczny ojciec + biologiczna matka;
- 2) biologiczny ojciec lub biologiczna matka + biologiczne dziecko;
- 3) biologiczne dziecko + drugi rodzic biologiczny tego dziecka;
- 4) biologiczne dziecko + inne biologiczne dziecko;
- 5) biologiczny ojciec lub biologiczna matka + biologiczny brat lub biologiczna siostra;
- 6) biologiczny brat lub biologiczna siostra + biologiczne dziecko;
- 7) biologiczny brat lub biologiczna siostra + inny biologiczny brat lub inna biologiczna siostra.

Tabela 4

Wizualizacja wszystkich możliwych kombinacji



Profil pokrewieństwa i powinowactwa oparty na dwóch profilach zawiera co najmniej 15 pełnych wyznaczonych loci. Może również zawierać loci Y-STR i mtDNA do celów analizy kryminalistycznej.

Próg zgodności wynosi 15 pełnych wyznaczonych loci dopasowanych. Oprócz wartości liczby dopasowań podmiot pytający może obliczyć i wykorzystać wskaźnik prawdopodobieństwa do dalszego przetwarzania.

Ustalanie zgodności pod kątem pokrewieństwa i powinowactwa nie ma zastosowania do „bliźniąt jednojajowych”, ponieważ profil identycznego bliźniaka jest bezpośrednio wykorzystywany jako profil osoby zaginionej.

Ustalanie zgodności pod kątem pokrewieństwa i powinowactwa jest stosowane wyłącznie w następujących czterech szczególnych przypadkach:

- „niezidentyfikowane szczątki ludzkie” (U) porównywany z „pokrewieństwo i powinowactwo osoby zaginionej” (K),
- „pokrewieństwo i powinowactwo osoby zaginionej” (K) porównywany z „niezidentyfikowane szczątki ludzkie” (U),
- „osoba zaginiona” (M) porównywany z „pokrewieństwo i powinowactwo osoby zaginionej” (K),
- „pokrewieństwo i powinowactwo osoby zaginionej” (K) porównywany z „osoba zaginiona” (M).

Porównanie profili „pokrewieństwo i powinowactwo osoby zaginionej” (K) ograniczone jest do profili „niezidentyfikowane szczątki ludzkie” (U) oraz „osoba zaginiona” (M).

Profile „niezidentyfikowane szczątki ludzkie” (U) oraz „osoba zaginiona” (M) można porównywać z profilami „pokrewieństwo i powinowactwo osoby zaginionej” (K), jeżeli odpytywane państwo członkowskie przyjęło wymagane przepisy krajowe.

Profil „pokrewieństwo i powinowactwo osoby zaginionej” (K) można porównywać z profilami „niezidentyfikowane szczątki ludzkie” (U) lub profilem „osoba zaginiona” (M), jeżeli odpytywane państwo członkowskie przyjęło wymagane przepisy krajowe.

4. Zasady sprawozdawczości

System podmiotów odpytywanych generuje dopasowania i odpowiadające im poziomy jakości, a także informacje o braku zgodności i przesyła te informacje podmiotowi pytającemu za pośrednictwem routera w ramach zautomatyzowanej procedury. Zgłoszenie zgodności może zawierać obliczony wskaźnik prawdopodobieństwa. Zgłoszenie zgodności przesyła się krajowemu punktowi kontaktowemu występującemu z wnioskiem. Zgłoszenie zgodności udostępnia się również krajowemu punktowi kontaktowemu, do którego skierowano wnioski, aby umożliwić mu oszacowanie charakteru i liczby ewentualnych dalszych wniosków o dalsze dostępne dane osobowe i inne informacje związane z profilem DNA odpowiadającym potwierdzonemu dopasowaniu.

Podmioty pytające nie rejestrują profili DNA otrzymanych od podmiotów odpytywanych w swoich krajowych bazach profili DNA. Podmioty pytające mogą rejestrować profil DNA otrzymany od podmiotu odpytywanego wyłącznie za uprzednią zgodą państwa członkowskiego, które przekazało dane, zgodnie z art. 50 ust. 1 rozporządzenia (UE) 2024/982.

5. Potwierdzenie dopasowania

Jedynie podmiot, który chce uzyskać zbiór danych podstawowych, jest zobowiązany do ręcznej weryfikacji i potwierdzenia dopasowania.

Krajowe punkty kontaktowe podmiotów pytających i podmiotów odpytywanych mogą kontaktować się ze sobą bezpośrednio do celów analizy kryminalistycznej.

Podmiot przekazujący dane podstawowe może ręcznie zweryfikować dopasowanie, jeżeli w krajowej bazie danych zarejestrowane są inne profile DNA odpowiadające tej samej osobie. Jeżeli w wyniku analizy kryminalistycznej stwierdza się, że inny profil DNA odpowiadający tej samej osobie zawiera dodatkowe loci, które wykluczają dopasowanie, podmiot informuje o tym pytające państwo członkowskie i nie przesyła danych podstawowych.

W przypadku zgodności co najmniej 8 pełnych wyznaczonych loci, niezależnie od poziomu jakości tej zgodności, zapytanie o dane podstawowe zawiera:

- 1) potwierdzenie, że wykwalifikowany członek personelu ręcznie zweryfikował dopasowanie zgodnie z art. 6 ust. 6 i 7 rozporządzenia (UE) 2024/982;
- 2) opis faktów i wskazanie przestępstwa leżącego u jego podstaw zgodnie z art. 47 ust. 1 lit. c) rozporządzenia (UE) 2024/982.

W przypadku zgodności 6 pełnych wyznaczonych loci lub 7 pełnych wyznaczonych loci, niezależnie od poziomu jakości tej zgodności, w miarę możliwości podmiot pytający przeprowadza dodatkową analizę profilu DNA.

Jeżeli przeprowadzenie dodatkowej analizy profilu DNA jest niewykonalne, zapytanie o dane podstawowe zawiera:

- 1) potwierdzenie, że wykwalifikowany członek personelu ręcznie zweryfikował dopasowanie zgodnie z art. 6 ust. 6 i 7 rozporządzenia (UE) 2024/982;
- 2) opis faktów i wskazanie przestępstwa leżącego u jego podstaw zgodnie z art. 47 ust. 1 lit. c) rozporządzenia (UE) 2024/982;
- 3) potwierdzenie, że akredytowane laboratorium kryminalistyczne zweryfikowało dopasowanie (*pole Tak/Nie*);
- 4) nazwę akredytowanego laboratorium kryminalistycznego;
- 5) nazwę zestawu(-ów) DNA wykorzystanego(-ych) do analizy profilu DNA, wykaz wartości alleli, w przypadku których potwierdzono dopasowanie i które nie zostały udostępnione w ramach zautomatyzowanej wymiany, oraz wszelkie dodatkowe informacje, które nie zostały udostępnione w ramach zautomatyzowanej wymiany.

Zapytanie w celu otrzymania danych podstawowych może również obejmować elektroferogram i obliczony współczynnik prawdopodobieństwa.

ROZDZIAŁ 3: Wymiana danych daktyloskopijnych

1. Minimalne standardy jakości

Dane daktyloskopijne muszą mieć minimalną rozdzielczość 500dpi.

Algorytm kompresji obrazu dla obrazów 500 dpi to Wavelet Scalar Quantisation (WSQ) o maksymalnym stopniu kompresji obrazu wynoszącym 1:15.

Format kompresji dla obrazów 1 000 dpi to JPEG2000.

Obraz danych daktyloskopijnych musi być rozpoznawalny dla kodera jako obraz danych daktyloskopijnych.

Jakość niewidocznych śladów linii papilarnych i śladów dłoni musi być wystarczająca, aby możliwa była ekstrakcja co najmniej 6 minucji.

W zestawach odcisków palców zachowana zostaje prawidłowa kolejność, bez duplikatów.

2. Odpowiednie normy europejskie lub międzynarodowe dotyczące wymiany danych daktyloskopijnych

Dane daktyloskopijne są przekazywane w kontenerze plików zgodnym ze standardem NIST. Plik NIST zawiera pola dotyczące danych daktyloskopijnych i inne pola dla danych alfanumerycznych, ale nie zawiera pól dotyczących wizerunków twarzy.

Specyfikacje kontenera pliku NIST określa eu-LISA na podstawie standardu wdrożonego przez Interpol. Eu-LISA dostosowuje istniejące formaty plików NIST i obsługuje nowe formaty plików NIST, aby zapewnić kompatybilność routera ze zmianami w odpowiednich normach.

Format pliku NIST jest weryfikowany przez odpowiednie podmioty i musi przejść tę weryfikację bez żadnych błędów.

Eu-LISA zapewnia wszystkim podmiotom narzędzie do zatwierdzenia formatu NIST w celu weryfikacji prawidłowego wdrożenia przez nie narzędzia do tworzenia plików NIST w ich krajowym zautomatyzowanym systemie identyfikacji daktyloskopijnej (AFIS).

3. Specyfikacje dotyczące przeszukania danych daktyloskopijnych

Przeszukanie danych daktyloskopijnych obejmuje osiem możliwych transakcji:

Wszystkie podmioty wdrażają cztery następujące transakcje:

- TP/TP: przeszukanie w celu porównania karty daktyloskopijnej z kartą daktyloskopijną,
- LT/TP: przeszukanie w celu porównania niewidocznych śladów linii papilarnych z kartą daktyloskopijną,
- TP/LT: przeszukanie w celu porównania karty daktyloskopijnej z niewidocznymi śladami linii papilarnych,
- LT/LT: przeszukanie w celu porównania niewidocznych śladów linii papilarnych z niewidocznymi śladami linii papilarnych.

Podmioty mogą wdrożyć cztery inne transakcje:

- PP/PP: przeszukanie w celu porównania odbitki dłoni z odbitką dłoni,
- LP/PP: przeszukanie w celu porównania śladu dłoni z odbitką dłoni,
- PP/LP: przeszukanie w celu porównania odbitki dłoni ze śladem dłoni,
- LP/LP: przeszukanie w celu porównania śladu dłoni ze śladem dłoni.

Dla każdej transakcji kwerendy dotyczącej danych daktyloskopijnych podmiot pytający może określić liczbę kandydatów przypadających na jedną transakcję odpowiedzi.

Maksymalna liczba kandydatów przypadających na jedną transakcję odpowiedzi nie może być wyższa niż 10.

Kandydaci zostają w sposób zautomatyzowany uszeregowani w formie listy, zgodnie z wynikami dopasowania uzyskanymi przez podmiot odpytywany.

Lista kandydatów zawiera co najmniej jeden odcisk palca, jedną odbitkę dłoni lub jeden obraz śladu dla każdego kandydata.

W przypadku transakcji porównania karty daktyloskopijnej z kartą daktyloskopijną odpytywany podmiot odsyła kandydatów, nie przekraczając ich maksymalnej liczby wskazanej przez pytający podmiot, przy czym dla każdego z kandydatów przesyła się kompletny zestaw odcisków palców. Nie dostarcza się powiązanych obrazów odbitek dłoni.

W przypadku transakcji porównania odblaski dłoni z odblaską dłoni odpytywany podmiot odsyła kandydatów, nie przekraczając ich maksymalnej liczby wskazanej przez pytający podmiot, przy czym dla każdego z kandydatów przesyła się dostępne obrazy odblaski dłoni. Odblaska dłoni, która uzyskała najwyższy wynik dopasowania, jest wyraźnie oznaczona. Nie dostarcza się powiązanych obrazów odblaski linii papilarnych palców.

W przypadku transakcji porównania niewidocznych śladów linii papilarnych z kartą daktyloskopijną odpytywany podmiot odsyła kandydatów, nie przekraczając ich maksymalnej liczby wskazanej przez pytający podmiot, przy czym dla każdego z kandydatów przesyła się dostępny zestaw odcisków palców. Odcisk palca w zestawie odcisków palców, który uzyskał najwyższy wynik dopasowania, jest wyraźnie oznaczony. Jeżeli zestaw odcisków palców nie jest dostępny, odsyłany jest odcisk palca, w przypadku którego stwierdzono dopasowanie. Szczegółowe przepisy dotyczące implementacji określa eu-LISA. Nie dostarcza się powiązanych obrazów odblaski dłoni.

W przypadku transakcji porównania śladu dłoni z odblaską dłoni odpytywany podmiot odsyła kandydatów, nie przekraczając ich maksymalnej liczby wskazanej przez pytający podmiot, przy czym dla każdego z kandydatów przesyła się dostępne obrazy odblaski dłoni. Odblaska dłoni, która uzyskała najwyższy wynik dopasowania, jest wyraźnie oznaczona. Nie dostarcza się powiązanych obrazów odblaski linii papilarnych palców.

W przypadku transakcji porównania karty daktyloskopijnej z niewidocznymi śladami linii papilarnych odpytywany podmiot odsyła kandydatów, nie przekraczając ich maksymalnej liczby wskazanej przez pytający podmiot, przy czym dla każdego z kandydatów przesyła się dostępne niewidoczne ślady linii papilarnych. Niewidoczne ślady linii papilarnych, które uzyskały najwyższy wynik dopasowania, są wyraźnie oznaczone.

W przypadku transakcji porównania odblaski dłoni ze śladem dłoni odpytywany podmiot może odesłać kandydatów, nie przekraczając ich maksymalnej liczby wskazanej przez pytający podmiot, przy czym dla każdego z kandydatów przesyła się dostępne obrazy śladu dłoni. Ślad dłoni, który uzyskał najwyższy wynik dopasowania, jest wyraźnie oznaczony.

W przypadku transakcji porównania śladu ze śladem, bądź palców bądź dłoni, odpytywany podmiot odsyła kandydatów, nie przekraczając ich maksymalnej liczby wskazanej przez pytający podmiot, przy czym dla każdego z kandydatów przesyła się dostępne obrazy śladów. Ślad, który uzyskał najwyższy wynik dopasowania, jest wyraźnie oznaczony.

Podmiot pytający może określić wskaźnik priorytetu dla każdej transakcji, jak określono w standardzie NIST. Jeżeli wskaźnika priorytetu nie określono, transakcję uznaje się za transakcję o najniższym priorytecie.

Odpytywany podmiot decyduje o sposobie realizacji wskaźnika priorytetu.

Rodzaje transakcji realizowanych przez każdy podmiot są określone w praktycznym podręczniku Prüm II, który zostanie przyjęty na podstawie art. 79 rozporządzenia (UE) 2024/982.

4. Kwoty transakcji (maksymalna liczba zaakceptowanych transakcji)

Każdy odpytywany podmiot określa w stosunku do każdego podmiotu pytającego maksymalną dzienną kwotę transakcji dotyczących danych daktyloskopijnych w odniesieniu do następujących rodzajów transakcji obejmujących zarówno odblaski linii papilarnych palców, jak i odblaski dłoni:

- przeszukanie w celu porównania odblaski z odblaską (TP/TP; PP/PP),
- przeszukanie w celu porównania śladu z odblaską (LT/TP; LP/PP),
- przeszukanie w celu porównania odblaski ze śladem (TP/LT; PP/LP),
- przeszukanie w celu porównania śladu ze śladem (LT/LT; LP/LP).

Każdy podmiot informuje pozostałe podmioty, eu-LISA i Komisję o maksymalnych kwotach dla każdego rodzaju transakcji. Każdy podmiot może tymczasowo lub na stałe zwiększyć te możliwości przeszukania w dowolnym momencie, w tym w pilnych przypadkach.

Odpytywany podmiot może odrzucić transakcję, jeżeli przekracza ona kwotę określoną przez odpytywany podmiot. Podmiot pytający jest informowany o odrzuceniu za pośrednictwem routera.

5. Rozdzielenie niewykorzystanych możliwości przeszukania

Odpytywany podmiot może rozdzielić swoje niewykorzystane dzienne transakcje przychodzące między inne podmioty w sposób ręczny lub zautomatyzowany.

Router zapewnia międzysystemowe transakcje umożliwiające regularne i automatyczne sprawdzanie aktualnego statusu transakcji przeprowadzonych w ciągu dnia wraz z informacją o liczbie transakcji pozostałych do osiągnięcia maksymalnej kwoty.

ROZDZIAŁ 4: Wymiana wizerunków twarzy

1. Minimalne standardy jakości

Przekazywane wizerunki twarzy zawierają tylko jedną twarz. Wizerunek nie może zawierać więcej niż jednej twarzy lub nie zawierać żadnej twarzy, aby zapobiec odrzuceniu lub błędom.

Wizerunek twarzy jest w miarę możliwości wstępnie przetwarzany, tak aby pokazać tylko jedną twarz.

Wizerunek twarzy ma dostateczną rozdzielczość i jakość, aby można go było wykorzystywać do zautomatyzowanego porównywania danych biometrycznych. Wymagane właściwości wizerunków twarzy definiuje eu-LISA.

Wizerunki twarzy są kompresowane przy użyciu standardów kompresji obrazów JPG (ISO/IEC 10918), JPEG 2000 (ISO/IEC 15444-1) lub PNG (ISO/IEC 15948 Portable Network Graphics) i systemu kodowania.

Wizerunki twarzy wykorzystuje się tak, jak są one przechowywane w bazach danych podmiotów. Zmniejszenie jest dozwolone tylko wtedy, gdy otrzymany plik NIST przekraczałyby maksymalny rozmiar pliku określony przez eu-LISA.

Zdjęcie sygnałiczne osoby w ujęciu frontalnym wykorzystywane do zautomatyzowanego przeszukania ma odległość co najmniej 60 pikseli między oczami.

Minimalne standardy jakości nie mają zastosowania do wizerunków twarzy przechowywanych w krajowych bazach danych. Mają one zastosowanie wyłącznie do wizerunków twarzy wykorzystywanych przez podmiot pytający do przeszukania bazy danych odpytywanego podmiotu.

2. Odpowiednie normy europejskie lub międzynarodowe dotyczące wymiany wizerunków twarzy

Dane referencyjne wizerunku twarzy są przekazywane w kontenerze plików zgodnym ze standardem NIST. Plik NIST zawiera pola dotyczące wizerunków twarzy i inne pola dla danych alfanumerycznych, ale nie zawiera pól dotyczących danych daktyloskopijnych.

Specyfikacje kontenera pliku NIST określa eu-LISA na podstawie standardu wdrożonego przez Interpol. Eu-LISA dostosowuje istniejące formaty plików NIST i obsługuje nowe formaty plików NIST, aby zapewnić kompatybilność routera ze zmianami w odpowiednich normach.

Format pliku NIST jest weryfikowany przez odpowiednie podmioty i musi przejść tę weryfikację bez żadnych błędów.

eu-LISA zapewnia wszystkim podmiotom narzędzie do zatwierdzenia formatu NIST w celu weryfikacji prawidłowego wdrożenia przez nie narzędzia do tworzenia plików NIST w ich krajowej bazie danych zawierającej wizerunki twarzy.

3. Specyfikacje dotyczące przeszukania wizerunków twarzy

Podmiot pytający może wykorzystywać wizerunki twarzy zidentyfikowanych osób oraz wizerunki twarzy niezidentyfikowanych osób, bądź w formie zdjęcia sygnałicznego bądź zdjęcia niesygnałicznego. Wizerunek twarzy może być wizerunkiem w ujęciu frontalnym, w półprofilu lub z profilu.

Transakcja kwerendy obejmuje tylko jeden wizerunek twarzy.

Przeszukanie wizerunków twarzy obejmuje cztery możliwe transakcje: (i) porównywanie zdjęcia sygnałicznego ze zdjęciem sygnałicznym; (ii) porównywanie zdjęcia niesygnałicznego ze zdjęciem sygnałicznym; (iii) porównywanie zdjęcia sygnałicznego ze zdjęciem niesygnałicznym; (iv) porównywanie zdjęcia niesygnałicznego ze zdjęciem niesygnałicznym.

Wszystkie podmioty wdrażają następujące transakcje:

- przeszukanie w celu porównania zdjęcia sygnałicznego ze zdjęciem sygnałicznym,
- przeszukanie w celu porównania zdjęcia niesygnałicznego ze zdjęciem sygnałicznym.

Podmioty mogą wdrożyć dwie inne następujące transakcje:

- przeszukanie w celu porównania zdjęcia sygnałicznego ze zdjęciem niesygnałicznym,
- przeszukanie w celu porównania zdjęcia niesygnałicznego ze zdjęciem niesygnałicznym.

Dla każdej transakcji kwerendy dotyczącej wizerunków twarzy podmiot pytający może określić liczbę kandydatów przypadających na jedną transakcję odpowiedzi. Maksymalna liczba kandydatów przypadających na jedną transakcję odpowiedzi, odsyłanych przez podmiot odpytywany, nie może być wyższa niż 30. W wyjątkowych przypadkach podmiot pytający może wystąpić o maksymalnie 100 kandydatów na jedną transakcję odpowiedzi. Do podmiotu pytającego należy ocena, czy występują wyjątkowe okoliczności.

Lista kandydatów zawiera kandydatów w liczbie określonej przez podmiot pytający w takim zakresie, jaki dopuszczają możliwości techniczne podmiotu odpytywanego.

Kandydaci zostają uszeregowani przez podmiot odpytywany w formie listy, w sposób zautomatyzowany, zgodnie z uzyskanymi wynikami.

Lista kandydatów zawiera wyłącznie dane referencyjne wizerunku twarzy, a dla każdego kandydata co najmniej jedną daną referencyjną wizerunku twarzy. Plik NIST zawierający dane referencyjne wizerunku twarzy może również zawierać odpowiednie metadane, które nie są danymi osobowymi, takie jak data i pochodzenie wizerunku twarzy.

Listy kandydatów mogą zawierać wielu kandydatów. Wizerunki różnych kandydatów mogą pochodzić od tej samej osoby.

Każdy kandydat znajduje się w jednym pliku NIST. Jeżeli w bazie danych odpytywanego podmiotu dostępnych jest wiele wizerunków twarzy tej samej osoby, wszystkie wizerunki mogą zostać włączone do tego samego pliku NIST. Dokładne zachowanie zależy od konfiguracji systemu wykorzystywanego przez odpytywany podmiot.

Podmiot pytający może określić wskaźnik priorytetu dla każdej transakcji, jak określono w standardzie NIST. Jeżeli wskaźnika priorytetu nie określono, transakcję uznaje się za transakcję o najniższym priorytecie.

Odpytywany podmiot decyduje o sposobie realizacji wskaźnika priorytetu.

Rodzaje wizerunków twarzy (zdjęcia sygnalityczne, zdjęcia niesygnalityczne, w ujęciu frontalnym, z profilu lub w półprofilu itp.) dostępne w bazach danych odpytywanych podmiotów oraz rodzaje transakcji realizowanych przez każdy podmiot określa się w podręczniku Prüm II.

4. Kwoty transakcji (maksymalna liczba zaakceptowanych transakcji)

Każdy podmiot odpytywany określa w stosunku do każdego podmiotu pytającego maksymalną dzienną kwotę transakcji dotyczących wizerunku twarzy według rodzajów transakcji:

- przeszukanie w celu porównania zdjęcia sygnalitycznego ze zdjęciem sygnalitycznym,
- przeszukanie w celu porównania zdjęcia niesygnalitycznego ze zdjęciem sygnalitycznym,
- przeszukanie w celu porównania zdjęć sygnalitycznych ze zdjęciami niesygnalitycznymi (w stosownych przypadkach),
- przeszukanie w celu porównania zdjęć niesygnalitycznych ze zdjęciami niesygnalitycznymi (w stosownych przypadkach).

Każdy podmiot informuje pozostałe podmioty, eu-LISA i Komisję o maksymalnych kwotach transakcji dotyczących wizerunku twarzy. Każdy podmiot może tymczasowo lub na stałe zwiększyć te możliwości przeszukania w dowolnym momencie, w tym w pilnych przypadkach.

Odpytywany podmiot może odrzucić transakcję, jeżeli przekracza ona kwotę określoną przez odpytywany podmiot. Podmiot pytający jest informowany o odrzuceniu za pośrednictwem routera.

5. Rozdzielenie niewykorzystanych możliwości przeszukania

Odpytywany podmiot może rozdzielić swoje niewykorzystane dzienne transakcje przychodzące między inne podmioty w sposób ręczny lub zautomatyzowany.

Router zapewnia międzysystemowe transakcje umożliwiające regularne i automatyczne sprawdzanie aktualnego statusu transakcji przeprowadzonych w ciągu dnia wraz z informacją o liczbie transakcji pozostałych do osiągnięcia maksymalnej kwoty.