

出國報告（出國類別：會議）

赴波蘭克拉科夫參加「2015 國際基因鑑識 研討會(ISFG)第 26 屆年會」心得報告

服務機關：法務部調查局（鑑識科學處）

姓名職稱：吳芳親，調查專員

派赴國家：波蘭

出國期間：2015 年 08 月 29 日至 09 月 07 日

報告日期：2015 年 10 月 07 日

摘要

國際基因鑑識學會於104年8月31日至9月5日假波蘭克拉科夫亞捷隆大學會議中心舉行第26屆國際會議，計有美、英、德、法、波蘭、臺灣等53國約五百餘人參加。會議學科主題有：人類基因鑑識於犯罪偵查之研析、族系基因標記研究、DNA表現型鑑定、藥物遺傳學、生物跡證來源檢測學、族群基因學、生物統計學、祖先基因追蹤學、非人類基因學、次世代基因分析儀於鑑識上之應用研究、DNA鑑定方法精進策略、國際基因資料庫資訊交流、品管標準認證、倫理發表鑑識文章與教育訓練等十五項領域，分為專題演講及海報展示2部分進行，本局派1員參加並發表論文。

本次研討會共計有56個研討報告，408篇壁報論文發表，內容涵蓋：STR鑑識之發展史、SNP在鑑識上之應用、次世代定序儀(Next Generation Sequencing【NGS】)於鑑識上之運用效益、NGS於混合型DNA之解析效能、Y染色體全基因序列解析、Y染色體DNA混合型別解析、基因於疾病診斷之預防、DNA甲基化與年齡關聯性研究、年齡基因之研究、皮膚及眼睛顏色基因與祖先來源研究、DNA型態預測嫌犯外表形態、DNA統計評估指數對法庭定罪之影響、應用DNA鑑定技術研判血跡殘留時間、混合型DNA與嫌犯DNA關聯性之鑑別、植物DNA與刑事案件關聯性研究、土壤成分與案件關聯性之研究、直接免DNA萃取PCR技術於微物證據鑑識之運用、DNA檢體儲存環境對檢出率之探討、檢體DNA來自身體何種部位之研究、分析微量DNA應注意事項及評審科學文章之作為等，會議內容豐富充實，可供吸收借鏡的地方甚多，讓本局與會人員獲益匪淺。

妨害性自主案件一直是刑事案件偵查軸心之一，雖然時空一直在轉變，該類案件仍有增無減，近3年來之國際鑑識研討會均會以精進分析該類案件混合型DNA為研究重心，力圖有效分辨混合型DNA各別型別之來源，以提升DNA識別力，為解決此方面技術困境，次世代序列分析技術應運而生，目前正處啟蒙階段，他日技術純熟，有可能分辨出混合型DNA各別型別之來源，明確指出受害人及嫌犯各別之DNA型別及於混合型中所占的比例，將鑑定案之DNA完美檢出，使為惡者無所遁形，依律伏法，以彰司法正義。

與會期間，與各國鑑識實驗室專家意見交流，咸認為研究成果的品質對期刊之水準的維持相當重要，評審員要本著專業與良知進行審查，對於實驗設計不

良，研究成果不佳之論文，要勇於退件，絕不讓品質低劣之文章刊出，以免降低知識水平。

求知若飢渴，學習是有知的開始，許多新知及技術均是經由學習及學術交流，而習得及提升進步，國際期刊每年發表的文章數以萬計，以本處同仁之人力物力不可能讀盡所有的重要文獻，為有效獲得新知及技術，惟有透過分工合作，始能事半功倍，應用類似讀書會或研習會的方式，將有助於鑑識的科學文獻以小組分門別類方式研究透徹，再由小組推派代表做完整報告，讓本局所有鑑識人員分享新知識及技術，以提升本局鑑識之工作水準。

古云：「學以致其道」，此次參加國際研討會有助增長見聞，並進行學術交流，增進學習機會，將所學的再應用於鑑定案件上，達到學以致用之真義。

關鍵詞：國際基因鑑識學會，DNA，基因學。

赴波蘭克拉科夫參加「2015 國際基因鑑識研討會(ISFG)第 26 屆年會」心得報告

目 次

壹、目的.....	1
貳、過程.....	1
參、心得及建議事項.....	11
肆、本局與會人員論文附錄.....	14

壹、目的：

依據法務部暨所屬機關 104 年度出國計畫，參加 104 年 8 月 31 日至 9 月 5 日在波蘭克拉科夫亞捷隆大學大會議廳（The Auditorium Maximum of the Jagiellonian University in Krakow, Poland）舉行之 2015 國際基因鑑識研討會(ISFG)第 26 屆年會(The International Society for Forensic Genetics 【ISFG】：26th Congress of the International Society for Forensic Genetics)，主要目的是藉此與會時機，參加研討、參觀相關現代科學鑑識儀器展，及發表有關本局鑑識科學方面的研究論文 1 篇（臺灣地區居民之 Y 染色體 DNA 23 個短片段縱列重複性基因座多型性分析〔The polymorphisms of 23 DNA Y-STR loci in Taiwan residents., Fang-Chin Wu, MJIB, R.O.C.〕）與世界各國鑑識精英進行交流，希望能夠吸收國外鑑識科技新知，提昇研究能力，並能發掘引進新式之科技檢鑑儀器，使本局在鑑識品質與時效上更加精進，同時進行國際學術交流及展示我國鑑識科學水準。

貳、過程

一、參加會議過程概要：

(一)第 26 屆國際基因鑑識會議於 104 年 8 月 31 日至 9 月 5 日在波蘭克拉科夫亞捷隆大學大會議廳舉行，與會人員來自美國、加拿大、波蘭、臺灣、香港、大陸、新加坡、南韓、日本、泰國、巴林、沙烏地阿拉伯、土耳其、馬來西亞、澳洲、紐西蘭、英國、德國、法國、白俄羅斯、蘇聯、立陶宛、瑞典、挪威、荷蘭、芬蘭、葡萄牙、西班牙、丹麥、比利時、希臘、捷克、義大利、瑞士、斯洛維尼亞、匈牙利、奧地利、克羅埃西亞、阿爾及利亞、巴西、阿根廷、哥倫比亞、南非、印度、塞普路斯、波士尼亞、克羅埃西亞、塞爾維亞、里約熱內盧、愛沙尼亞、厄瓜多爾、羅馬尼亞、及哥倫比亞等 53 國的鑑識專家、學者、教授、學生，約五百餘人參加。本局派調查專員吳芳親 1 名參加並發表論文，2015 年 8 月 31 日 9 時至波蘭克拉科夫亞捷隆大學大會議廳會場，進行報到註冊並領取資料，參加鑑識學會舉辦之研討會。



(波蘭克拉科夫亞捷隆大學大會議廳)

(二) 2015 年 9 月 1 日上午 9 時，赴大會議廳 2F 展示廳張貼論文海報，並研閱其他國家發表之論文。2015 年 9 月 1 日 19 時至 21 時在亞捷隆大學大會議廳參加開幕式及專題演講，會議由國際基因鑑識學會（The International Society for Forensic Genetics）主席 Tomasz Kupiec 主持。本次會議學科主題內容豐富，範圍廣泛，主要有：人類基因鑑識於犯罪偵查之研析（Human identification markers and their use in criminal cases and relationship testing）、族系基因標記研究（Lineage markers in forensics）、DNA 表現型鑑定（Forensic DNA phenotyping）、藥物遺傳學（pharmacogenomics）、生物跡證來源檢測學（molecular markers and methods used to identify DNA source, analysis of body fluids and tissues）、族群基因學（Population genetics）、生物統計學（Biostatistics）、祖先基因追蹤學（Ancestry informative and population sensitive markers and methods）、非人類基因學（Non-human DNA testing in forensic science）、次世代基因分析儀於鑑識上之應用研究（Application of next generation sequencing (NGS) in forensic genetics）、DNA 鑑定方法精進策略（DNA typing methods and strategies）、國際基因資料庫資訊交流（National DNA databases and exchange of DNA information）、品管標準認證

(Quality, standards and accreditation)、倫理發表鑑識文章 (Ethical and legal issues related to forensic genetics) 與教育訓練 (Education and training) 等十五項領域。會議分為專題演講及海報展示兩部分，研討會內容涵蓋廣泛鑑識科學相關領域，極適合從事 DNA 鑑識工作人員與會，以藉此吸收新知，結識國際傑出鑑識人才，本局與會人員發表有關 DNA Y STR 論文，能讓國際鑑識科學界對本局於 DNA 之鑑識能力有更多的認識。



(開幕會議與會情形)

(三)2015 年 9 月 2 日下午 16 時至 17 時，赴大會議廳 2F 展示廳，於本局發表之研究報告海報張貼處現場，接受參觀者之詢問交流。

本局調查專員吳芳親海報論文：

題目：臺灣地區居民之 Y 染色體 DNA 23 個短片段縱列重複性基因座多型性分析 (The polymorphisms of 23 DNA Y-STR loci in Taiwan residents, Fang-Chin Wu, MJIB, ROC.)。

簡介：臺灣 2,300 萬人口具有族群多元性，族群之 Y 染色體 23 個 DNA 短片段縱列重複性基因多型性極具研究價值。

目的：應用 Y 染色體 23 個 DNA 短片段縱列重複性基因多型性 (Y chromosome short tandem repeats, Y STRs) 分析臺灣男性居民之基因頻率，以利血緣關係鑑定案件父系親緣指數之統計分析。

材料與方法：蒐集臺灣地區無血緣關係 474 位男性自願者（均簽立參與研究同意書）之口腔黏膜細胞檢體。標的 DNA 稀釋成 0.5 ng/ μ L，應用 Promega 公司生產之 PowerPlex® Y23 套件分析 Y STRs。PCR 反應試劑：2 μ L 標的 DNA，2.5 μ L PowerPlex® Y23 10X Primer Pair Mix (primer set and DNA polymerase)，5 μ L PowerPlex® Y23 5X Master Mix (PCR reaction mix) 及 15.5 μ L Water (Amplification Grade)。PCR 條件為 96°C 2 分鐘 1 個循環，再者 94°C 10 秒、61°C 1 分鐘、72°C 30 秒 30 個循環，末為 60°C 20 分鐘 1 個循環。

結果與討論：從臺灣地區居民無血緣關係 474 位男性自願者之口腔黏膜細胞檢體，進行 Y 染色體 23 個 DNA 短片段縱列重複性基因多型性研究，分析獲得 453 個 Y 染色體單套體型別，其中有 432 個為獨一無二的單套體型別，另 21 個單套體型別分別發現有 2 個個體，單套體基因異質度為 0.9977，鑑識區別力為 0.9557。

本局論文海報展示照片

The polymorphisms of 23 DNA Y-STR loci in Taiwan residents.



(研究報告海報張貼展示期間 9 月 1 日至 9 月 5 日上午)

(四) 國際基因鑑識學會於西元 1968 年在德國美茵茨 (Mainz) 創立，以提升基因鑑識技術、學術交流、增進科學新知及國際合作為宗旨，每 2 年召開研討會一次，會員超過 1100 人，涵蓋超過 60 個國家。本次研討會共計有 56 個研討報告，408 篇壁報論文發表，內容涵蓋：STR 鑑識之發展史、SNP 在鑑識上之應用、次世代定序儀(Next Generation Sequencing 【NGS】)於鑑識上之運用效益、NGS 於混合型 DNA 之解析效能、Y 染色體全基因序列解析、Y 染色體 DNA 混合型別解析、基因於疾病診斷之預防、DNA 甲基化與年齡關聯性研究、年齡基因之研究、皮膚及眼睛顏色基因與祖先來源研究、DNA 型態預測嫌犯外表形態、DNA 統計評估指數對法庭定罪之影響、應用 DNA 鑑定技術研判血跡殘留時間、混合型 DNA 與嫌犯 DNA 關聯性之鑑別、植物 DNA 與刑事案件關聯性研究、土壤成分與案件關聯性之研究、直接免 DNA 萃取 PCR 技術於微物證據鑑識之運用、DNA 檢體儲存環境對檢出率之探討、檢體 DNA 來自身體何種部位之研究、分析微量 DNA 應注意事項及評審科學文章之作為等。自 2015 年 9 月 1 日下午起至 9 月 5 日會議期間與會人員在大會議廳參加學術演講吸收國外鑑識科技新知，另外也安排時間參觀科學鑑識儀器展，來瞭解現代鑑識儀器的發展現況。

二、演講及海報展示內容擇要摘錄：

(一)、評審科學文章之作為。

參考來源：該會學術演講資料

題目：「Reviewing scientific literature」作者 Butler J. M. (*National Institute of Standards and Technology, Gaithersburg, Maryland, USA*)。

內容摘要：

科學之益處源自於不同觀點之相互影響溝通，藉由發表文章，研究成果與全球的專家分享，發表文章須經過同儕評審通過，始得刊登於期刊上，研究成果的品質對期刊之水準的維持相當重要，評審員要本著專業與良知進行審查，對於實驗設計不良，研究成果不佳之論文，要勇於退件，絕不讓品質低劣之文章刊出，以免降低知識水平。

與會者均是學者專家，均應多多參與各種期刊的評審工作，不能因

為工作忙碌而不參與，因為藉由參與評審工作，可以發現他人實驗設計不足之處，當自己在試驗設計時即可更加周全，評審過程可使自己增廣見識，提升科學水準。

(二)、刺傷與 DNA 轉移

參考來源：該會學術演講資料

題目：「*Stabbing and DNA transfer*」作者 Samie L. (*School of Criminal Justice, University of Lausanne, Switzerland*)。

內容摘要：

現行檢驗技術分析微量 DNA 是可行的，技術的進步對混合物 DNA 更有完整的詮釋，尤其對污染源的控制，是 DNA 鑑識重要的一環。

刺傷案件之刀刃及刀柄殘留之 DNA 量若十分稀少，在採證、送驗及 DNA 鑑定過程中，往往有可能遭受污染而不自知，刀刃檢出之主要 DNA 型別往往為被害人的，刀柄檢出之 DNA 型別有可能為被害人及嫌疑犯的混合型，檢驗過程有污染也有可能為嫌疑犯及操作者的混合型，如此則不利於法庭參考 DNA 鑑定結果判決案件。操作者 DNA 污染型別被視為無相關之 DNA，排除犯案之可能，嫌疑犯 DNA 均被包含於混合型中，則有涉案可能，不能排除於事件之外。

(三)、土壤 DNA 鑑定之穩定性與再現性

參考來源：該會學術演講資料

題目：「*Robust and reproducible DNA typing of soils*」作者 Linacre A. (*School of Biological Sciences, Flinders University, Adelaide, Australia*)。

內容摘要：

土壤 DNA 很少拿來做刑事案件關聯性之參考，主要原因為土壤 DNA 缺乏穩定性與再現性，因為土壤中所含菌種因區域、天候及時間差異而有不同之分布，故在案件連結上價值性甚低。

為突破土壤 DNA 鑑定之不穩定性，應用巨量基因檢測法，找出獨特性菌種 DNA，比如說在命案現場區域找到 i 型 DNA，其他區域均無該

DNA，且在嫌犯鞋上泥土檢出該 DNA，則嫌犯到命案現場之可能性極高，嫌犯若辯稱未到命案現場則難以自圓其說，而證實嫌犯有涉案之可能，找到土壤中特殊性之 DNA 日後對刑事鑑識應用效益極大。

(四)、分辨混合型 DNA 貢獻者相關性

參考來源：該會學術演講資料

題目：「Distinguishing mixture donors from their relatives」作者 Slooten K.
(*Netherlands Forensic Institute, The Hague, The Netherlands*)。

內容摘要：

混合型 DNA 若由被害人與嫌犯比對，均相符者，則可計算其相關連指數 LR 值，若檢出混合型別不完全，或增加型別、或減少型別，易造成研判的失誤，因此研究每個 DNA 貢獻者會發生型別減少之特性，特別重要，明確知道貢獻者在 DNA 鑑定中之缺損現象，有助精算出 LR 值，可比較有相關及無相關者 LR 值之差異，正確指出涉案者，以彰鑑識正義，勿枉勿縱。

各類型之 DNA 混合型千變萬化，大多數有其常規可尋，但少部分卻有例外狀況，其因為 DNA 複製放大過程中，有異常黏合或黏合不良之現象，造成型別之增加或減少，精算扣除每一貢獻者之增加或減少之 LR 值，得到具可信賴之 LR 值，以降低誤判的風險。

(五)、離子激發 PGM 分析儀偵測 DNA 異質點位效益評估

參考來源：該會學術演講資料

題目：「Evaluation of heteroplasmy detection in the Ion Torrent PGM」作者
Goios A.(*Instituto de Investigacao e Inovacao em Saude, Universidade do Porto, Porto, Portugal*)。

內容摘要：

粒線體 DNA 異質點位在鑑識上偶會發現，異質點位在粒線體 DNA 資料庫紀錄往往被忽略，Sanger 序列分析法 (chain terminator) 敏感度不足，無法分析出異質點位，大量平行分析儀分析效能則優於 Sanger 序列分析

法，但其分析成本過於昂貴，但應用離子激發 PGM 分析儀分析異質點位符合經濟效益，雖無法同時處理大量檢體，但符合鑑識效益，操作簡單方便迅速，能有效分析異質點位，及其異質鹼基之含量比例。

(六)、尿液檢驗片之 DNA 抽提效能

參考來源：該會壁報論文資料

題目：「Efficiency of DNA extraction from urine test strips」作者 Tsukada K.
(*Department of Forensic Medicine, Criminal Investigation Laboratory, Nagano Pref. Police H.Q. Japan*)。

內容摘要：

煙毒案件之尿液於保存一段期間後，經常因 DNA 衰敗而無法檢出 DNA 型別，若於採驗之初，將部分尿液滴存於尿液檢驗片上乾燥保存，則其尿液 DNA 可有效被保存下來，可抽提到較高品質之 DNA，防止當事人誣指尿液被調包之爭議，從尿液檢驗片可同時檢驗 DNA 型別及煙毒反應，再與液體尿液交叉比對，以解決其爭議所在。

經測試尿液檢驗片之品質影響 DNA 檢出之效能甚大，高品質尿液檢驗片，有助於 DNA 之鑑定，可有效解決紛爭。

(七)、同父系血緣關係之 2 位女性於 12 X STR 中罕見多個基因座突變重組情形

參考來源：該會壁報論文資料

題目：「Paternity testing of two female siblings with Investigator Argus X-12 kit: a case with several rare mutation and recombination events」作者 Edelmann J. (*Institute of Legal Medicine, University of Leipzig, Germany*)。

內容摘要：

X STR 單套體型別組合相符，有助於同父異母姊妹之同父血緣關係之確認，若父已歿則可藉此證實二姊妹之同父血緣關係。

2 位同父同母之姊妹，其 29 個 STRs 與其父母之型別均無矛盾，與父親之 X STR 比對，發現 2 姊妹之 DXS10148 型別彼此矛盾且與父親矛盾，

加入母親之 X STR 型別，則發現 2 姊妹之 HPRTB 型別與母親矛盾，單依 2 姊妹之 X STR 型別有 1 至 2 型矛盾，即推定不具同父血緣關係，其風險性相當高。

(八)、應用桌上型 MiSeq 序列分析儀高量產出 STRs 及 SNPs 鑑識型別

參考來源：該會壁報論文資料

題目：「High-throughput sequencing of forensic STRs and SNPs using the MiSeq benchtop sequencer」作者 Xavier C. (*Institute of Legal Medicine, Medical University of Innsbruck, Innsbruck, Austria*)。

內容摘要：

次世代序列分析 (NGS) 技術持續增加對 DNA 鑑識之影響，複合式分析及極端解析效能，對混合物之分析有相當助益，可增加識別力及證物證據力，目前商用套件可分析 59 STRs (autosomal, X and Y-STRs) 及 172 SNPs，為新興之分析套件，高產量分析檢體為其優點，但套件昂貴則為其缺點。

(九)、三維式定量套件分析妨害性自主案件男女 DNA 含量

參考來源：該會壁報論文資料

題目：「New Y-Screen Assay using the Quantifiler Trio DNA Quantification Kit」作者 Olson S. (*Thermo Fisher Scientific, U.S.A.*)。

內容摘要：

妨害性自主案件之男女 XY、XX 含量比例分析，有助研判主次 DNA 型別，藉由分 X 及 Y 的含量比例，研判男女 DNA 各別所佔比例，譬如 Y DNA 於 PCR 後測得含量有 300 pg/μL，而 X DNA 含量有 500 pg/μL，扣除 300 pg/μL，得 XX 含量為 200 pg/μL，則 X 含量為 100 pg/μL，男性之 Y DNA 含量為女性 X DNA 含量之 3 倍，獲得混合型之主要型別來自男性，次要型別來自女性，其強度男性約為女性之 3 倍。

以往之 DNA 定量試劑僅能定量出全部 DNA 總含量，無法區分出男女 DNA 之各別含量，應用三維式定量套件可有效分析妨害性自主案件中混合

檢體男女 DNA 含量，進行 STR 分析時可做為男女型別判定的依據，降低誤判機率的發生。

(十)、超越 DNA 鑑定限制

參考來源：該會壁報論文資料

題目：「Beyond the limits of DNA typing」作者 Benschop C. (*Netherlands Forensic Institute, The Hague, The Netherlands*)。

內容摘要：

增加微量 DNA 檢出率之方法，有濃縮檢體 DNA 及增加 DNA PCR 複製放大的次數可應用，以期型別強度達到研判閾值之上。

至於妨害性自主案件混合檢體若因 DNA 含量少，無法進行細胞差異性萃取 DNA，可計算嫌犯 DNA 型別與混合型別之似然率，探究其相關性，連結犯罪之可能性，但有可能檢出之型別不完全，需注意假排除可能性的發生。

(十一)、混合物之連鎖基因

參考來源：該會壁報論文資料

題目：「Linked markers in mixtures」作者 Dørum G. (*Department of Chemistry, Biotechnology and Food Science, Norwegian University of Life Sciences, Aas, Norway*)。

內容摘要：

DNA 鑑識應用之基因座均以無基因連鎖者為首選，雖然基因連鎖可提升識別力，但對於家族基因研判則有失偏頗，尤其在 DNA X STR 常可發現基因連鎖現象，諸如 DXS10103 與 DXS10101 之基因連鎖現象，此現象在族群中有高頻率發生，不同族群發生頻率則有其差異性，族群內基因連鎖現象相當明顯。

若對基因連鎖無知的話，尤其基因連鎖不平衡時，會嚴重影響混合物 DNA 似然率的計算，使其值偏高，高估嫌犯涉案之可能性，具有基因連鎖不平衡之標記均應予注意剔除，不計算其相關似然率，以免誤判。

(十二)、理論與統計突變率之數學公式於鑑識的應用

參考來源：該會壁報論文資料

題目：「Theory and statistics of mutation rates : a mathematical framework reformulation for forensic applications」作者 Pinto N. (*Instituto de Investigação e Inovação em Saúde, Universidade do Porto, Porto, Portugal*)。

內容摘要：

DNA 突變率為鑑識基因學基本主題之一，有時計算親緣關係指數則有賴胚胎突變及細胞分裂突變，雖然有違孟德爾分離法則，但卻有助獲得真實之父子關係指數。

一般真實父子發生一級突變機率最多，二級突變機率次之，三級突變機率益少。例如由 9 型突變至 8 型為一級突變，其親緣指數為 $u / (4 f_8)$ ， u 為平均突變率、 f_8 為 8 型之分布頻率；10 型突變至 8 型為二級突變，其親緣指數為 $u / (40 f_8)$ ；11 型突變至 8 型為三級突變，其親緣指數為 $u / (400 f_8)$ 等，應用各種狀況公式分別計算其親緣指數，以求得真實的父權關係指數，提高研判父子關係的真實性。

參：心得及建議事項

一、心得

(一) 近 25 年來 DNA 發展可謂一日千里，電泳方式從銀染聚合膠到螢光毛細管膠，分析基因型別從一次 1 個 (D1S80) 到一次 20 餘個 (D3S1358、D1S1656、D6S1043、D13S317、Penta E、D16S539、D18S51、D2S1338、CSF1PO、Penta D、TH01、vWA、D21S11、D7S820、D5S818、TPOX、D8S1179、D12S391、D19S433 及 FGA) 同時被鑑定出，識別力從 30 餘% 提升至 99.99% 以上，在刑事證物鑑定及血緣關係鑑定應用日益廣泛，幾乎每案之生物性跡證均需靠 DNA 鑑定來解決問題，但 DNA 鑑識技術並不以此為滿足，今年來更發展出次世代序列分析技術，持續增加對 DNA 鑑識效能的提升，複合式分析及極端解析效能，力圖對混合

型 DNA 分析有所突破，以增加 DNA 識別力及證物證據力。目前商用套件可分析 59 STR 型別及 172 SNP 點位，為新興之分析套件，高產量分析檢體為其優點，但套件昂貴則為其缺點，如能降低其成本，未來有可能取代現行的毛細管電泳分析技術，屆時 DNA 鑑定技術將邁入另一新紀元。

- (二) 妨害性自主案件一直是刑事案件偵查軸心之一，雖然時空一直在轉變，該類案件仍有增無減，近 3 年來之國際鑑識研討會均會以精進分析該類案件混合型 DNA 為研究重心，力圖有效分辨混合型 DNA 各別型別之來源，以提升 DNA 識別力，為解決此方面技術困境，次世代序列分析技術應運而生，目前正處啟蒙階段，他日技術純熟，有可能分辨出混合型 DNA 各別型別之來源，明確指出受害人及嫌犯各別之 DNA 型別及於混合型中所占的比例，將鑑定案之 DNA 完美檢出，使為惡者無所遁形，依律伏法，以彰司法正義。
- (三) 本次國際會議學者 Butler J. M. (*National Institute of Standards and Technology, Gaithersburg, Maryland, USA*) 致力於鑑識技術之研究及文章之發表與審核，再三請求所有與會的鑑識專家，有機會要不吝於為期刊評審文章，為鑑識文獻嚴格把關，一要方可要求投稿者長進，另一方面評審者也可同時進步，可謂教學相長。本局鑑識同仁技術堪稱一流，鑑識專家及碩博士也不少，必然有機會為科學期刊評審稿件，只要有機會為期刊評審文章，應好好把握難得的機會，以提升本局國際學術地位。

二、建議事項

與會期間，與各國鑑識實驗室專家意見交流，咸認為研究成果的品質對期刊之水準的維持相當重要，評審員要本著專業與良知進行審查，對於實驗設計不良，研究成果不佳之論文，要勇於退件，絕不讓品質低劣之文章刊出，以免降低知識水平。

求知若飢渴，學習是有知的開始，許多新知及技術均是經由學習及學術交流，而習得及提升進步，國際期刊每年發表的文章數以萬計，以個人之人力物力根本不可能讀盡所有的重要文獻，要有效獲得新知及技術，惟有透過

通力合作分工，始能事半功倍，應用類似讀書會或研習會的方式，將有助鑑識的文獻以小組方式研究透徹，再由小組推派代表做完整報告，讓本局所有鑑識專家分享科學新知識及新技術，以提升本局鑑識之知識與能力。

古云：「學以致其道」，此次參加國際研討會有助增長見聞，並進行學術交流，增進學習機會，將所學的再應用於鑑定案件上，達到學以致用之真義。

The polymorphisms of 23 DNA Y-STR loci in Taiwan residents

Fang-Chin Wu^{1,*}, Chio-Jun Yeh¹, Meng-Yi Chen¹, Chi-Hsiang Chao¹, Chang-En Pu¹

¹ Department of Forensic Science for DNA typing, Investigation Bureau, Ministry of Justice,
New Taipei City, Taiwan, Republic of China

Abstract. The buccal swab samples from 474 unrelated male volunteers were collected for typing Y chromosome DNA in Taiwan. Allele and haplotype frequencies for the 23 Y-specific short tandem repeat (Y-STR) loci of DYS576, DYS389I, DYS448, DYS389II, DYS19, DYS391, DYS481, DYS549, DYS533, DYS438, DYS437, DYS570, DYS635, DYS390, DYS439, DYS392, DYS643, DYS393, DYS458, DYS385a/b, DYS456 and Y GATA H4 (PowerPlex® Y23 System, Promega) were determined in the population. A total of 453 haplotypes were identified, of which 432 haplotypes were unique, and 21 haplotypes were found in two individuals. The haplotype diversity was 0.9977, and the discrimination capacity was 0.9557.

Keywords: Taiwan; DNA; Y-STR

1. Introduction

Taiwan's population of about 23 million is heterogeneous and is made up of 95.5% Han Chinese, 2.2% new residents and 2.3% indigenous people. Han Chinese, who resides all over Taiwan, is composed of Holo (68.8%), Hakka (13.6%) and mainlander (13.1%) who arrived from China after World War II. Physical and cultural anthropology has led to the classification of some 16 different indigenous Taiwanese peoples with the total population of 538,439 [1]: Amis, Paiwan, Atayal, Bunun, Truku, Rukai, Puyuma, Tsou, Saisiyat, Yami (Tau), Kavalan (Kamalan), Thao, Sakizaya, Sediq (Sediq), Hlaalua and Kanakanafu, who resided around in the mountainous regions of Taiwan. Authors collected the samples of Han population to find out the polymorphisms of Y-STRs profiling.

* Corresponding author. Tel: 886-2-29112241 ext. 3742. Fax: 886-2-29138599.

E-mail address: wfcank@ms35.hinet.net. No. 74, Zhong-Hua Road, Xindian District, New Taipei City 23149, Taiwan, R.O.C.

2. Materials and methods

After obtaining consent, buccal swab samples were collected from 474 unrelated male volunteers of Han population residing in Taiwan.

Target DNA (0.5 ng/ μ L) was amplified by PCR, using the PowerPlex® Y23 System (Promega). Amplification was performed in 25 μ L reactions containing 2 μ L target DNA, 2.5 μ L PowerPlex® Y23 10X Primer Pair Mix (primer set and DNA polymerase), 5 μ L PowerPlex® Y23 5X Master Mix (PCR reaction mix) and 15.5 μ L Water (Amplification Grade) using a GeneAmp PCR System 9700 (Applied Biosystems) under the following conditions: 96°C for 2 min, followed by 30 cycles at 94°C for 10 sec, 61°C for 1 min and 72°C for 30 sec, with a final extension step at 60°C for 20 min. Electrophoresis of the PCR products was performed on the 3500xL Genetic Analyzer (Life Technologies). Alleles were named as suggested by the DNA Commission of the International Society of Forensic Genetics (ISFG) [2]. Allelic frequencies were estimated by direct counting. Gene and haplotype diversities were calculated according to Nei [3].

3. Results

Allele frequencies for the 23 Y-STRs were determined in the Han population residing in Taiwan (Table 1 and Table 2). A total of 453 haplotypes were identified, of which 432 haplotypes were unique, and 21 haplotypes were found in two individuals. The haplotype diversity was 0.9977, and the discrimination capacity was 0.9557.

4. Discussion

The discrimination capacities of Yfiler for the 474 persons, 170 Atayal [4], 208 Paiwan [5], 101 Amis [6], and Y10 for 582 Han [7] were 0.9346, 0.5823, 0.6490, 0.7821, and 0.8007 less powerful than Y23 respectively.

5. Conclusion

The more Y-STR loci were identified, the more powerful of the discrimination capacities

were gotten.

6. Role of funding

This study was supported by the Ministry of Science and Technology of the Republic of China, grant No. 104-1301-05-05-04, 104-1301-MJIB(F2)-02, protocol No. MJIBDNA10301 and JIRB No. 13-S-035.

7. Acknowledgements

We would like to appreciate our colleague Jiang, En-Wei for his assistance in collecting samples.

8. Conflict of interest statement: none conflict of interest.

9. References

- [1]Office of Information Services of the Executive Yuan of ROC, The Republic of China yearbook 2014, Office of Information Services Press, Taipei, 2015.
- [2]L. Gusmaõ, J.M. Butler, A. Carracedo et al., DNA commission of the international society of forensic genetics (ISFG): an update of the recommendations on the use of Y-STRs in forensic analysis, *Forensic Sci. Int.* 157 (2006) 187–197.
- [3]M. Nei, *Molecular evolutionary genetics*, Columbia University Press, New York, 1987.
- [4]F.C. Wu, C.W. Ho, C.E. Pu et al., Genetic polymorphisms of 17 Y-chromosomal short tandem repeat loci in Atayal population of Taiwan, *Croat. Med. J.* 50 (2009) 313–320.
- [5]F.C. Wu, C.W. Ho, C.E. Pu et al., Y-chromosomal STRs haplotypes in the Taiwanese Paiwan population, *Int. J. Legal Med.* 125 (2011) 39–43. DOI 10.1007/s00414-009-0416-x.
- [6]F.C. Wu, M.Y. Chen, C.H. Chao et al., Study on the genetic polymorphisms of Y chromosomal DNA short tandem repeat loci applied to analyzing the relative affinities

among ethnic groups in Taiwan, *Forensic Sci. Int.: Genetics Supplement Series 4* (2013) e69–e70.

[7]F.C. Wu, C.E. Pu, Multiplex DNA typing of short tandem repeat loci on Y chromosome of Chinese population in Taiwan, *Forensic Sci. Int.* (2001) 120: 213–222.

10. Tables

Table 1. Distribution of the alleles frequencies and the genetic diversity values of DYS576, DYS389I, DYS448, DYS389II, DYS19, DYS391, DYS481, DYS549, DYS533, DYS438, DYS437, DYS570, DYS635, DYS390, DYS439, DYS392, DYS643, DYS393, DYS458, DYS456 and Y GATA H4 of Han population in Taiwan ($N=474$).

locus	DYS 576	DYS 389 I	DYS 448	DYS 389 II	DYS 19	DYS 391	DYS 481	DYS 549	DYS 533	DYS 438	DYS 437	DYS 570	DYS 635	DYS 390	DYS 439	DYS 392	DYS 643	DYS 393	DYS 458	DYS 456	Y GATA H4	
4																0.00						
																2						
5																	0.00					
																2						
7					0.00											0.00						
					2											2						
8																	0.00					
																7						
9					0.02			0.00	0.01								0.04					
					6		2	5								4						
10	0.00				0.74	0.00	0.08	0.69		0.00					0.04	0.23						0.053
	2				4	9	8	5		2					2	6						
11	0.00				0.22	0.08	0.67	0.26							0.30	0.04	0.55	0.00				0.256
	9				3	4	3	9							5	4	8	4				
12	0.60				0.00	0.00	0.55	0.20	0.02						0.46	0.06	0.13	0.52				0.600
	3				4	4	8	3	0						4	0	0	5				
12.3																						
13	0.26				0.01		0.30	0.02		0.00					0.17	0.39	0.02	0.31		0.01		0.088
	3				8		2	0		9					0	1	2	6		5		
14	0.11				0.21		0.03	0.01		0.60	0.01				0.02	0.47		0.13	0.01	0.17		0.002
	5				2		8	1		7	3				0	5		2	3	2		
14.1																						0.00
																						7
15	0.00	0.00	0.00		0.50		0.00			0.37	0.03				0.02		0.02	0.20	0.50			
	4	9	4		1		9			3	8				4		2	3	6			
15.1																						0.00
																						2

16	0.08 4	0.00 9	0.19 2		0.00 9	0.11 3		0.14 1	0.17 9
16.1								0.00 2	
17	0.25 8	0.02 0	0.07 1		0.00 2	0.24 9	0.00 2	0.20 3	0.10 8
18	0.34 2	0.31 8	0.00 2			0.25 8	0.00 2	0.27 6	0.01 8
18.1		0.00 2							
18.2		0.00 7							
19	0.20 5	0.30 5				0.18 8	0.10 8	0.10 4	0.00 2
20	0.07 3	0.28 9				0.09 9	0.31 6	0.03 8	
21	0.03 1	0.04 2	0.01 5			0.03 1	0.32 0	0.01 1	0.00 7
21.3						0.00 2			
22	0.00 2	0.00 4	0.09 1		0.00 7	0.14 1	0.06 6	0.00 2	
23			0.36 6		0.00 2	0.05 7	0.39 7		
24		0.00 2	0.20 3			0.04 4	0.29 6		
25			0.13 5			0.00 7	0.21 6		
26		0.02 0	0.09 9				0.01 3		
27		0.09 9	0.04 4			0.00 2			
28		0.34 9	0.03 1						
29		0.27 2	0.01 5						
30		0.17 9							

31		0.06																					
		8																					
32		0.011																					
10,11								0.00															
								2															
14.1,1																						0.00	
																						2	
5																							
GD	0.76	0.55	0.72	0.75	0.66	0.39	0.78	0.58	0.49	0.44	0.49	0.81	0.76	0.70	0.66	0.61	0.61	0.60	0.80	0.67			0.563
	1	4	0	8	2	6	5	8	7	3	2	1	1	3	1	6	3	6	9	1			

GD: genetic diversity ($1 - \sum f_i^2$).

Table 2. Distribution of the genotype frequencies and the genetic diversity value of DYS385a/b of Han population in Taiwan ($N=474$).

genotype\locus DYS385		genotype\locus DYS385		genotype\locus DYS385		genotype\locus DYS385	
10,11	0.007	12,14	0.002	13,17	0.031	14,21	0.004
10,20	0.002	12,15	0.009	13,18	0.060	15,17	0.009
11,11	0.022	12,16	0.018	13,19	0.064	15,18	0.026
11,12	0.024	12,17	0.024	13,20	0.029	15,19	0.031
11,13	0.007	12,18	0.064	13,21	0.020	15,20	0.002
11,14	0.002	12,19	0.057	13,22	0.004	15,21	0.002
11,15	0.002	12,20	0.033	13,26	0.002	16,16	0.002
11,16	0.011	12,21	0.011	13,27	0.002	16,18	0.002
11,17	0.011	12,3,12.3	0.018	14,14	0.004	16,19	0.002
11,18	0.004	12,3,14	0.002	14,15	0.002	16,21	0.002
11,19	0.011	12,3,18	0.002	14,16	0.009	18,18	0.007
11,21	0.002	13,13	0.137	14,17	0.009	19,21	0.002
12,12	0.018	13,14	0.055	14,18	0.031	22,22	0.002
12,12.3	0.002	13,15	0.011	14,19	0.018		
12,13	0.040	13,16	0.007	14,20	0.004	GD	0.952