

[美] Ian W. Evett [美] Bruce S. Weir 著

黄代新 杨庆恩 刘超 主译

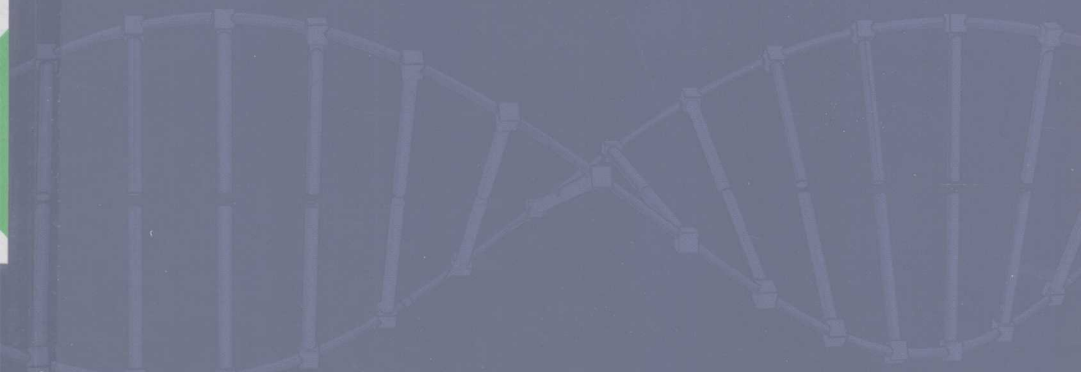
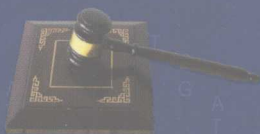


Interpreting DNA Evidence

DNA证据的解释

——法庭科学中的统计遗传学

Statistical Genetics for Forensic Scientists



中国人民公安大学出版社

DNA 证据的解释

——法庭科学中的统计遗传学

Interpreting DNA Evidence

Statistical Genetics for Forensic Scientists

中国人民公安大学出版社

· 北 京 ·

著作权合同登记号 图字: 01-2008-5536 号

图书在版编目 (CIP) 数据

DNA 证据的解释: 法庭科学中的统计遗传学 / [美] 艾维特 (Evet, I. W.), [美] 威尔 (Weir, B. S.) 著; 黄代新, 杨庆恩, 刘超译. —北京: 中国人民公安大学出版社, 2009. 3
ISBN 978-7-81139-496-2

I. D… II. ①艾…②威…③黄…④杨…⑤刘… III. 脱氧核糖核酸—物证—法医学鉴定—研究 IV. D919.2

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2009) 第 041185 号

INTERPRETING DNA EVIDENCE

Copyright © 1998 by Sinauer Associates, Inc.

DNA 证据的解释——法庭科学中的统计遗传学

DNA ZHENGJU DE JIESHI FATING KEXUE ZHONG DE TONGJI YICHUANXUE
[美] Ian W. Evett [美] Bruce S. Weir 著 黄代新 杨庆恩 刘超 主译

出版发行: 中国人民公安大学出版社

地 址: 北京市西城区木樨地南里

邮政编码: 100038

经 销: 新华书店

印 刷: 北京蓝空印刷厂

版 次: 2009 年 3 月第 1 版

印 次: 2009 年 3 月第 1 次

印 张: 9.75

开 本: 880 毫米 × 1230 毫米 1/32

字 数: 236 千字

书 号: ISBN 978-7-81139-496-2/D. 412

定 价: 28.00 元

网 址: www.phcpps.com.cn www.porclub.com.cn

电子邮箱: cpep@public.bta.net.cn zls@cpps.edu.cn

营销中心电话 (批销): (010) 83903254

警官读者俱乐部电话 (邮购): (010) 83903253

读者服务部电话 (书店): (010) 83903257

教材分社电话: (010) 83903259

公安图书分社电话: (010) 83905672

法律图书分社电话: (010) 83905637

公安文艺分社电话: (010) 83903973

杂志分社电话: (010) 83903239

电子音像分社电话: (010) 83905727

本社图书出现印装质量问题, 由本社负责退换
版权所有 侵权必究

内容简介

DNA 分型是目前法医学个体识别和亲子鉴定的常规手段，DNA 分析不同于其他任何物证鉴定，数据结论是其显著特征。数据结论建立在经典统计学理论上，经过严格的逻辑推理和数学模式计算，对证据强度作出客观、公正的评估。本书重点介绍 DNA 检测结果的分析所涉及的统计学基础知识。从概率论的概念入手，结合实际案件的分型结果，分析共显性 DNA 标记的特征、等位基因频率、有关群体以及群体遗传特征；结合案件实际介绍匹配概率计算理论的思路和方法，亲权指数概念及其计算原则；以似然率为重点，阐述 DNA 证据的量化以及证据结论强度的分析；鉴定人对 DNA 鉴定结果的规范陈述，以及出庭举证的准备和注意事项。

本书可作为法医 DNA 分析专业人员、警官、法官、检察官和律师的参考书，同时对想深入了解法医 DNA 分型的各学科专家及学生也会有所帮助。

中文版序

Evett 博士和我非常感谢黄代新博士及其同事将我们的书翻译成中文，衷心希望本书的翻译能对中国的同行们有所裨益。我们的书面世 10 年来，已在法医 DNA 分析中得到普遍认可。20 世纪 90 年代围绕统计学方法的争论，包括 1996 年对橄榄球明星 O. J. Simpson 谋杀案审判期间的争论，现已逐渐平息。自 1998 年以来，人类遗传学领域最大的变化是 STR 标记的广泛应用及 SNP 标记的出现。目前，我们即将达到能够以合理的成本分析全基因组 DNA 序列的目标，这将进一步增加法庭科学中遗传证据的强度。

虽然 DNA 分析技术发现了一些变化，但是在本书的第二章中阐述的基本原则仍然是解释 DNA 证据的出发点。我们依然坚信，审慎地表述备择假设及以此为前提进行的似然率的计算是处理转换证据的唯一方式。当然，我们在书中没有涉及针对后来出现的一些进展的处理原则，例如，来自不同个体、不同 DNA 含量的混合检材的解释（见 Gill et al., *Forensic Sci Int* 160: 90 – 101, 2006）或群体灾害性事件（如 2001 年纽约世贸中心事件）后残骸的鉴定（见 Brenner and Weir, *Theor Popul Biol* 63: 173 – 178, 2003）。Evett 还进一步深化了我们对证据解释原则的讨论，以涵盖不同层次的主张（见 Evett et al., *J Forensic Sci* 47: 520 – 530, 2002）。遗憾的是，尽管我们认为本书第九章中的讨论是恰当的，但关于证据 DNA 图谱与数据库搜寻的某 DNA 图谱间匹配的解释仍存在争议。第九章中

我们提醒的“检察官谬论”以及对 Deen 案件的分析，仍有现实意义。2008 年，美国第九巡回上诉法院因起诉方称“在（她）内衣上发现的 DNA 来自被告血液的机会是 99.99967%”而支持了上诉方。本书的读者定会知道如何避免这样的错误。

致意我们的中国同行们！

Bruce S. Weir

2008 年 6 月于美国西雅图

译者序

DNA 遗传标记在法医物证鉴定中应用已有 10 多年，通过 DNA 遗传标记的检测与分析，认定同一性及亲生关系鉴定都不再是一件困难的事情。如今，高鉴别能力和高灵敏度的 PC R - DNA 分析技术已成为法医物证鉴定的主流技术和常规手段。

DNA 标记鉴定结果能否成为法庭审判的证据，取决于两个要素：一是分析鉴定程序及鉴定结果的表达形式是否标准化，其目的是保证分型结果的准确性；二是一个更重要的问题，对鉴定结论的解释。DNA 分析鉴定结论的证据作用是以数据形式表达的，这与以往任何一类法科学鉴定都有明显的不同。数据结论建立在经典统计学理论上，具有严格的逻辑推理，通过统计学数学模式计算，对鉴定结果的证据强度作出客观的、不偏倚的评估。现代法律追求的目标是公正，法庭审判采信的证据鉴定证据首先应该是具有科学性。

DNA 基因座的高度多态性，使 DNA 图谱高度个体化，是 DNA 分析技术的突出特征。甚至在犯罪嫌疑人零口供和没有任何案情可参考的情况下，鉴定结论可以确定犯罪嫌疑人是作案人。当然，这种确定必须建立在数据评估的基础之上，而不是依据有罪推定的主观前提。庭审过程中，常有这样的疑问：DNA 鉴定是否像鉴定指纹认定同一性那样可靠？虽然这个问题不能简单地作出回答，但是答案是肯定的。自从 DNA 鉴定结论成为法庭审判证据那一天开始，有关 DNA 证据作用的辩论就没有停止过，尤

其在法律界、统计学界专家的参与下，经过长达 10 多年的“DNA 论战”，有关的“游戏规则”逐渐建立，对 DNA 证据的认识也逐渐趋同，已经形成一套比较完整的法医 DNA 鉴定结论的统计学理论。可以认为，对于 DNA 鉴定结果数据表达的统计学研究在法科学中是最深入的。

曾经有一种观点认为，对各种生物检材，提取 DNA 并作出分型鉴定，然后计算一个匹配概率或者似然率，就算完成了鉴定人的任务，可是这只是证据鉴定程序的一部分。DNA 分型认定“同一性”的结论对于起诉方无疑是一个确凿的证据，但面临法庭调查，法医 DNA 分析的专业人员，有责任对 DNA 鉴定结果作出解释，有必要出庭举证并向法庭陈述对鉴定结果的评估，解释 DNA 鉴定结果支持起诉方的科学依据。我国刑法和刑事诉讼法明确规定了重调查、重证据和不轻信口供的法律原则，法庭调查在某种意义上讲，是控、辩双方举证以及证据评估间的较量。DNA 分型报告是一个客观的鉴定结果，但如何评估，控、辩双方的意见必然相左。因为双方的出发点不同，面对同一鉴定结果，控方假设犯罪嫌疑人是罪犯，而辩方假设犯罪嫌疑人是无罪的，这叫证据转换。在法庭调查和审判程序不断改革的今天，控、辩双方在法庭上的辩论将日趋激烈，用唇枪舌剑形容实不为过。在“无罪推定”原则的前提下，法医 DNA 鉴定人必须说服法官、陪审团相信专家对鉴定结论的分析、陈述是有理有据的，最终达到法庭采信 DNA 证据的目的。这才算完成了法医 DNA 鉴定人的任务。至于犯罪嫌疑人是否有罪，则等待法庭的宣判。

专家提供鉴定结果以及数量化分析证据支持控方，常用匹配概率、似然率和父子关系概率等指标形式。数量化方式衡量证据强度的理论依据是统计遗传学，它涉及遗传学和统计学基础理论。其中，有我们已经熟悉的遗传平衡定律、基因型频率、乘法

原则等，也涉及概率、似然率、可信区间、卡方检验等统计学专业理论。由于多数法医 DNA 鉴定人不完全熟悉数理统计，对许多理论上的问题知其然而不知其所以然。例如，运用乘法原则，将 10 多个 STR 基因型频率相乘，得到 60 亿甚至 100 亿分之一的匹配概率，并在举证中宣称“地球上总人口中唯一的罪犯就是嫌疑人”！还附加一个条件：“除同卵双生之外”。在“无罪推定”的法律原则下，这个结论错在什么地方？可见在法庭辩论中，鉴定人出庭如何陈述就不仅仅是语言的技巧问题了。他必须对遗传统计学基础理论有较深刻的理解，必须对辩方律师有意或无意设下的证据转换陷阱有所准备。

I. W. Evett 是英国法庭科学服务部（Forensic Science Service, FSS）的学者，B. S. Weir 是美国南卡罗来纳州立大学的统计学教授，《Interpreting DNA Evidence》是他们合作的一本关于法庭科学统计遗传学的专著。该书针对法医 DNA 专家举证问题作了详细的论述和分析，从基础理论到鉴定文书的书写，从出庭准备到证据陈述技巧以及心理准备等，几乎讨论了法医学个体识别和亲子鉴定所有的数据化结论问题。如果对现今法律的特征不甚了解，读者面对那些繁杂的数据统计和处理，纯理论性的概率计算和逻辑推理，不由望而生畏，可能认为某些统计学家的分析是在钻牛角尖。在我国法治建设日益健全的今天，国内的 DNA 鉴定专家们是否也应逐步地深入探讨这些看似钻牛角尖的问题，探索适应现代法律的 DNA 鉴定数理统计，从而以从容的准备应对出庭举证中即将出现的、来自辩方的种种无罪辩护的推理，是摆在我们面前的一个现实的课题。

正如书中强调的，解释证据时应具体问题具体分析，避免僵化的思维和教条，评估 DNA 证据不要奢望有一个普遍适用的答案。当然，所有的案件发生是犯罪人实施犯罪的一个客观过程，

“现场斑痕是否为犯罪嫌疑人所留”这一问题肯定有一个正确答案。但这不属于鉴定人的研究范畴，在确定 DNA 证据的似然率问题上，物证鉴定专家切莫误入歧途，相信存在什么精确的似然率界限值。专家们都说不可能有绝对正确的答案，但这并不意味着没有“错误答案”，鉴定人只有对涉及的相关理论有充分的了解，并对在 DNA 鉴定结果的评估解释中可能遇到的各种可能性精心准备、谨慎应对，才能有效避开各种陷阱，使 DNA 鉴定结论发挥最大的证据价值。

希冀本书的翻译能对广大的法医鉴定工作者有所裨益。本书在翻译和出版过程中，承蒙中国人民公安大学出版社大力支持和帮助，谨此致谢！由于时间和水平所限，错误和疏漏之处在所难免，敬请读者批评指正。

黄代新 杨庆恩 刘 超

2008 年 6 月

前 言

由于 DNA 分型的迅猛发展，法科学正处于快速发展的黄金时期。目前在许多国家常规使用的技术的灵敏度和识别能力在十多年前是无法想象的。DNA 已成为普通人的词汇，这应归功于 Watson 和 Crick 等学者的卓越贡献，更应归功于 DNA 分型在刑事案件侦破中发挥的巨大作用。

对法科学家而言，这项新技术带来的改变之一是法庭上呈现的证据强度是以数字形式表达的。与过去几十年使用的传统血清学技术相比，DNA 分型技术有两大优势：适用范围广及证据强度大。现在，犯罪现场生物样本的 DNA 图谱与犯罪嫌疑人匹配已在众多法庭的各种案件审理中显示出强大的证据价值，使陪审团相信犯罪现场生物样本来自犯罪嫌疑人，而不依靠其他非科学的确证证据。DNA 分型经常遇到的问题是：“它像指纹一样可信吗？”我们将在本书中讨论这个问题（正如许多看似简单的问题一样，该问题没有一个简单的答案），但这里它让我们有机会仔细思考某些似是而非的论点。

许多人的共识是，DNA 分型是自 20 世纪初指纹识别得到法庭认可以来法科学领域最伟大的进步。自那时以来，指纹专家已提供了成千上万的鉴定意见。指纹鉴定结论从来不是模糊不清的，而是非常明确，即“这两个指纹是由同一手指形成的”。这已被世界上所有的法庭所接受，大多数情况下没有受到挑战。其实，指纹鉴定的统计学论证是相当肤浅的，且主要处于理论假设上。

另一方面，DNA 分型及应用受到了严峻的考验。多年来，有关“DNA 论战”已习以为常，在有些国家经历了长时间、有时甚至是激烈的法庭辩论。相关论战导致这方面的文献量激增。这期间，发表了数百篇关于 DNA 统计学的论文，有些涉及数据收集，有些涉及概率、统计学和遗传学的理论探讨，论争十分激烈。这也造成鉴定专家为法庭提供 DNA 证据时也面临很大的压力，但大多数人不得不承认这种广泛的辩论非常有利于学科的发展。目前，对 DNA 证据的认识逐渐趋同，已经形成一套比较完整的法医 DNA 鉴定结论的统计学理论，可以说对 DNA 分型的统计学研究比任何其他法科学技术包括指纹的研究要深入得多。

关于 DNA 分型现已有一套比较完整的理论体系，法医鉴定人若根据该体系报告结果及提供证据就会显得轻松自如。本书的目的就是帮助从事 DNA 分型工作的法科学家获得足够的统计学和遗传学相关知识，以满足在报告结果及提供证据时的需要，同时也希望对律师、法官及其他领域的研究者有所帮助。

许多从事 DNA 鉴定的法科学家都具有很强的生物学背景，但在数学方面相对薄弱。我们预计本书的主要读者将是那些具有生物科学学位的法科学家，尽管他们对基础遗传学知识相当熟悉，但书中仍然复习了一些必要的术语和概念。根据我们的经验，这些科学家统计学知识相对缺乏，故本书有意在前三章注意由浅入深、循序渐进。我们不要求读者的计算能力，但他们应对一些数学概念，如对数、求幂和求和等比较熟悉。同时，我们也必须意识到另有一些具有较强数学功底的读者会对一些更深入问题感兴趣。对本书的大部分内容而言，我们尽可能地使一些数学问题简单化，我们的主要目的是表述一些基本原理。然而，书中也涉及了一些较深入的数学推导，我们尽可能地将这些内容以定义框的形式表示，从而便于对此不感兴趣的读者跳过。

由于该领域发展非常迅速，哪些内容应该包括，哪些该省略？我们很难取舍。仔细斟酌后，我们决定将重点放在目前广泛使用的 PCR - DNA 分型系统。由此，书中没有涉及图谱比较中测量误差的处理问题，因此读者也就无法看到关于匹配及装箱合并方面的讨论。此外，本书中也没有涉及 mtDNA 的统计学问题，mtDNA 分型目前发展非常迅速，我们决定在将来的版本中予以讨论。

本书的第一章全部用于解释基本的概率理论，因为具备较好的概率基础知识是理解 DNA 证据推理所必需的。第二章，我们介绍了如何利用 Bayes 推理方法提供一个符合逻辑的框架用于解释证据转换问题，其中特别强调了似然率在法医 DNA 证据解释中的重要性。第三章涵盖了一些必需的基础统计学知识，包括等位基因频率评估的基本理论及经典统计学关于独立性假设检验的基本原理。本章介绍了一个发生在某地的性犯罪案例，我们利用该案例讨论了当生物检材 DNA 图谱与犯罪嫌疑人匹配时评估证据强度所涉及的统计学和群体遗传学问题。第四章介绍了群体遗传学的概念并发展了那些与法科学相关的观点。第五章则将第三章的统计学观点和第四章的群体遗传学观点进行了综合。第六章讨论亲权纠纷案中的推理，既涉及简单的亲权案件，也讨论了复杂的案件，如乱伦的亲权鉴定及失踪人员的鉴定。第七章通过几个案例讨论混合斑 DNA 图谱的解释。第八章通过第三章提到的案例讨论如何计算匹配概率。第九章继续以上述案件为例介绍表述、分析以及正式报告中如何解释匹配含义。最后，本书参照英国上诉法庭近来审判的几起案件，讨论了法庭举证问题。

我们确信，读者将会认同我们把应用公式中的数学推导过程以定义框分开表示的方式。但须注意，这种表达方式在本书中某些地方运用的还不充分，的确，我们应该将第四章和第五章后面几节更多的内容都包含在定义框中！

目 录

CONTENTS

中文版序	(1)
译者序	(1)
前言	(1)
第一章 概率论	(1)
第一节 前 言	(1)
第二节 概 率	(4)
第三节 概率法则	(11)
第四节 Bayes 定理	(19)
小 结	(23)
第二章 转换证据	(24)
第一节 单一现场物证斑痕	(24)
第二节 Bayes 模式	(31)
第三节 证据分析的三个原则	(32)
第四节 常见错误	(33)
第五节 混合斑痕	(36)
第六节 从现场带离的物证分析	(39)
第七节 孤岛问题	(43)
小 结	(46)

第三章 统计学基础	(47)
第一节 前 言	(47)
第二节 二项分布	(51)
第三节 泊松分布	(57)
第四节 多项分布	(58)
第五节 正态分布	(61)
第六节 统计学中的两种观点	(66)
第七节 最大似然法评估	(67)
第八节 可信区间	(70)
第九节 Bayes 理论评估	(72)
第十节 假设检验	(79)
小 结	(86)
第四章 群体遗传学	(87)
第一节 前 言	(87)
第二节 理想群体	(88)
第三节 常用符号	(90)
第四节 随机婚配	(93)
第五节 遗传平衡的几个影响因素	(96)
第六节 近亲繁殖	(108)
第七节 四等位基因血缘关系指标	(121)
第八节 匹配概率	(131)
第九节 任意等位基因组合	(138)
第十节 成对的基因座	(141)
小 结	(147)

第五章 统计遗传学	(148)
第一节 前 言	(148)
第二节 频率的评估	(149)
第三节 乘法原则	(153)
第四节 亚群体资料的影响	(158)
第五节 可信区间	(161)
第六节 独立性检验	(165)
第七节 近交系数的评估	(178)
小 结	(184)
 第六章 亲权鉴定	(185)
第一节 前 言	(185)
第二节 证据评估	(186)
第三节 亲权的排除	(203)
第四节 失踪人员	(205)
小 结	(211)
 第七章 混合斑	(212)
第一节 前 言	(212)
第二节 受害人和犯罪嫌疑人的混合斑	(213)
第三节 犯罪嫌疑人和未知个体的混合斑	(217)
第四节 两个犯罪嫌疑人	(222)
第五节 受害人和/或犯罪嫌疑人的混合斑	(224)
第六节 通用方法	(225)
第七节 供者的数目	(231)
小 结	(231)

第八章 匹配概率计算	(232)
第一节 前 言	(232)
第二节 DNA 图谱概率	(232)
第三节 匹配概率	(237)
小 结	(243)
第九章 举 证	(244)
第一节 前 言	(244)
第二节 似然率的计算	(245)
第三节 DNA 数据库搜寻结果	(246)
第四节 鉴定报告书写	(250)
第五节 法庭上的 DNA 证据	(255)
第六节 个人识别鉴定	(268)
第七节 DNA 证据展望	(275)
小 结	(276)
附录：统计用表	(278)
参考文献	(284)