

司法鉴定技术规范

SF/Z JD0105012—2018

个体识别技术规范

Specification of individual identification

2018-11-08 发布

2019-01-01 实施

中华人民共和国司法部公共法律服务管理局 发布

目 次

前言.....	II
引言.....	III
1 范围.....	1
2 规范性引用文件.....	1
3 术语和定义.....	1
4 基本要求.....	1
5 检验程序.....	2
6 系统评估.....	2
7 似然率计算.....	3
8 鉴定意见.....	4
9 鉴定文书.....	4
10 特别说明.....	4
参考文献.....	5

前 言

本技术规范按照GB/T 1.1-2009给出的规则起草。

本技术规范由司法鉴定科学研究院提出。

本技术规范由司法部公共法律服务管理局归口。

本技术规范起草单位：司法鉴定科学研究院、四川大学华西基础医学与法医学院、北京市公安局。

本技术规范主要起草人：李成涛、张素华、侯一平、刘雅诚、边英男、李莉、刘希玲。

本技术规范为首次发布。

引 言

本技术规范运用法医物证学、遗传学和统计学等学科的理论和技术，结合法医物证鉴定的实践经验而制订，为法医学进行个体识别DNA分型及结果评判提供科学依据和统一标准。

个体识别技术规范

1 范围

本技术规范规定了法医学DNA实验室进行个体识别的基本要求、检验程序、系统评估、似然率计算、鉴定意见和鉴定文书。

2 规范性引用文件

下列文件对于本文件的应用是不可少的。凡是注日期的引用文件，仅注日期的版本适用于本文件。凡是不注日期的引用文件，其最新版本（包括所有的修改单）适用于本文件。

GA/T 383-2014 法庭科学DNA实验室检验规范

SF/Z JD0105003-2015 法医SNP分型与应用规范

3 术语和定义

下列术语和定义适用于本文件。

3.1

个体识别能力 discrimination power, DP

在调查群体中随机抽取两个体，二者的遗传标记表型不相同的概率。

注：DP是评价遗传标记系统识别不同个体效能大小的指标，DP值越接近1，说明遗传标记区分无关个体的能力越强。

3.2

随机匹配概率 probability of matching, PM

特定遗传标记表型在群体中的估计概率。

注：PM值越接近0，说明这种组合表型在群体中碰巧匹配的可能性越小。

3.3

似然率 likelihood ratio, LR

评估遗传标记分型提供证据强度的指标。

注：数值上似然率是两个条件概率的比值，LR数值越大，越支持证据检材来源于某个个体的假设。

4 基本要求

4.1 鉴定机构应具有从事法医物证的执业范围，且应满足如下要求：

- a) 定期参加个体识别能力验证计划并考核合格；
- b) 对所有影响鉴定结果的人员岗位规定相应的能力要求，包括教育、资质、培训、专业知识、技能等，并保留相关记录；制定适宜的培训计划并组织实施；

- c) 依据鉴定方法和要求对鉴定人以及参与鉴定工作的人员进行监督,以评价其鉴定工作的符合性和满意程度;监督的结果应作为培训需求评价的依据之一;
 - d) 具有能识别样本的标识系统,并确保样本在鉴定过程期间能得到持续的识别;
 - e) 建立样本的运输、接收、处置、保护、存储、保留和/或清理的规定,应对接收、内部传递、处置、保留、返还和清理等过程进行记录,确保记录的完整性和可追溯性。
- 4.2 鉴定人应具有法医物证鉴定执业资格,熟悉并掌握个体识别的方法和原理,并能正确评价结果。
- 4.3 鉴定活动应包括检验(采样、DNA提取和纯化、DNA定量分析、PCR扩增与PCR产物分型)、系统评估、似然率计算、鉴定意见判断、鉴定文书撰写等环节。鉴定活动完毕后,应将各个环节的记录进行归档。

5 检验程序

5.1 采样要求

样本的采集、包装及保存应按照以下要点:

- a) 样本可以是血液(斑)或口腔拭子(唾液斑),也可以是其它人体生物学样本,如精液(斑)、带毛囊毛发、羊水、组织块等;
- b) 对于接受了外周血干细胞移植的被鉴定人,应避免采集其血样作为检验样本,宜取其口腔拭子(唾液斑)或毛发进行检验;
- c) 样本应分别包装,注明被鉴定人姓名、编号、采样日期等;
- d) 样本采集后应冷藏或冷冻保存。

5.2 DNA提取和纯化

按照GA/T 383-2014中附录A的方法执行。

5.3 DNA定量分析

按照GA/T 383-2014中6.1~6.3的方法执行。

5.4 PCR扩增与PCR产物分型

5.4.1 基因座

根据鉴定目的选用合适的遗传标记。

5.4.2 PCR扩增

应选用商品化的试剂盒进行PCR扩增,每批扩增均应有阳性对照样本(已知浓度和基因型的对照品DNA或以前检验过的、已知基因型的样本)以及不含人基因组DNA的阴性对照样本。PCR扩增体系与PCR扩增参数宜按试剂盒的操作说明书进行。

5.4.3 PCR产物分型与结果判读

使用遗传分析仪对PCR产物进行毛细管电泳。按照操作手册使用相关软件进行结果判读。

6 系统评估

采用遗传标记进行个体识别时，首先需要评估遗传标记鉴别无关个体的能力。对单个遗传标记而言，多态性程度越高，其识别无关个体的能力就越强，即个体识别能力越高。

常染色体遗传标记的个体识别能力计算公式：

$$DP = 1 - P_m = 1 - \sum_{i=1}^m f_i^2$$

式中： m 为某一遗传标记的表型数目， f_i 为第 i 个表型的频率， $\sum_{i=1}^m f_i^2$ 指调查群体中随机抽取两个无关个体在某一个基因座上二者表型纯粹由于机会而一致的概率。

上述公式是对于一个遗传标记而言的。个体识别不止使用一个遗传标记，一组相互独立的遗传标记联合使用，识别群体中不同个体的能力，即累积个体识别能力（total discrimination power, TDP）。

$$\begin{aligned} TDP &= 1 - (1 - DP_1) \times (1 - DP_2) \times (1 - DP_3) \times \dots \times (1 - DP_k) \\ &= 1 - P_{m_1} \times P_{m_2} \times P_{m_3} \times P_{m_4} \times P_{m_5} \times \dots \times P_{m_k} = 1 - \prod_{j=1}^k P_{m_j} \end{aligned}$$

式中： k 为遗传标记的数目， P_{m_j} 为检测系统中第 j 个遗传标记的 P_m 值， $\prod_{j=1}^k P_j$ 为检测系统中 k 个遗传标记的总 P_m 值。

7 似然率计算

法医学个体识别案件中，倾向于采用似然率来评估遗传分析提供的证据强度。数值上似然率是两个条件概率的比值，公式可表述为：

$$LR = \frac{\Pr(E | H_p)}{\Pr(E | H_d)}$$

式中：用竖线分开事件与条件，竖线左边为事件，右边为条件。

例如：现场血痕DNA和一名嫌疑人血样DNA表型组合均为E，可以考虑两种假设：①现场血痕是嫌疑人所留（原告假设 H_p ）；②现场血痕是一个与案件无关的随机个体所留（被告假设 H_d ）。分子 $\Pr(E|H_p)$ 为原告假设 H_p 条件下获得证据DNA图谱的概率，分母 $\Pr(E|H_d)$ 为被告假设 H_d 条件下获得证据DNA图谱的概率。其中，原告假设（ H_p ）在样本来源单一的情况下，DNA分型应该是匹配的，即 $H_p=1$ ；被告假设（ H_d ）条件下获得证据DNA图谱的概率为随机匹配概率（PM），当检测一组遗传标记时，则为累积匹配概率（cumulative match probability, CPM），则上述公式可简化为 $LR = \frac{1}{CPM}$ 。统计学上LR在数值

上超过1，支持原告假设（ H_p ）；反之，如果小于1，则支持被告假设（ H_d ）。在法医学个体识别实践中，当LR在数值上超过全球人口总数时，表明证据有足够强度支持原告假设（ H_p ）。

（I）常染色体遗传标记的PM值计算方法：

遗传标记显示为纯合子（AA）： $PM = p_A \times p_A$

遗传标记显示为杂合子（AB）： $PM = 2 \times p_A \times p_B$

式中： p_A 为等位基因A的频率， p_B 为等位基因B的频率。

（II）CPM值计算方法：

当检测一组相互独立的遗传标记：

$$CPM = PM_1 \times PM_2 \times PM_3 \times \dots \times PM_k$$

式中：k为遗传标记的数目， PM_k 为检测系统中第k个遗传标记的PM值。

8 鉴定意见

8.1 鉴定意见是依据DNA分型结果，对样本是否来自同一个体作出的判断。

8.2 以上述应用案例为例，如果现场血痕样本与嫌疑人的血样DNA分型结果不一致，鉴定意见可表述为“排除两者来自同一个体”。

8.3 以上述应用案例为例，如果现场血痕样本与嫌疑人的血样DNA分型结果一致，则需计算LR，鉴定意见可表述为“支持两者来源于同一个体，LR值为XXX”。

9 鉴定文书

9.1 鉴定人根据检验结果、LR计算结果和鉴定意见撰写鉴定文书。

9.2 鉴定文书的格式要求宜按照主管部门或司法鉴定标准化委员会颁布的相关规范执行。

10 特别说明

10.1 本技术规范中用于个体识别的遗传标记包括STR和SNP。SNP的分型与应用规范见“法医SNP分型与应用规范（SF/Z JD0105003-2015）”。

10.2 从事法医学个体识别的实验室应建立一套有效的质量控制体系；应建立实验室相关人员遗传信息的排查数据库；应每年至少参加一次能力验证或实验室间比对，以维持实验室的检测能力。

参 考 文 献

- [1] 侯一平. 法医物证学[M]. 北京:人民卫生出版社, 2016.
- [2] 李成涛, 侯一平等. 英汉法医遗传学词典[M]. 北京:科学出版社, 2012.
- [3] JOHN M BUTLER. ADVANCED TOPICS IN FORENSIC DNA TYPING [M]. USA:Elsevier Inc, 2015.
- [4] Desmarais D, Zhong Y, Chakraborty R, et, al. Development of a highly polymorphic STR marker for identity testing purposes at the human androgen receptor gene (HUMARA) [J]. J Forensic Sci, 1998, 43(5): 1046-1049.
- [5] Buckleton JS, Evett IW, Weir BS. Setting bounds for the likelihood ratio when multiple hypotheses are postulated [J]. Sci Justice , 1998, 1(38): 23-26.
- [6] Buckleton J, Triggs CM. Relatedness and DNA: are we taking it seriously enough? [J]. Forensic Sci Int, 2005, 152 (2-3): 115-119.
-