

中华人民共和国国家标准

GB/T 43642—2024

法医学个体识别技术规范

Technical specification of forensic personal identification

2024-03-15 发布

2024-07-01 实施

国家市场监督管理总局
国家标准化管理委员会 发布

目次

前言 I

1 范围 1

2 规范性引用文件 1

3 术语和定义 1

4 缩略语 2

5 总体要求 2

6 检验程序 2

7 似然率计算 3

8 鉴定意见 4

9 鉴定文书 4

附录 A（规范性） 累积个体识别能力计算 5

参考文献..... 6



前 言

本文件按照 GB/T 1.1—2020《标准化工作导则 第 1 部分：标准化文件的结构和起草规则》的规定起草。

请注意本文件的某些内容可能涉及专利。本文件的发布机构不承担识别专利的责任。

本文件由中华人民共和国司法部提出并归口。

本文件起草单位：司法鉴定科学研究院、复旦大学、四川大学、中山大学、北京市公安局、最高人民检察院检察技术信息研究中心。

本文件主要起草人：李成涛、张素华、侯一平、孙宏钰、刘雅诚、谢建辉、李元元、何晓丹。



法医学个体识别技术规范

1 范围

本文件规定了对法医生物检材进行个体识别的总体要求,提供了检验程序、似然率计算、鉴定意见和鉴定文书。
本文件适用于实验室开展法医生物检材的个体识别活动。

2 规范性引用文件

下列文件中的内容通过文中的规范性引用而构成本文件必不可少的条款。其中,注日期的引用文件,仅该日期对应的版本适用于本文件;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 1162 法医生物检材的提取、保存、送检规范
GA/T 1163 人类 DNA 荧光标记 STR 分型结果的分析及应用
SF/T 0069 法医物证鉴定实验室管理规范
SF/T 0134 法医学生物检材核酸提取技术规范

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 personal identification
通过对生物检材/样本的遗传标记检验鉴定,判断生物检材/样本是否来源于同一个体。
[来源:GA/T 1972—2021,3.68]

3.2

个体识别能力 discrimination power; DP
在调查群体中随机抽取两个个体,二者的遗传标记表型不相同的概率。
注:计算见公式(1)。

$$DP = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2 \dots\dots\dots (1)$$

式中:
 n —— 某一遗传标记的表型数目;
 P_i —— 该群体中第 i 个表型的频率;
 $\sum_{i=1}^n P_i^2$ —— 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。

3.3

匹配概率 probability of matching; PM
随机匹配概率 random match probability; RMP
假定生物检材来源于调查群体中的随机个体时,获得特定遗传标记表型的概率。匹配概率数值上等于该遗传标记表型在调查群体中的估计频率 $P(X)$ 。
注:常染色体单个遗传标记表型为纯合子(AA)的 PM 值计算见公式(2),表型为杂合子(AB)的 PM 值计算见公式(3)。

$$PM = 1 \times P(X) = p_A^2 \dots\dots\dots (2)$$
$$PM = 1 \times P(X) = 2 p_A p_B \dots\dots\dots (3)$$


式中：
 p_A ——等位基因 A 的频率；
 p_B ——等位基因 B 的频率。

3.4

累积匹配概率 cumulative probability of matching; CPM

当采用包含多个相互独立遗传的遗传标记对生物检材进行检测时,各遗传标记随机匹配概率(3.3)的乘积。

注：计算见公式(4)。


$$CPM = 1 \times P(X) = P(X_1) \times P(X_2) \times P(X_3) \times \cdots \times P(X_k) \dots\dots\dots (4)$$

式中：
 k ——遗传标记的数目；
 $P(X_k)$ ——检测系统中第 k 个遗传标记表型在调查群体中的估计频率。

3.5

似然率 likelihood ratio; LR

评估遗传标记表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,越支持物证检材来源于某个个体的假设。

4 缩略语

下列缩略语适用于本文件。
PCR:聚合酶链式反应(Polymerase Chain Reaction)
STR:短串联重复序列(Short Tandem Repeats)

5 总体要求

- 5.1 鉴定机构应具有从事法医物证鉴定的执业资质。
- 5.2 鉴定人应具有从事法医物证鉴定的执业资格。
- 5.3 实验室的基本要求以及样本管理、设备管理、质量管理等应符合 SF/T 0069 的规定。
- 5.4 鉴定活动应包括但不限于检验(采样、DNA 提取和纯化、DNA 定量分析、PCR 扩增与 PCR 产物分型)、鉴定意见出具、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。
- 5.5 法医学个体识别活动中应对使用的检测系统进行累积个体识别能力计算,计算方法按照附录 A。
- 5.6 法医学个体识别活动中,当两个或多个生物物证检材所获得的遗传标记表型相同时,应计算似然率,采用似然率来评估遗传分析提供的证据强度。

6 检验程序

6.1 采样

样本的采集、包装及保存符合以下要求：
a) 样本一般为血液(斑)、唾液(斑)、口腔拭子、带毛囊毛发,或其他人体生物学样本,如精液(斑)、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,不宜采集其血样作为检验样本,宜取其口腔拭子、

- 唾液、毛发、指甲等；
- c) 样本应分别包装，进行唯一性标识并注明样本类型、采样日期、采集人等；
- d) 样本的提取、保存与送检按照 GA/T 1162 执行。

6.2 DNA 提取和纯化

按照 SF/T 0134 方法执行。

6.3 DNA 定量分析

按照 SF/T 0134 方法执行。

6.4 PCR 扩增与 PCR 产物分型

6.4.1 遗传标记

在进行个体识别鉴定时，以下常用的 19 个常染色体 STR 基因座为首选基因座：vWA、D21S11、D18S51、D5S818、D7S820、D13S317、D16S539、FGA、D8S1179、D3S1358、CSF1PO、TH01、TPOX、Penta E、Penta D、D2S1338、D19S433、D12S391、D6S1043。

根据实际情况还可补充其他常染色体、X 染色体、Y 染色体或线粒体 DNA 遗传标记检验，综合进行判断。

6.4.2 PCR 扩增

应选用商品化的试剂盒对遗传标记进行 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。

6.4.3 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并按照 GA/T 1163 进行结果判读。

7 似然率计算

法医学个体识别案件中，当两个或多个生物物证检材所获得的遗传标记表型相同时，应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，计算见公式(5)：

$$LR = \frac{P_r(E | H_p)}{P_r(E | H_d)} \dots\dots\dots (5)$$

式中：

- $P_r(E | H_p)$ ——原告假设(H_p)条件下获得证据 DNA 图谱(E)的概率；
- $P_r(E | H_d)$ ——被告假设(H_d)条件下获得证据 DNA 图谱(E)的概率。

示例：

检测某个遗传标记，现场血痕 DNA 和一名嫌疑人血样 DNA 表型均为 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 ）。公式(5)中 $P_r(E | H_p)$ 为 $1 \times 1 = 1$ ； $P_r(E | H_d)$ 即匹配概率，为 $1 \times PM$ 。因而， $LR = 1/PM$ 。

检测一组遗传标记时，公式(5)可简化为 $LR = 1/CPM$ 。

注：统计学上 LR 在数值上超过 1，支持原告假设(H_p)；LR 在数值上小于 1，支持被告假设(H_d)。

8 鉴定意见

- 8.1 鉴定人应根据检验结果形成鉴定意见。
- 8.2 前后两次或多次采集的生物检材的遗传标记表型不一致,鉴定意见宜表述为“排除×××检材与×××检材来源于同一个体”;采集的生物检材与案件相关人员(嫌疑人或受害人)比对样本的遗传标记表型不一致,鉴定意见宜表述为“排除该检材来源于×××”。
- 8.3 前后两次或多次采集的生物检材之间或生物检材与比对样本之间的遗传标记表型一致,则需计算LR。实践中一般建议LR值大于全球人口总数,鉴定意见宜表述为“支持×××检材与×××检材来源于同一个体,LR值为×××”;采集的生物检材与案件相关人员(嫌疑人或受害人)比对样本的遗传标记表型一致,鉴定意见宜表述为“支持该检材来源于×××,LR值为×××”。

9 鉴定文书

- 鉴定文书的格式宜按照主管部门的规定或相关标准执行,且内容符合以下要求:
- a) 描述所使用的检测系统(包括但不限于检测系统的遗传标记数目、遗传标记名称、累积个体识别能力)、遗传标记检测结果等;
 - b) 按照第8章的规定给出鉴定意见。

附 录 A
(规范性)
累积个体识别能力计算

法医学个体识别不止使用一个遗传标记,因而有必要知道检测系统使用的全部遗传标记区分群体中无关个体的能力,即累积个体识别能力(Cumulative Discrimination Power, CDP)。CDP 计算按照式(A.1)。

$$\begin{aligned} \text{CDP} &= 1 - (1 - \text{DP}_1) \times (1 - \text{DP}_2) \times (1 - \text{DP}_3) \times \cdots \times (1 - \text{DP}_k) \\ &= 1 - Q_1 \times Q_2 \times Q_3 \times \cdots \times Q_k = 1 - \prod_{j=1}^k Q_j \qquad \cdots \cdots \cdots (A.1) \end{aligned}$$

- 式中:
- DP_k ——第 k 个遗传标记的个体识别能力;
 - k ——检测系统的全部遗传标记数目;
 - Q_j ——调查群体中随机抽取两个无关个体在第 j 个遗传标记的表型纯粹由于机会而一致的概率;
 - $\prod_{j=1}^k Q_j$ ——检测系统中 k 个遗传标记的累积 Q 值。



参 考 文 献

[1] GA/T 1972—2021 法医物证检验术语

[2] 侯一平. 法医物证学[M]. 4 版.北京:人民卫生出版社, 2016.

[3] 李成涛, 侯一平. 英汉法医遗传学词典[M]. 北京:科学出版社, 2012.

[4] John M Butler. Advanced topics in forensic DNA typing [M]. USA;Elsevier Inc, 2015.

[5] 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.

[6] 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.

[7] Buckleton J, Triggs CM. Relatedness and DNA: are we taking it seriously enough? [J]. Forensic Sci Int, 2005, 152 (2-3): 115-119.

[8] 法医类司法鉴定执业分类目录(中华人民共和国司法部)



