

法医DNA 分型专论:证据解释

Advanced Topics

in FORENSIC DNA TYPING:

INTERPRETATION

John M. Butler 著

侯一平 李成涛 严江伟 主译

ELSEVIER



科学出版社

法医 DNA 分型专论：证据解释

John M. Butler 著

侯一平 李成涛 严江伟 主译

科学出版社

北 京

内 容 简 介

本书是 John M. Butler 博士 2015 年最新力作的中文翻译版,由四川大学侯一平教授、司法鉴定科学研究院李成涛研究员和中国科学院北京基因组研究所严江伟主任法医师团队联合翻译。本书有很多新的内容,分为 16 章与 4 个附录,全面系统地介绍了分析和解释法医 DNA 分型结果的方法和最新进展,对法医 DNA 分型中常遇到的杂合子均衡性、伪峰、突变与随机效应、等位基因缺失、低模板 DNA、混合斑等现象及如何依据分型结果来合理解释进行了深入细致的讨论。

本书既是一本可供司法鉴定一线技术人员使用的专业技术手册,也可作为综合类大学、医科大学及政法院校的法医学教材,同时可作为警官、法官、检察官和律师的参考书;对于想深入了解法医 DNA 分型的各学科专家及学生也会有所帮助。

图书在版编目(CIP)数据

法医 DNA 分型专论. 证据解释 / (美) 布尔特尔 (John M. Butler) 著; 侯一平, 李成涛, 严江伟主译.

—北京: 科学出版社, 2018. 1

书名原文: Advanced Topics in Forensic DNA
Typing: Interpretation

ISBN 978-7-03-054918-1

I. ①法… II. ①布… ②侯… ③李… ④严… III.
①脱氧核糖核酸—法医学鉴定—研究 IV. ①D919.4

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2017)第 257794 号

责任编辑: 闵 捷 潘志坚
责任印制: 谭宏宇 / 封面设计: 殷 靓

科学出版社 出版

北京东黄城根北街 16 号

邮政编码: 100717

<http://www.sciencep.com>

南京展望文化发展有限公司排版

上海叶大印务发展有限公司印刷

科学出版社发行 各地新华书店经销

*

2018 年 1 月第 一 版 开本: 889×1194 1/16

2018 年 3 月第二次印刷 印张: 28 3/4

字数: 811000

定价: 180.00 元

(如有印装质量问题, 我社负责调换)

以科学捍卫公正

翻译人员

主译 侯一平 李成涛 严江伟

译者 (按姓氏笔画排序)

王 正	田怀洲	边英男	任 贺
刘甲乾	孙 宽	严江伟	杜吉佩
李介男	李成涛	李丽丽	李和沛
李 莉	李璐瑶	吴 隽	吴聪聪
何光林	宋 凤	张 姝	张素华
张喆人	张 霁	陈初光	武会娟
罗海玻	郑汉城	郎 敏	赵小红
赵 东	赵苑村	赵 琪	侯一平
钱小钦	高天珍	高泽华	谢明坤
谢静茹	颜 静		

译者序

法医 DNA 分型技术的发展为世界各国的司法实践提供了强有力的支撑,并将继续发挥着难以替代的作用。随着基因组时代的到来和科学技术的迅速发展,人们对法医 DNA 分型技术的巨大威力和应用的广阔前景充满了无数期待。

法医 DNA 分型技术与其他技术一样,需要与时俱进。近年来出现的新问题、新方法、新理论、新技术都迫切需要一场国际学者都参与的大讨论,在讨论中统一认识、统一实践。在这个背景下,我们于 2012 年选择了美国国家标准与技术局 John M. Butler 博士所著的《法医 DNA 分型》系列卷,理由主要有两点,一是本书作者是资深科学家,在国际法医学界享有极高的荣誉和地位,获得过美国总统学者奖,其于 2005 年、2007 年和 2011 年分别编著的法医 DNA 专著均在国内外十分畅销;二是该书收录了大量国际同行的最新文章,内容的深度和广度非常适合法医 DNA 科学家和工作者。因此,我们认为把该书的系列卷翻译为中文无疑将使更多的读者受益。特别是对那些工作在第一线的法医 DNA 实验室工作者来说,本书非常及时,因为他们迫切希望能够获得在内容上反映国际先进水平、在语言上明白准确的中文读物。

本次翻译的专著是《法医 DNA 分型》的第三卷:证据解释。该书是 John M. Butler 博士 2015 年的最新力作,有很多新的内容。全书分为 16 章与 4 个附录,全面系统地介绍了分析和解释法医 DNA 分型结果的方法和最新进展,对法医 DNA 分型中常遇到的杂合子均衡性、伪峰、突变与随机效应、等位基因缺失、低模板 DNA、混合斑等现象,以及如何依据分型结果来进行证据解释进行了深入细致的讨论。

本书既是一本可供司法鉴定一线技术人员使用的专业技术手册,也可作为综合类大学、医科大学及政法院校的法医学教材,同时可作为警官、法官、检察官和律师的参考书;对于想深入了解法医 DNA 分型的各学科专家及学生也会有所帮助。

本书的翻译和出版得到了中华人民共和国科学技术部(简称科学技术部)“十三五”重点研发计划(2016YFC0800703)和国家自然科学基金委杰出青年项目(81625013)、重点项目(81330073)的大力支持,在此表示衷心的感谢。由于时间和水平有限,错误和疏漏在所难免,敬请批评指正。

侯一平 李成涛 严江伟
2017 年 6 月

献词

(Dedication)

感谢我的父亲 Doug Butler 和母亲 Marsha Butler, 他们给予了我良好的教育, 使我形成了一个正确的世界观。

感谢 Bruce Budowle 在我攻读学位时期给予我的帮助, 使我成为一名出色的作家。从此, 通过努力, 我成为了一名优秀的科学家和一个真正的男人。

序

(Foreword)

多产作家 John Butler 的又一力作问世了。他不断追赶着世界法庭科学 DNA 分型快速变化的步伐——这使我想起了 Lewis Carroll 的《爱丽丝镜中奇遇》中的“红皇后的比赛”“……如果想原地不动,需全力奔跑;如果想赶赴他处,则需加倍努力……”(译者注:如“逆水行舟,不进则退”)。过去的几年中,法医 DNA 分型技术和结果解释发生了重大的变化。利用更加灵敏的仪器和先进的化学方法,生产商已能提供可以同时扩增 24 个基因座的复合扩增试剂盖。另外,一直试图在灵敏度方面进行突破的梦想也得到了实现,灵敏度已达到了极限,即可以从极少量细胞中常规检测到 DNA 分型。这些进步无一不是有重大意义的挑战,尤其是在证据解释的领域。幸运的是,这个领域进步巨大,尽管有些还没有完全被学界采用,但是也已经被大部分学者所公认。

这本书分 16 章与 4 个附录,它们描述了技术发展的最新水平与展望。本书从数据解释的综述开始,随后的章节对 DNA 分型进行讨论,如杂合子均衡性、stutter 峰、伪峰、突变与随机效应。内容上既有关于等位基因缺失这一由于低模板 DNA 造成的“伪纯合子”特征性现象的介绍,又有为解释 DNA 分型而引入的一系列阈值(如随机阈值、stutter 峰阈值、检测限)的讨论。尽管如此,DNA 分型仍然存在一定的局限性和需要关注的方面。在谈到“复杂 DNA 分型”挑战之前,在科学界已经有过深思熟虑的广泛讨论。例如,某些混合分型是两个人或者是更多贡献者混合的分型,涉及的等位基因的丢失是二次转移所致还是污染所致?目前,在法医领域已对此有了更深入的理解。我们从某个实验室了解到,该实验室提交小于 100 pg DNA 样本分型结果的比例,从 2004 年的 19% 已增至 2008 年的 45%。本书中第九~十三章及附录一主要涉及证据的解释,附录一是美国目前应用的全部 STR 基因座列表及相应的等位基因频率。本部分有一些内容是对统计学原理与方法的全面综述——它可以对目前正在使用的各种关于“复杂 DNA 分型”的解释的方法进行完整的描述。附录四是一个案例,由 Mike Coble 简单撰写,进一步解释概率法的基本原理、基本理论和实践应用的益处。读者可将这本书作为随手可用的涉及目前已知所有内容的一站式指南(以及在哪儿能找到更多的信息)。

第十四章涉及亲缘关系鉴定,提供了原理的概述,总结了科学界推荐的标准,列举了一份可用于较远亲缘关系识别的软件的清单,以及用于较远亲缘关系识别的高密度 SNP 芯片的使用概率。第十五章用了非常少的内容集中介绍了连锁的遗传标记,包括线粒体 DNA(mtDNA)、Y 染色体 DNA 和 X 染色体 DNA,这些遗传标记被用于失踪人员、灾难受害者的识别和一些复杂亲缘关系的研究。

最后,第十六章探讨了法庭科学争论最激烈的领域,即证据的解释。它不仅仅是考虑 DNA 分型的结果。随着更加灵敏的检测方法的引入,讨论的重点转移到了 DNA 如何及何时被转移的。是污染所致还是二次转移所致?如何避免在报告中出现认知(心理)偏见问题?对证据的描述采用“论点的分层”是一个非常有效的途径,即我们能否将 DNA 分型证据回归到一个“来源”如血液,或者一个“行为”如

刺伤？为了准备这个章节，John Butler 广泛地请教了从业人员，征集他们的意见，相互参考历史上及目前领域内科学组织和咨询委员会相关的建议（附录二与附录三），以及提炼信息为法庭撰写论述报告。

这本书通过最全面及最新的内容补充了 John Butler 以前的著作。由此，它也将会很快被法庭科学领域接纳，作为一本权威的法医 DNA 分型技术漫游指南（隐喻《银河系漫游指南》，*The Hitchhiker's Guide to the Galaxy*）。

Peter Gill 博士

2014 年 4 月

（Peter Gill 博士，挪威奥斯陆大学，医学院，法医学与毒理学教研室，法医遗传学教授）

Author's Preface

Author's Preface for Chinese Edition of *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Interpretation*

The translation of my book *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Interpretation* into Chinese is a great honor. I hope that this book will be well received by Chinese-speaking scientists and students and will help with training and education in this rapidly growing field. This book on Interpretation was the hardest of my five books to write — and in the end hopefully the most useful to forensic DNA analysts and those who use the DNA information that analysts produce. I have personally learned a lot as I have tried to determine how to best explain the complicated topics of forensic DNA testing. I have tried to keep the book material as relevant and timeless as possible, but as with anything involving scientific advancements, some of the information may become out-of-date. I hope that readers will appreciate the reference citations that serve as a foundation for further study and additional material.

As a reader, please enjoy the book and try to learn from the examples and information included here. I thank the publisher, Professor Hou, and the team of translators for their efforts in preparing this Chinese edition. May good fortune come to them and to all that read this book in an effort to better understand forensic DNA typing.

John M. Butler, PhD
National Institute of Standards and Technology
Gaithersburg, Maryland, USA
27 October 2016

作者中文版序

《法医 DNA 分型专论：证据解释》被翻译成中文版我感到无比荣幸。我希望讲汉语的科学家和学生乐于接受这本书，它将有助于促进法医 DNA 分型这一快速增长领域中教育培训事业的发展。这本书在我的五本著作中是最难完成的；在如何更好地进行 DNA 分型证据解释这一复杂过程中我受益匪浅。我希望它能够帮助法医 DNA 科学家更好地理解 and 解释 DNA 分型结果。

近年来，法医 DNA 分型领域取得了巨大的发展；本书增加了大量法医 DNA 分型证据解释的新信息。我相信本书内容及参考文献将有益于法医 DNA 科学家们产生高质量的分析结果和法庭鉴定意见书。

感谢出版者，感谢侯一平教授及整个翻译团队，感谢他们在出版本书中文版的过程中所做的努力与贡献。祝福他们，也祝愿读者能更好地领悟法医 DNA 分型。

John M. Butler 博士
美国国家标准与技术研究院
美国马里兰州盖瑟斯堡
2016 年 10 月 27 日

关于本书的内容简介

Introduction

写作之所以难,在于写即思考,思路清晰了才能写好。

David Mc Cullough(NEA, 2003)

《法医 DNA 分型》分为三卷:第一卷是基础部分,供学生和初入门者学习;第二、三卷涉及更深入的内容,适用于专业人员,使他们了解更多的内容。第一卷已于 2009 年 9 月出版,书名为《法医 DNA 分型的基础理论》。第二卷《法医 DNA 分型专论:方法学》于 2011 年 8 月出版。目前的这本书《法医 DNA 分型专论:证据解释》是第三版的第三卷,主要集中介绍数据的解释与统计学的分析。

各种理由使得我们将这些内容分成不同的部分。首先,书的内容越简要,人们越喜欢用它们。我已听到不止一个同行在讨论他们到法庭或外出讲课都喜欢携带较薄的第一版。其次,通过将书分成不同卷,每一卷都能根据不同层次的读者需求集中介绍感兴趣的内容,而不是用一本书面向不同层次的读者介绍所有的内容。再次,采用的逐卷深入的方式也能兼顾大学生与研究生的需求。

各卷的主题内容中仅有极少内容的重复,基础理论卷含有“开胃小吃”的信息,而绝大部分的“补充材料”在高级卷中。我希望通过三卷一起全面地介绍当前法庭科学 DNA 分析的内容。然而,伴随着法医 DNA 分型的快速发展,使得这一目标也成为一项挑战。

目前,这本书分为两个主要部分:数据解释(第一~八章)和统计学解释及报告(第九~十六章)。第一部分包括了数据分析与影响 DNA 分型的因素,而第二部分是审查证据的评估和解释——本质上是获得 DNA 图谱中所包含的信息,以及在变化的背景下可获得的 DNA 结果所包含的这些信息的含义。在这一版中,编者再次利用数据、注释和实例(D.N.A.解释框)报道来阐述大家普遍感兴趣的话题,回顾计算实例,或讨论涉及特别的内容突出强调 DNA 分析人员所需的信息。

本卷中新的内容

本书作者在《法医 DNA 分型专论:证据解释》中,用附加的信息增加了大量的解释,超过了出版于 2004 年 6 月的第二版《法医 DNA 分型》中可获得的信息,在过去的 10 年中,新信息的出现也在不断地更新我们关于 DNA 证据解释的知识。

令我兴奋的是,在完成了《法医 DNA 分型专论:方法学》后,有 3 年时间撰写《法医 DNA 分型专论:证据解释》。在这期间,通过邮件或当面回复全世界法庭科学同仁们的大量问题的过程中,我也学到了很多。在 DNA 混合结果的解释方面,我也有幸用数百张的幻灯片进行展示。这些培训的讲习材料可在 NIST 的网站获得(NIST, 2014a)。另外,最近出版的书在 DNA 的解释上也提供了一些新的研究与观点。例如,2012 年 12 月在《FSI: Genetics》杂志发表的国际法医遗传学会(ISFG)DNA 委员会颁布的 DNA 混合斑和概率方法的建议。

正如以前的书,每一章的最后包括了相当广泛的参考资料的列表,它们起到在这个章节引证基础的作用,如同一个切入点,感兴趣的读者能够得到更多的信息。本书提供了超过 2 000 篇的参考资料,使读者获

得更多的信息。

本书中超过 80% 的是全新内容。增加的图、表和 D.N.A. 解释框(总计超过 200 个)有助于进一步阐明原理。由于目前我没有写或审阅实验室的报告,我竭力寻找并收集到大量来自经常审阅实验室报告的实验室的检测人员、实验室主任、警局的侦查人员、律师控辩双方和私家顾问们的意见和建议。他们的智慧与领悟体现在第十六章中。在这卷中也有许多其他人提供信息,在这里一并鸣谢。

本书中,我以 STR 基因座 D18S51 作为示例,它原本是美国的核心遗传标记之一,也用于欧洲、中国、澳大利亚和世界其他地区。我已尽力留意对统计公式中的 P_s 和 Q_s 使用一致的等位基因命名。在某些方面,本书中的材料可能没有读者希望的那样先进。然而,它含有的足够信息为了解更详细工作提供了桥梁,如像 John Buckleton 和 Peter Gill 这样的作者已有的成果和即将完成的工作。

至于文中所有的要点,我引用自 2010 年法医 DNA 分析方法科学工作组(scientific working group on DNA analysis methods, SWGDAM)对法医 DNA 实验室常染色体 STR 分型的解释指南,虽然我是这个工作组的组长,但在这本书中评述表达仅是我自己的意见,绝非 SWGDAM 官方意见或 SWGDAM 常染色体 STR 委员会的意见。

本书各章节的概况

第一~八章包含数据的解释。第一章是概述,介绍了原理、方法和致力于在实践中理解法医 DNA 分型中“为什么”“是什么”和“如何得到”的问题,回顾了常染色体和 Y 染色体 STR 基因座及试剂盒的知识。第二章描述了由应用生物系统公司遗传分析仪生成的数据,此外还介绍了统计学模型在设置阈值中的作用,如分析阈值。第三章围绕 STR 等位基因的检测与如何从 stutter 峰等非特异性影响因素中区分等位基因来描述。第四章回顾了峰高的比例(杂合的均衡)和影响 STR 分型的无效的等位基因,还介绍了随机阈值与等位基因丢失。第五章聚焦在多基因座 STR 分型的评估、三等位基因型和性别分型标记 amelogenin 基因的问题。第六章考虑了 DNA 的混合与解释它们的步骤,包括确定混合斑提供者人数。第七章探讨复杂 DNA 混合的问题,包括等位基因的共享与混合斑中低拷贝 DNA 造成等位基因的缺失。第八章目的为告知读者涉及毛细管电泳(CE)方面原则和步骤,以便获得高质量数据和如何避免出现常见问题。它讨论了在实验室数据产出过程中对细节的高度关注、对问题解决是同等的重要。

第九~十六章包括统计学的解释与报告。第九章介绍了统计学在法医科学 DNA 分析中所扮演的角色及对该领域有影响力的人物的简介,概率论的基本定理,连同似然率(LR)和贝叶斯学派与频率学派的统计学方法一同介绍。第十章描述群体遗传的原理和如何应用群体数据建立 STR 分型的频率。第十一章主要涉及 STR 分型频率的评估方法及利用这些 STR 分型频率得到的假设。第十二章通过似然率计算列入概率的方法进行 DNA 混合结果的统计学计算和比较。第十三章涉及在证据样本和已知样本分型结果进行比对时,由于低拷贝 DNA 随机扩增效应导致的等位基因丢失所面临的挑战。第十四章回顾了亲缘鉴定中常用到的亲缘关系分析,主要讨论了亲缘关系鉴定、突变、灾难事故中受害者身份的认定。第十五章对 Y 染色体、X 染色体及线粒体 DNA(mtDNA)连续遗传标记的描述,讨论这些遗传标记在世代间进行传递的差别对结果的统计学解释有何影响。最后,第十六章包含了实验室报告及实验室间交流实验结果和结果的重要性,众多的实验室报告提供者和用户的意见和建议更加丰富了本章的内容。

附 录

本书的最后有 4 个附录,对前 16 章的内容提供了有效的补充。

● 附录一提供了基于美国国家标准与技术研究院(NIST)完成的研究,美国人群 STR 等位基因的频率数据,本书的举例中应用了这些信息。

● 附录二列出了发表于 1992 年与 1996 年国家研究委员会的两个推荐报告(NRC I 和 NRC II),出版的题目为“法庭科学的 DNA 技术”和“法庭 DNA 证据的评估”。

● 附录三含有联邦调查局(FBI)的 DNA 顾问委员会在统计学上的推荐意见,它发表于 2000 年 2 月,提供了一个历史性的展望。

● 附录四是 NIST 的应用遗传学组一位重要的同事——Mike Coble 博士撰写的混合斑的案例。

表 1.1 各版本交叉的主题

题 目	第一版(2001)	第二版(2005)	第三版第一卷	第三版第二卷	第三版第三卷
			基本理论(2010)	方法学(2012)	证据解释(2015)
牙釉基因	第五章	第五章	第八章	第五章	第五章
毛细管电泳	第九、十一章	第十二、十四章	第九章	第六章	第八章
数据解释	第六、十三章	第六、十五章	第十章	—	第一至第八章
灾害遇难者识别	第十七章	第二十四章	第十七章	第九章	第十四章
DNA 基础知识	第二章	第二章	第二章	—	—
DNA 数据库	第十六章	第十八章	第十二章	第八章	—
DNA 提取	第三章	第三章	第五章	第二章	—
DNA 定量	第三章	第三章	第六章	第三章	—
专家证人证词	—	—	—	第十八章,附录四	—
亲缘搜索	—	—	第十二章(p282)	附录二	D.N.A.解释框 14.9
FBI 质量保证标准	附录三(1998/99)	附录四(1998/99)	—	—	—
FMBIO 凝胶成像系统	第十二章	第十四章	D.N.A.解释框 9.2	—	—
术语	—	—	附录一	—	—
DNA 的发展史	第一章	第一章	第一、三章	—	—
亲缘鉴定分析	—	第二十三章	第十七章	—	第十四章
低拷贝 DNA 的检验	—	第七章	第十四章	第十一章	第七章
匹配概率的计算	—	第二十一章	第十一章	—	第十一章
混合斑	第七章	第七章	第十四章	—	第六、七章,附录四
混合斑的统计学计算	—	第二十二章	D.N.A.解释框 14.2	—	第十二、十三章
线粒体 DNA	第八章	第十章	第十六章	第十四章	第十五章
新技术	第十五章	第十七章	第十八章	第十七章	—
非人类 DNA	第八章	第十一章	第十五章	第十六章	—
无效等位基因	第六章	第六章	D.N.A.解释框 10.3	第五章	第四章
PCR	第四章	第四章	第七章	第四章	—
群体数据	—	第二十章	第十一章	—	第十章
报告的撰写	—	—	—	—	第十六章
样本的收集	第三章	第三章	第四章	第一章	—
SNP 检测	第八章	第八章	第十五章	第十二章	—
统计学与概率	—	第十九章	附录三	—	第九章
STR 等位基因	附录一	附录一	—	附录一	第三章
STR 试剂盒	第五章	第五章	第八章	第五章	第一章
STR 遗传标记	第五章	第五章	第八章	第五章	第一章
Stutter 峰	第六章	第六章	第十章	—	第三章
临界值(阈值)	—	—	第十章	—	第二章
三等位基因	第六章	第六章	D.N.A.解释框 10.2	—	第五章
确认	第十四章	第十六章	第十三章	第七章	第五章
变异的等位基因	第六章	第六章	D.N.A.解释框 10.1	附录一	第三章
X-STR	—	—	—	第十五章	第十五章
Y-STR	第八章	第九章	第十六章	第十三章	第十五章

表 1.1 显示的是介绍《法医 DNA 分型》各版书中主题内容的“交叉”，用章节(Ch.)与附录(App.)来标识。极少数的案例信息放在 D.N.A.解释框中。

在我这本解释的书中所涉及的内容既包含最新的学术文献，又有我 20 年来在这一领域工作的收获。在撰写这本主要内容为法医科学 DNA 分型的书时，我必须仔细地考虑每一个问题和如何把它恰当地表述，这种巨大的付出是值得的。正如开篇所引用的 David Mc Cullough 的观点——写作是很辛苦的工作。这辛苦的工作对我个人的学习是非常有益的，但所付出的代价是与家人的疏远和未尽到应尽的责任。我非常感谢支持我的人们，尤其是我的妻子，她支持我完成这本书。

我的父亲 Doug Butler，写了众多的教科书，耗尽了他的教育生涯。助人为乐是他的品德。他致力于学习，并具无私奉献的精神和极高水平的学识，这些使他成为一名令人敬佩的教师。最近，当我告诉他我正在为撰写这本书而学习，在法医 DNA 领域做讲座时，他同我分享他的经验：“只有你把学会的知识教给其他人，你才会真正学到了知识。”从某种程度上说，尝试将我所学到的学识传授给他人的过程中，我是最大的受益者，然而我更希望这本书的内容能够帮助到这个领域的同仁们。

为了尽量不让大家尤其是法医误解这本书中的某些用语，我必须精心地雕琢每一个措辞。在这本书中，我很重视和大家分享我的观点和思想的机会。尽管得益于多方讨论和其他学者，我仍会独自为这些内容负责。在准备关于法医 DNA 这个主题的培训材料时，我的目标始终是站在良善科学的角度，用最详实的记录和最得当的应用以帮助法医科学领域的同仁们。我希望这本书达到了这个目标。

参 考 文 献

- National Endowment for the Arts (NEA). Awards & Honors, 2003 Jefferson Lecturer. <http://www.neh.gov/about/awards/jefferson-lecture/david-mccullough-interview>. Accessed April 2, 2014.
- NIST (2014a). *DNA Mixture Interpretation*. <http://www.cstl.nist.gov/strbase/mixture.htm>. Accessed April 2, 2014.

致谢

(Acknowledgements)

在本书或以前出版的《法医 DNA 分型》书中,编者由衷地感谢同事们和友善的提供重要的信息和图谱的同仁们。名单不断在扩展,这些人员包括: Ricky Ansell、Michael Baird、Susan Ballou、Brad Bannon、Leslie Biesecker、Martin Bill、Erica Butts、Lisa Calandro、Theresa Caragine、George Carmody、RanajitChakraborty、Tim Clayton、Mike Coble、Robin Cotton、Cecelia Crouse、Amy Decker、Christopher Duby、David Duewer、Dan Ehrlich、NickyFildes、Lisa Forman、RonFoumey、Lee Fraser、Dave Gillespie、Catherine Grgicak、Richard Guerrieri、Ravi Gupta、Chip Harding、Doug Hares、Bruce Heidebrecht、Mary Herdman、Becky Hill、Debbie Hobson、Bill Hudlow、Ted Hunt、Alice Isenberg、Dennis Kilcoyne、Margaret Kline、Sonja Klein、Ken Konzak、Carll Ladd、Steve Lee、Dina Mattes、Bruce McCord、Terry Melton、Ruth Montgomery、NielsMorling、Steven Myers、Steve Niezgoda、Kristen Lewis O'Connor、AntornioPossolo、MeckiPrinz、George Riley、Norah Rudin、Jeff Sailus、Thomas Schnibbe、Richard Schoske、Jim Schumm、Scott Scoville (和 Orange County DA 的 DNA 机构)、Bob Shaler、Michelle Shepherd、Gary Sims、Melissa Smrz、Amanda Sozer、Jill Spriggs、Mark Stolorow、Kevin Sullivan、Lois Tully、Pete Vallone、Ray Wickenheiser 和 Charlotte Word。

我感激献身于人类个体识别项目的团队成员,无论过去还是现在,他们与我一起工作在 NIST,他们是 Jill Appleby、Erica Butts、Mike Coble、Amy Decker、David Duewer、Becky Hill、Kevin Kiesler、Margaret Kline、Kristen Lewis O'Coble、Jan Redman、Dennis Reeder、PattiRohmiller、ChristanRuitberg、Richard Schoske 和 Pete Vallone。与这些相互支持和勤勉敬业的科学家一起工作是我快乐的事。自 2013 年 4 月我在 NIST 又有了新的任务,我怀念每天与应用遗传组的同仁们一起工作的日子。

其他的几位为本书撰写做出大力的支持,要单独地致谢,书中报告的信息,大部收集自法庭领域 STR 遗传标记的相关参考文献。为了这些收集,目前参考资料数目已超 3 500,我非常感激从开始就不辞辛劳收集与分类这些文献的 Christian Ruitberg 和最踏实努力的 Jan Redman,此外 PattiRohmiller 定期更新这个 STR 参考数据库。这些完整的参考资料列表可在 NIST 网站查询(NIST, 2014b)。

我的妻子 Terilynne,仔细地阅读着我的初稿并提出了建议,在我因工作不能回家时,她始终支持着我。Terilynne 作为我所有手稿的最初读者,她的帮助使本书更具有连贯性与可读性。另外,David Duewer 和 Katherine Sharpless 对本书就像对我的前两本书一样,认真进行了技术评审。NIST 管理部门的支持,特别是 Laurie Locascio、Mike Tarlov、Richard Cavanalgh 和 Willie May 促成了这本书的完成。

参 考 文 献

NIST (2014b). *STRs and DNA Typing*. http://www.cstl.nist.gov/strbase/str_ref.htm. Accessed April 2, 2014.