

## 亲权鉴定判断标准和结论表述的建立

伍新尧<sup>1\*</sup>, 杨庆恩<sup>2</sup>, 刘雅诚<sup>3</sup>, 陆惠玲<sup>1</sup>, 李生斌<sup>4</sup>, 李 莉<sup>5</sup>,  
刘 超<sup>6</sup>, 吴微微<sup>7</sup>, 孙宏钰<sup>1</sup>, 朱运良<sup>8</sup>, 许冰莹<sup>9</sup>, 鲁 滢<sup>10</sup>

(1. 中山大学法医鉴定中心物证鉴定室, 广东 广州 510080; 2. 华中科技大学同济医学院法医学系, 湖北 武汉 430030;  
3. 北京市公安局法医检验鉴定中心, 北京 100085; 4. 西安交通大学法医学司法鉴定中心, 陕西 西安 710061;  
5. 司法部司法鉴定科学技术研究所, 上海 200063; 6. 广州市公安局刑科所, 广东 广州 510030;  
7. 浙江省公安厅刑侦总队刑科所, 浙江 杭州 310009; 8. 郑州大学基础医学院司法鉴定中心法医物证室, 河南 郑州 450052;  
9. 昆明医学院法医学院, 云南 昆明 650031; 10. 中国政法大学司法鉴定所, 北京 102249)

**摘 要:** 本研究联合国内各大有关单位, 制订出使用 STR 分型技术作亲权鉴定时采用的一套鉴定策略和判断标准, 为我国从事亲权关系鉴定的实验室提供了一个比较科学又便于实际操作的处理策略和标准。

**关键词:** 亲权鉴定; 判断标准; STR 分型技术; 三联体案; 单亲案; 矛盾基因座; 鉴定结论表述

**中图分类号:** R89      **文献标志码:** A      **文章编号:** 1672-3554(2010)01-0020-03

目前, 国际上亲权鉴定的判断尚未见有统一标准。为了使我国从事亲权关系鉴定的实验室有一个比较科学又便于实际操作的处理策略和标准, 经过第二届《全国亲子鉴定理论与实践研讨会》(2009 年 6 月) 讨论, 参照 ISFG(国际法庭遗传学会) 英语工作组的推荐意见<sup>[1]</sup>, 制订出使用 STR 分型技术作亲权鉴定时采用的一套鉴定策略和判断标准, 供亲权鉴定实验室参考。

### 1 亲权鉴定实验室的质量保证措施

(1) 亲权鉴定实验室均应按照 ISO/IEC 17025: 2005 规定的措施对实验室进行质量控制。(2) 强烈建议亲权鉴定实验室都参与中国合格评定国家认可委员会(CNAS) 的实验室认可或者资质认定(所执行的标准实际为 ISO:17025)。(3) 强烈建议亲权鉴定实验室每年参加一次由 CNAS 能力验证单位提供的实验室之间的能力验证活动。

### 2 采用 STR 分型技术作亲权鉴定的标准和表述方式

#### 2.1 三联体案的判断标准

(1) 亲权鉴定分析技术体系的系统效能达到

累计非父排除率(cumulative probability of exclusion, CPE) > 0.999 9; (2) STR 分型结果符合下述条件者, 可以描述为肯定(或支持) 亲生关系: ①起码检测 15 个 STR 基因座(单个基因座的 PE 值  $\geq$  0.5714, 下同), 争议父与孩子之间没有发现不符合孟德尔遗传规律的基因座(以下简称矛盾基因座); 或检测 19 个 STR 基因座, 只发现 1 个矛盾基因座; 或检测 28 个 STR 基因座, 只发现 2 个矛盾基因座; 或检测 35 个 STR 基因座, 只发现 3 个矛盾基因座; ②累计 PI 值  $\geq$  10 000(亲权概率  $W \geq$  0.999 9, 假定前概率 = 0.5)。(3) STR 分型结果符合下述条件者, 可做出否定亲生关系的结论: 出现 4 个或更多矛盾 STR 基因座; 累计 PI 值  $< 1/1\ 000$ <sup>[2-3]</sup>。

#### 2.2 单亲案的判断标准

(1) 亲权鉴定分析技术体系的系统效能达到累计非父排除率(CPE<sub>m</sub>) > 0.999 9。(2) STR 分型结果符合下述条件者, 可以做出不排除(或支持) 亲生关系的结论: ①最少检测 18 个 STR 基因座(单个基因座的 PE<sub>m</sub> 值  $\geq$  0.411, 下同), 无矛盾基因座出现; 或检测 29 个 STR 基因座, 只出现 1 个矛盾基因座; 或检测 41 个 STR 基因座, 只出现 2 个矛盾基因座; ②累计 PI 值  $\geq$  10 000(亲权概率  $W \geq$  0.999 9, 假定前概率 = 0.5)。(3) STR 分型结果符合下述条件者, 可以做出否定亲生关系的结论: ①出现 3 个或

更多矛盾 STR 基因座;②累计 PI 值  $< 1/1\ 000^{[2-3]}$ 。

### 2.3 单亲案鉴定未发现矛盾基因座时的结论

描述为“不排除存在亲生关系”比使用“支持存在亲生关系”更合适。需要注意:(1)矛盾基因座的 PI 值按 Brenner 等<sup>[4]</sup>介绍的方法计算;(2)如果实验室储备的常染色体 STR 基因座数目不能满足要求,可以根据亲权鉴定案件的类型加做 Y-STR 单体型检测、或 X-STR 检测、或 mtDNA 非编码区测序,或采用 RFLP 技术,或选用多项技术帮助确定是否存在亲生关系。

### 2.4 不同地区人群的群体遗传学资料

鉴于不同地区人群的群体遗传学资料有相当的差异,因此在计算各种概率时,建议使用与被鉴定人属于同一群体的群体遗传学资料。

## 3 出现矛盾基因座时的处理策略说明

### 3.1 STR 基因座总数的理论值计算

亲权鉴定中,在出现不同数目的矛盾 STR 基因座又要求达到 PI 值  $\geq 10\ 000$  时,应该检测的 STR 基因座总数的理论值计算,按照下列二项分布公式<sup>[5]</sup>:

$$P(m) = C_n^m (1-\pi)^{n-m} \pi^m \quad (\text{公式 1})$$

其中, $P(m)$ 表示检测总数为  $n (\geq 13)$  个 STR 基因座后出现  $m (0 \sim 4)$  个矛盾基因座,在假设争议父亲为生物学父亲(或是随机男人)时的概率; $n$  表示检测的 STR 基因座总数, $\pi$  表示平均非父排除率(三联体案时等于 0.571 4,在否定父权时用)或平均突变率(等于 0.001 7,在肯定父权时用,采用的数据来自 13 个 CODIS STR 基因座和 Penta D 和 Penta E 的非父排除率,0.571 4 为上述基因座的平均非父排除率,0.001 7 为上述基因座的平均突变率,数据来自 AABB<sup>[6]</sup>)。

其计算步骤可分为两步,先分别计算出发现不同数目矛盾 STR 基因座情况下的争议父是生物学父亲的概率或是假父亲(随机男人)的概率;第二步计算 PI(LR)值(=生物学父亲的概率/假父亲的概率);将计算出来的数值排列成表。从中选择出  $m = 0$ (或 1, 2, 3, 4),且 LR 值(即 PI 值)  $\geq 10\ 000$  时,查到需要检测的 STR 基因座总数( $n$ )。

### 3.2 单亲案鉴定时,非父排除率( $PE_M$ )的计算

(1)缺少双亲中一方的遗传信息,会使 STR

基因座的 PE 值降低,此时单个 STR 基因座的 PE 值计算公式如下<sup>[7]</sup>:

$$PE_M = \sum_{i=1}^n P_i^2 (1-P_i)^2 + \sum_{1 \leq i < j} 2P_i P_j (1-P_i - P_j)^2 \quad (\text{公式 2})$$

其中  $PE_M$  代表该基因座在单亲案鉴定时的非父排除率, $n$  代表该基因座的等位基因总数, $P_i$  代表第  $i$  个等位基因的频率, $P_j$  代表第  $j$  个等位基因的频率。

比起三联体案来说,单亲案需要检测更多的 STR 基因座,才可能达到 PI 值  $\geq 10\ 000$  的阈值。

(2)单亲案累积非父排除率的计算,按下列公式<sup>[6]</sup>:

$$CPE_M = 1 - \prod_{i=1}^n (1 - PE_{M_i}) \quad (\text{公式 3})$$

其中  $CPE_M$  代表使用多个 STR 基因座的累计非父排除率, $n$  代表使用的 STR 基因座总数, $PE_{M_i}$  代表第  $i$  个基因座单亲案鉴定时的非父排除率。

(3)采用 STR 分型技术时,每个正常个体 DNA 图谱要达到下述要求:

①等位基因的荧光峰值(或峰面积,下同)  $> 100$  RFU; ②每个基因座上最多只有 2 个等位基因; ③杂合子时,两个等位基因的荧光峰值相互接近;纯合子时,等位基因的峰值相当于杂合子单个等位基因峰的两倍; ④同一批实验的各种对照结果均正确。

(4)以上推荐的判断标准在中山大学法医鉴定中心物证鉴定室几年来受理的 15 024 例(其中双亲案 9 589 例,单亲案 5 435 例——数据统计由童大跃副主任法医师负责)亲子鉴定实践中应用,没有发现当事人有任何的争议。实践结果证明是科学的,因而值得推广。

## 4 单亲案鉴定结论表述的说明

### 4.1 结果未发现矛盾基因座时的结论表述方式

采用 STR 分型技术作单亲案鉴定,结果未发现矛盾基因座时,将结论表述为“肯定亲生关系”或“支持存在亲生关系”可能存在陷阱。案例如下:①Thomson 等<sup>[8]</sup>用计算机模拟作了 10 000 例侄/叔对的 16 个 STR 基因座(包括 13 个 CODIS 基因座)的分析。结果是出现 3 个或更多矛盾基因座的占全部案例的 63.4%,出现 2 个矛盾 STR 基因座的有 14.9%,只出现 1 个矛盾基因座的占

11.6%。有3.3%的侄/叔对全部基因座都不矛盾。②von Wurmb-Schwark等<sup>[9]</sup>的实验结果也类似,125例侄/叔对作了15个STR基因座分析,有4%(5例)是完全不矛盾的。③Poetsch等<sup>[10]</sup>对336个儿童和348个无关男人检测15个STR基因座(包括13个CODIS基因座)的结果,用计算机分析作116 004次比对中,有26例儿童/无关男人对没有发现矛盾STR基因座,其中4例的父权概率还超过0.999 9(0.999 93~0.999 96,前概率=0.5)。但是如果这些案例同时检查孩子的母亲后,就会发现这4个无关男人与孩子之间分别有1、4、6和9个矛盾STR基因座。④吕德坚等<sup>[11]</sup>进行了同样的实验,结果类似。⑤陈勇等<sup>[12]</sup>的报告亦说明争议父(或母)与生物学父亲存在近亲血缘关系时,不能轻易对未发现矛盾基因座的争议父、子(单亲案)作出“支持亲生关系”的结论,否则会造成误判。

#### 4.2 单亲案鉴定未发现矛盾基因座时,可以选择的表述方式

(1)不排除存在亲生关系。无法确定争议父(或母)是否为孩子生物学父(或母)的近亲属时,宜选用“不排除存在亲生关系”的表述。是否“支持亲生关系”,由法院或当地的行政机关调查后定。

(2)支持存在亲生关系。若能确定争议父(或母)不是孩子生物学父(或母)的近亲属(如父、或母、或同胞兄弟姐妹)时,可选用“支持存在亲生关系”的表述方式(另一种选择,可以在“司法鉴定协议书”中由当事人自己申述争议父(或母)不是孩子生物学父(或母)的近亲属——当事人注明“所提供的情况真实,否则需要承担法律责任”)。

**致谢:**作者感谢所有参加第二届《全国亲子鉴定理论与实践研讨会》讨论的亲权鉴定实验室代表。

#### 参考文献:

[1] Thomsen AR, Hallenberg C, Simonsen BT, et al. A

report of the 2002–2008 paternity testing workshops of the English speaking working group of the International Society for Forensic Genetics [J]. *Forensic Sci Int: Genet*, 2009, doi:10.1016/j.fsigen.2009.01.016.

- [2] Gjertson DW, Brenner CH, Baur MP, et al. ISFG: Recommendation on biostatistics in paternity testing [J]. *Forensic Sci Int Genetics*, 2007, 1(1):223–231.
- [3] 伍新尧,童大跃,朱运良,等.用STR分型技术作亲权鉴定时判断标准的研究[J].*中山大学学报:医学科学版*,2010,31(1):1–6.
- [4] Brenner CH. Mutation in paternity. (2009–07–10) <http://dna-view.com/mudisc.htm#more%20examples>
- [5] 朱运良,欧雪玲,蔡贵庆,等.用STR进行亲子鉴定时结果的判定及其理论基础[J].*中山大学学报:医学科学版*,2004,25(6):534–537.
- [6] America Association of Blood Banks. Annual report summary for testing in 2002[DB/OL]. (2003–11–01) <http://www.aabb.org/about-the-AABB/stds-and-Accred/ptanrpt02.pdf>.
- [7] 朱运良,黄艳梅,伍新尧.单亲案亲子鉴定的策略和判断标准[J].*法医学杂志*,2006,22(9):281–284.
- [8] Thomason JA, Ayres KL, Pilotti V, et al. Analysis of disputed single-parent/child and single relationships using 16 STR loci [J]. *Int J Legal Med*, 2001, 115(3):128–134.
- [9] Von Wurmb-Schwark N, Malyusz V, Simeoni E, et al. Possible pitfalls in motherless paternity analysis with related putative fathers [J]. *Forensic Sci Int*, 2006, 159(9):92–97.
- [10] Poetsch M, Ludcke C, Repenning A, et al. The problem of single parent/child paternity analysis: Practical results involving 336 children and 348 unrelated men [J]. *Forensic Sci Int*, 2006, 159(8): 98–103.
- [11] 吕德坚,陆惠玲. DNA亲权鉴定[M].广州:暨南大学出版社,2005:2–6.
- [12] 陈勇,伍新尧,孙宏钰,等.争议父(母)与真父(母)有血缘关系的亲权纠纷案鉴定2例[J].*中国法医学杂志*,2003,18(5):291–291.

(编辑 王晓鹰)

#### 附件:参与亲权鉴定判断标准和结论表述建立的合作实验室或单位(排名不分先后,作者单位未列)

安徽莱蒂克司法鉴定中心、河北白求恩国际和平医院法医物证司法鉴定所、北京华大方瑞司法物证鉴定中心、北京华夏物证鉴定中心、北京警察学院司法鉴定所、辽宁省大连红十字血液中心法医物证司法鉴定所、南方医科大学基础医学院法医系法医鉴定中心、广东省东莞市公安局刑科所、复旦大学上海医学院法医学鉴定中心、复旦大学生命科学院和生物医学研究院、广东珺信法医物证司法鉴定所、广东省妇幼保健院法医物证司法鉴定所、广东太太法医物证司法鉴定所、贵阳医学院法

(下转第44页 to page 44)