

# SWFS 野生动物法医鉴定标准和指导性原则（第3版）

2018年9月11日野生动物法医学会技术工作组提交草案  
2018年11月19日野生动物法医学会（SWFS）理事会批准发布

Translated from English (original) version of the *SWFS Technical Working Group (2018) Standards and Guidelines for Wildlife Forensic Analysis, Version 3*. Ed. Lucy M.I. Webster. Published by the Society for Wildlife Forensic Science, 19<sup>th</sup> November 2018, pp.21. by Hannah Du & Daniel Xu on 28 July, 2020.

本中文版本由杜焯瑜、徐艳春于2020年7月28日译自“野生动物法医学会技术工作组(2018). 野生动物法医鉴定标准和指导性原则(第3版). Lucy M.I. Webster编辑, 野生动物法医学会. 2018年11月19日, pp.15.”的英文（原始）版本。

---

## 1.0 适用范围

本标准和指导性原则为野生动物法医学鉴定中的DNA分析（第四节）、形态学分析（第五节）和木材化学分析（第六节）提供一系列最低标准和指导性原则。本文件还包含法医实验室的实验室管理规范、物证处理和人员培训等关键内容。同时还针对野生动物法医学的特殊需要，对系统发育分析、分类学和参考样品收集等提出一些重要的注意事项。

## 2.0 定义

**注意:** 以下定义适用于本标准和指导性原则的所有条款。各个章节也对相应的概念分别做出具体的定义。

- 2.1 准确度 (Accuracy):** 得到正确结果的能力，如测量值与其准确值（真实值）的一致性程度。
- 2.2 行政审查 (Administrative Review):** 为了确保鉴定报告和附属文件完全符合实验室规章制度以及文档编辑正确无误，而对上述文件所进行的审查。
- 2.3 分析人员 (Analyst):** 实施和（或）指导法医案件样本分析、解释数据、做出结论，以及签署鉴定报告的人。
- 2.4 分析计划 (Analytical Plan):** 对某个案件，根据所要回答的法医学问题、现有的技术、检材的保存状态以及分析结果的价值等，所制定的分析方法的选用计划，通常为实验室标准操作流程（具体参阅下文）。所有非标准的分析计划（如针对新的证据类型时）都要在案卷中详实记录。
- 2.5 监管链 (Chain of Custody):** 完整显示物证的扣押、保管、控制、转移、分析和处置等过程，按时间顺序形成的一系列文件或书面记录。
- 2.6 能力 (Competency):** 对于完成某一特定任务所具备的技术能力和知识。
- 2.7 参考样品库 (Curated Collection):** 按照专门的质控标准所获取的，并与其所产生的科学

数据一并妥善保存的参考样品的总合。

- 2.8 **指导性原则 (Guidelines):** 为非强制性的原则, 分析人员和实验室遵照这些原则可以达到“最佳效果”。有些开展法医鉴定业务的实验室在一些案件中可能无法达到所有指导性原则的要求, 但专业性野生动物法医实验室应尽量遵照。
- 2.9 **已知样品 (Known):** 与物证的属性相同, 且具有确定的拟检验特征 (如个体信息、地理来源) 的样品。这是检材与其进行合理比较的基础。
- 2.10 **鉴定 (Identification):** 通过分类特征来判定检材分类学地位的分析过程。分类特征在不同的分类阶元
- 2.11 **个体同一性鉴定 (Individualization):** 确定一个检材属于某个已知样本而非其他样本的分析过程。
- 2.12 **实验室 (Laboratory):** 一个能够支持实验分析的实体, 包括人员和基础设施。
- 2.13 **精确度 (Precision):** 各个同类的测量值、实验值和/或结果之间一致性的程度。
- 2.14 **参考材料 (Reference Material):** 具有已知身份信息的生物样本, 或由其产生的数据, 或从已发表的资料获取的数据。凭证标本是已知样本组成的标准参考样本, 包含地理来源、生长阶段和性别等相关信息数据。
- 2.15 **标准操作流程 (Standard Operating Procedure, SOP):** 实验室关于法医鉴定流程的专门文件, 包括实验室的规章制度、技术流程和实验方案或分析方法。标准操作流程是受控文件, 始终处于有效状态, 需经批准方能生效。现已失效的早前版本也需妥善存档以供查阅, 实验室必须遵照执行各种标准操作流程。
- 2.16 **标准 (Standards):** 是确保分析人员能够得出精准的分析结果, 并以公正、客观的方式表述这些结果所必需的、强制性的、最低限度的实践要求。有些标准还配以评估准确性、精确性和客观性的方法, 如跟踪试剂和设备的性能, 或对分析产物和报告的技术审查等。标准是不容妥协的, 无论在研究实验室还是专业的法医实验室, 每一位分析人员都必须遵守。标准和指导性原则也可以根据新的理念、信息和创新成果进行修订。
- 2.17 **技术审查 (Technical Review):** 对鉴定报告、案件记录、数据和其他文件进行审查, 以确保得到的科学结论有合理的、充分的依据。
- 2.18 **有效性验证 (Validation):** 为确定一种技术或流程或其改进版本的可靠性而进行的一系列的实验过程。方法的有效性验证表明该分析方法能够达到预定的要求。

## 3.0 通用标准和指导性原则

### 3.1 人员培训

- 3.1.1 **标准:** 每个实验室都应该针对人员培训 (无论是否有经验) 制定专门的标准操作流程 (SOP), 该SOP应达到以下标准:
- 3.1.2 **标准:** 每个从事野生动物法医鉴定的实验室都必须有职业道德规范, 所有工作人员必须遵守, 且明确声明以专业、保密和公正的态度开展工作。
- 3.1.3 **指导性原则:** 针对所有分析人员和主管都应该制定相应的培训计划书。
- 3.1.4 **标准:** 实验室所有处理物证的人员在独立工作前应进行岗前培训, 培训内容包括:
  - 3.1.4.1 关于生物样品的健康和安全
  - 3.1.4.2 证据监管链

#### 3.1.4.3 证据的安全运输、保管和处理

3.1.5 **标准：**每个分析人员在独立开展案件分析之前，必须具备正确使用所选方法的能力，并通过盲测。

3.1.6 **指导性原则：**在独立开展案件分析之前，分析人员的培训应包括：

3.1.6.1 认知偏差

3.1.6.2 相关法律法规

3.1.6.3 专家证人证言

## 3.2 物证处理

3.2.1 **标准：**实验室应制定标准操作流程（SOPs），以确保物证在储存、处理、检验以及以下环节的任何时候的完整性：

3.2.1.1 物证接收

3.2.1.2 受理的标准

3.2.1.3 追踪

3.2.1.4 存储

3.2.1.5 转移

3.2.1.6 分析结束后的处置

3.2.1.7 防丢失

3.2.1.8 防污染

3.2.1.9 防篡改

3.2.2 **标准：**物证和由其产生的数据应在任何时候都以可控和安全的方式存储和分析。

3.2.2.1 物证应保存于上锁的场地。

3.2.2.2 数据应存储在安全、有授权限制的地方。

**注意：**受控存取包括以上锁保存物证、仅限于法医学分析的区域、数字数据的加密保护等。非法医鉴定人员接触物证时应有人陪同或监督。

3.2.3 **标准：**物证监管链应始终保持完整。

3.2.4 **标准：**所有物证都应具有唯一的识别码和所有经手人的签字。

3.2.5 **标准：**每个物证样本应尽可能在实验室中留存一部分，以便将来进行独立复核。

3.2.6 **标准：**如因鉴定需要，对物证的预处理可能改变其原本形态时（如为进行分子生物学分析需要切下部分样本），应在发生变化前拍照记录。

3.2.7 **标准：**处理物证时，不仅要考虑满足当前分析的需要，还应慎重考虑当前的处理可能对后续分析产生何种影响。

3.2.8 **指导性原则：**如果当前所做的处理肯定会对后续分析造成影响，在处理前应征询相关方的意见。

3.2.9 **标准：**用于科学研究的试剂和用于案件分析的试剂应当分开存放，不可交叉使用使用。

3.2.10 **标准：**如果使用同一件仪器处理研究样品和案件检材时，应在时间或空间上有严

格的差分。

### 3.3 设备和方法

- 3.3.1 **标准：**用于案件分析的仪器，在使用前应当进行性能检测。仪器的性能可以通过代表性样品（案件检材同类型的样品或阳性对照样品）的分析是否达到预期结果来判断。在以下情况时必须进行性能检测：
- 3.3.1.1 新的仪器投入使用之前
  - 3.3.1.2 定期的性能检测（至少按制造商要求的频率）
  - 3.3.1.3 仪器被借用归还之后
- 3.3.2 **标准：**实验室应对所有的分析方法制定标准操作流程（SOP），新方法的验证也应有标准操作流程。
- 3.3.3 **标准：**分析方法须经过有效性验证方可用于案件鉴定。
- 3.3.4 **标准：**使用其他实验室验证过的方法或发表在经同行评议的文献上的方法前必须在本实验室进行内部验证。内部验证应在方法用于案件鉴定之前进行，并足够严格和详细，以确认该方法能够在本实验室得到预期的实验结果。
- 3.3.5 **指导性原则：**如果可以，应遵循以下验证标准：
- 3.3.5.1 针对特定问题的文献综述，并提供相关参考文献的列表。
  - 3.3.5.2 分析的准确性：准确性可通过分析可追溯的对照样品来确定。
  - 3.3.5.3 分析的精确性：精确性可通过对已知样品的重复检测来确定。
  - 3.3.5.4 分析的特异性：特异性可采用目标物种的近缘种、潜在的DNA污染的物种，替代种、以及其他来源（组织类型或基质）的DNA样品来评估。
  - 3.3.5.5 应确定和评估影响准确性的因素（如血液中的污染物、基质、真菌或病原体污染等）。
- 3.3.6 **指导性原则：**制定清晰的实验室分析计划是极为重要的。对标准操作流程（SOP）中没有涉及的问题（如新的样品类型或新问题），应该另行制定分析计划，并列入案件记录。任何与该计划不一致的地方也应完全记录在案。

### 3.4 参考样品和样品收集

- 3.4.1 **标准：**从事野生动物法医分析的实验室应持有参考样本，或能够使用其他来源的可靠的参考样本。
- 3.4.2 **标准：**实验室应针对分类学鉴定的参考样本的信息管理和保存，制订一套标准操作流程（SOP），包括：
- 3.4.2.1 建档和信息综合管理的流程
  - 3.4.2.2 保护检材免受降解
  - 3.4.2.3 当前使用的分类学名称
- 3.4.3 **标准：**案件鉴定中所使用的参考样本和数据库，应在案件文档中明确记录。
- 3.4.4 **标准：**生物参考样本在用于案件分析之前必须经过身份信息的验证。形态学参考样本必须与实验室现存的参考样本、大型自然历史标本收藏机构（如主要博物馆）的标本或专业文献（如分类学著作、检索表或野外手册等）中的形态学描述

进行对照验证。

- 3.4.5 **标准：**实验室应建立专门的目录或数据库，用以保存所有参考样本或DNA序列的分类学信息、地理来源和样品来源等相关信息。
- 3.4.6 **标准：**分类学鉴定报告中应给出当前公认的拉丁学名。
- 3.4.7 **标准：**衡量分类学鉴定的科学性时，应使用权威参考信息（如公开发表的科学文献或数据库）。
- 3.4.8 **指导性原则：**实验室分析人员应具有在报告中引用物种命名人的意识。
- 3.4.9 **指导性原则：**每个分析人员都应具有标注同物异名或其他潜在分类学名称的意识。
- 3.4.10 **指导性原则：**确定野外检材的亚种时，只能基于准确的地理来源数据，并结合当前公认的亚种分布范围做出判断。

### 3.5 案件文档

- 3.5.1 **标准：**案件文档应包括以下内容：
  - 3.5.1.1 证据监管链
  - 3.5.1.2 送检要求
  - 3.5.1.3 工作笔记
  - 3.5.1.4 任何电子数据的存储位置
  - 3.5.1.5 技术审查文件
  - 3.5.1.6 最终报告
- 3.5.2 **指导性原则：**案件文档还应包括其他相关文件，如分析计划、原始数据文件、电子邮件、与案件有关的其他外部通信记录、运输和接收文件、物证或包装的照片文件。
- 3.5.3 **标准：**工作笔记中的信息应足够详细，其他具备相关能力的分析人员在相同方法和测试条件下能够进行重复分析。
- 3.5.4 **标准：**分类学鉴定中如果用到地理来源的假设，应记录在案件文档中。

### 3.6 鉴定报告

- 3.6.1 **标准：**鉴定报告的内容应包括方法、结果和结论。报告中应包含足够的细节使其他专家能够查清是如何完成分析和得出结论的。
- 3.6.2 **标准：技术审查：**所有鉴定报告在发出之前都应由在该领域中具有渊博知识和突出专长的其他科学家进行技术准确性审查。
- 3.6.3 **指导性原则：行政审查：**所有鉴定报告均应由专门人员进行审核，以确保格式和编辑内容的正确性。

**注意：**理想情况下，技术审查和行政审查应该由不同的人来完成。
- 3.6.4 **指导性原则：**技术审查应在案件文档中有所体现，如技术审查修改了报告草稿中的有关内容，且影响了对结果的解析，则所做修改应详细记录在案。
- 3.6.5 **标准：**所有鉴定报告都应载明参与数据总结和解析的人员的名单。

- 3.6.6 **标准:** 结论中使用的术语, 例如“匹配”、“与……一致”等的含义, 应由每个出具报告的实验室专门定义。
- 3.6.7 **标准:** 报告中必须给出用于表明结论可信度的统计检验, 例如随机匹配概率或似然比。

## 4.0 DNA 分析标准和指导性原则

野生动物DNA分析是野生动物法医学的分支学科, 它通过分子遗传技术检测野生动物的组织和相关产品, 鉴别其所属的科、属、种、种群甚至个体。当检材缺乏形态特征时, 尤其是只有微量检材(血液、体液)、部分器官(内脏组织、工艺品、骨骼、鹿角等)、降解或加工过的组织(熟肉、鱼片、木材、中药等)时, 采用遗传学分析是进行个体鉴别和分类学鉴定的有效选择。

以下标准和指导性原则主要针对野生动物物证遗传学分析时(如限制性片段长度多态性、单核苷酸多态性或蛋白质分析)需要注意的事项, 也涵盖了目前广泛使用的具体分析技术, 如用于分类特征分析的DNA测序技术、用于鉴别个体的短串联重复序列(STR)片段分析技术和单核苷酸多态性(SNP)分析技术等。随着此领域的发展, 这些标准和指导性原则也将不断完善。

### 4.1 DNA分析相关名词的定义和简称

- 4.1.1 **分析阈值 (Analytical Thresholds):** 在STR分析中, 认定等位基因时所参照的电泳信号峰值的最小值和最大值。
- 4.1.2 **Bin:** 在STR分析中, 每个等位基因大小的浮动范围(根据经验数据来确定)。
- 4.1.3 **污染 (Contamination):** 外源DNA意外引入到DNA样品或PCR反应中。
- 4.1.4 **电泳图 (Electropherogram):** 基因分析仪产生的电泳分析结果图。
- 4.1.5 **提取阴性对照 (Extraction Negative Control):** 也称试剂空白对照 (Reagent Blank), 即无模板DNA的对照样品, 用于确定提取、片段或序列结果是否受到污染。阴性对照与已知样本应一同进行实验分析。
- 4.1.6 **基因型 (Genotype):** 有机体或细胞的遗传组成; 也指核基因或线粒体基因位点上特定的等位基因组合。
- 4.1.7 **杂合 (Heterozygous):** 在STR分析中, 等位基因表现为双峰, 且峰高较为均衡。
- 4.1.8 **纯合 (Homozygous):** 在STR分析中, 等位基因表现为单峰。
- 4.1.9 **低拷贝数分析 (Low Copy Number Analysis):** 从质量很差或数量很少的DNA样品中获得结果的一种分析手段, 例如增加PCR的循环数、改变试剂的浓度等。
- 4.1.10 **线粒体的单倍型 (Mitochondrial Haplotype):** 在特定的线粒体DNA区域得到的碱基序列。
- 4.1.11 **PCR:** 聚合酶链式反应。
- 4.1.12 **PCR 阴性对照 (PCR Negative Control):** 用于测试扩增试剂是否被DNA污染的对照, 其PCR体系仅由扩增试剂组成, 不含有任何模板DNA。该对照应与检材样品同时进行实验分析。

- 4.1.13 **PCR 阳性对照 (PCR Positive Control)**: 用于测试PCR扩增是否正确进行的对照, PCR体系由扩增试剂和已知的DNA模板组成。该对照组应与检材样品同时进行实验分析。
- 4.1.14 **信号峰 (Peak)**: 电泳图中位于基线之上的一个明显的近三角形截面。在STR分析中, 确定一个信号峰是否是等位基因主要取决于设备分析软件所设置的参数。
- 4.1.15 **峰高 (Peak Height)**: 也称峰幅 (Peak Amplitude), 是指信号峰最高点的数值。
- 4.1.16 **峰高比 (Peak Height Ratios)**: 在STR分析中, 较低信号峰的高度与较高信号峰的高度之比, 以百分比表示。
- 4.1.17 **短串联重复序列 (Short Tandem Repeats, STRs)**: 也称微卫星, 是一种通常包含2~5个核苷酸重复序列的多态性DNA片段。STR通常被用于个体鉴别, 其核心序列的重复单元的重复次数在群体中具有较高的变异性。
- 4.1.18 **单核苷酸多态性 (Single Nucleotide Polymorphism, SNP)**: 目的DNA片段上特定核苷酸位置的碱基变异 (通常是双等位基因)。SNP可用于物种鉴定、种群/地理种群鉴别和个体鉴别。
- 4.1.19 **Theta ( $\theta$ )值**: Wright's  $F_{ST}$ 统计量的估算值 (NRC, 1996), 用于表示种群的遗传结构; 在个体同一性鉴定时, 如果参考种群存在显著的遗传结构, 则将该值纳入匹配概率的公式中, 矫正匹配概率因遗传分化而引起的误差。

## 4.2 DNA分析的通用标准和指导性原则

### 4.2.1 实验室

- 4.2.1.1 **标准**: 实验室应制定设施、设备清洁和消除污染的标准操作流程。
- 4.2.1.2 **标准**: 案件分析工作和常规研究工作应分时或分地进行。
- 4.2.1.3 **标准**: PCR之前和之后的操作区域应严格分开。
- 4.2.1.4 **标准**: 除非经过消除污染的处理, 否则仪器设备、PCR产物、耗材等不得从PCR之后的区域移到PCR之前的区域。

### 4.2.2 DNA 提取

- 4.2.2.1 **标准**: 实验室应针对所用的DNA提取方法逐一制定标准操作流程。
- 4.2.2.2 **标准**: 每组DNA提取实验都应包含至少一个提取阴性对照。
- 4.2.2.3 **标准**: 参考样品的DNA提取要与案件物证的DNA提取分时或分地进行。
- 4.2.2.4 **标准**: 在多份检材与已知样本逐一进行比较时, 每份检材应分时或分地处理。
- 4.2.2.5 **指导性原则**: 微量样品的提取和扩增应在高拷贝数DNA样品之前进行; 检材样品的提取应在参考样品和已知样品之前进行。
- 4.2.2.6 **指导性原则**: 如果实验对DNA模板浓度敏感, 则应在扩增前对DNA进行定量。

### 4.2.3 PCR扩增

- 4.2.3.1 **标准**: 实验室应针对所用的PCR方法逐一制定标准操作流程。
- 4.2.3.2 **标准**: 案件鉴定使用的引物应记录在案件文件中。
- 4.2.3.3 **标准**: 案件鉴定使用的引物应经过有效性验证, 以确定其PCR反应条件

的范围和出现假阳性和假阴性结果的可能性。

**注意：**根据不同的实验需求，引物的有效性测试可以包括梯度稀释的模板浓度、不同的试剂浓度、不同的退火温度、不同的循环数，以及用近缘种模板测试引物的特异性等。

4.2.3.4 **标准：**每批次PCR反应均应包括提取阴性对照、PCR阴性和阳性对照。

4.2.3.5 **指导性原则：**检材的结果是否来源于污染应参照阳性对照样品的基因型来确定。

4.2.3.6 **标准：**PCR阴性和阳性对照以及DNA提取阴性对照（如测序或片段大小的确定）应由始至终与物证检材一同进行分析。

#### 4.2.4 结果的解析

4.2.4.1 **标准：**如果阴性对照得到的基因型与检材的基因型相同，则检材的结果不可用。

4.2.4.2 **标准：**实验室应把以下问题写入相应的标准操作流程：

4.2.4.2.1. 在阳性对照、阴性对照或案件检材中检测到污染。

4.2.4.2.2. 数据分析、解释和最低接受阈值。可用PHRED分值、信号强度或峰高数据等作为数据质量的指数。

4.2.4.3 **指导性原则：**如果实验室使用降解的或低拷贝数的DNA样品进行实验分析，则应制定专门的标准操作流程规范此类样品的实验分析和数据解析。

### 4.3 测序的标准和指导性原则

4.3.1 **标准：**实验室应针对以下工作制定标准操作流程：

4.3.1.1 核苷酸序列的编辑和比较

4.3.1.2 受污染的或混合物的序列

4.3.1.3 异质性

4.3.2 **标准：**基于序列数据的分类学鉴定应考虑以下因素：

4.3.2.1 参考数据的合理性，包括近缘物种的代表性

4.3.2.2 近缘物种种间遗传距离的分布

4.3.2.3 动物的生物地理学分布情况、生活史和分类学地位

4.3.2.4 已发表的系统进化关系

4.3.3 **标准：**以公共数据库中的序列作为参照时（如美国国家生物技术信息中心的基因库 GenBank），分析人员应了解此类数据库中数据的质量可能良莠不齐，应该设法对所用的数据进行可靠性评估。

4.3.4 **指导性原则：**物种的判定不应基于公共数据库中的单个序列，如果实在无法获得其他数据，则应在报告中说明结论的局限性。

4.3.5 **标准：**线粒体单倍型频率的统计应考虑参考数据的合理性和完整性。

### 4.4 STR分型的标准和指导性原则

4.4.1 **标准：**实验室应对以下工作制定标准操作流程：



- 4.4.1.1 基因分型时应给每个等位基因的信号强度定义一个阈值，阈值可根据数据采集平台的一般性阈值设定，也可根据内部有效性验证所获得的经验值来设定。
- 4.4.1.2 制定一套确定等位基因和基因型的最低标准，并在最终鉴定报告中注明。
- 4.4.1.3 确定每个等位基因片段大小的浮动范围（Bin）。
- 4.4.1.4 从Stutter峰和Pull-up峰等各种信号峰中甄别出真正的等位基因信号峰。
- 4.4.1.5 区分单一来源、多个来源和不完全的基因型。
- 4.4.1.6 使用已建立的公式（例如NRC，1996）来计算个体同一性的匹配概率。
- 4.4.1.7 种群来源鉴定，包括适当的统计支持。
- 4.4.2 **标准：**内标应与待测样品混合后一起进行电泳，以控制信号峰偏移造成的影响。当待测样品的信号峰位于某个等位基因的大小范围（Bin）内时，才能确定其是所对应的等位基因。
- 4.4.3 **标准：**当不同实验室之间分享数据时，确定等位基因的标准应一致（如利用已知基因型的样品进行质控）。
- 4.4.4 **标准：**每个实验室使用的微卫星位点都应经过内部有效性验证。
- 4.4.5 **标准：**个体匹配概率的估计都应考虑种群结构的影响，并进行适当的修正。  
**注意：**对应迁移能力不高或非随机交配的种群，应给出种群结构的检验。如某一物种的Theta ( $\theta$ ) 未知，比较保守的办法是参照具有相似种群结构的其他类群的 $\theta$ 值进行矫正。
- 4.4.6 **标准：**在进行种群来源鉴定时，参考数据库必须涵盖各个地理种群，且样本量足够大。如果在比较中未能包含某个有效的地理种群，应在结论中给以说明。

## 4.5 SNP分型的标准和指导性原则

- 4.5.1 **标准：**实验室应对以下过程制定标准操作流程：
  - 4.5.1.1 SNP位点的扩增（如实时定量PCR、等位基因特异性PCR）。
  - 4.5.1.2 制定SNP基因分型的最低标准（如与阳性对照的聚类、最小峰高）。这些标准可根据数据采集平台的一般性阈值来设定，也可根据内部有效性验证所获得的经验值来设定。
  - 4.5.1.3 区分单一来源样品和多来源样品。
  - 4.5.1.4 使用已有的公式（例如NRC，1996）来计算个体匹配概率。
  - 4.5.1.5 种群来源鉴定，包括提供适当的统计支持。
- 4.5.2 **指导性原则：**阳性对照应包括每个位点的所有可能基因型，可以是已知基因型的DNA样品，也可以人工制造的阳性对照。
- 4.5.3 **标准：**进行毛细管电泳时，内标应与待测样品混合并一起进行电泳，以调节信号峰偏移产生的影响。
- 4.5.4 **标准：**当实验室之间分享数据时，SNP等位基因的标准应协调一致（如用已知基因型的样品进行质控）。
- 4.5.5 **标准：**每个实验室使用的位点都应经过内部有效性验证。

4.5.6 **标准:** 个体匹配概率的计算应考虑种群结构的影响, 并进行适当的修正。

**注意:** 对于迁移能力不高或非随机交配的种群, 应给出种群结构的检验。如某一物种的 Theta ( $\theta$ ) 未知, 比较保守的办法是参照具有相似种群结构的其他类群的 $\theta$ 值进行矫正。

4.5.7 **标准:** 在进行种群来源鉴定时, 参考数据库必须涵盖各个地理种群, 且样本量足够大。如果在比较中未能包含某个有效的地理种群, 应在结论中给以说明。

## 5.0 形态学标准和指导性原则

形态学是研究形状的科学。形态比较是经典的生物结构和进化研究的基础, 对分类学家、解剖学家、古生物学家、考古学家以及法医人类学家的科学工作极为重要。大量的同行评议文献中建立了严谨、实用的形态学比较方法。

在野生动物法医学工作中, 形态学是通过形态学比较来鉴定野生动物及其产品的学科, 通常可以鉴别到科、属或种。根据物证的属性, 可以采用各种宏观和微观比较的方法。

值得注意的是, 几乎所有法医形态学鉴定都采用某个分类阶元的特征, 而不是个体特征。科学家根据公认的定量和/或定性的形态特征来描述或定义科、属、种等分类阶元。这些分类特征与物种的进化谱系有着可靠的联系。相比之下, 个体鉴定则需要根据特定个体的唯一性特征。在野生动物案件中很少采用形态特征进行个体鉴定。

### 5.1 形态学通用标准和指导性原则

#### 5.1.1 形态学鉴定的基础

5.1.1.1 **标准:** 分析人员应该检测、描述和记录检材与已知的参考样品和/或科学的参考资料之间的形态相似性。

5.1.1.2 **指导性原则:** 在形态学鉴定中, 可酌情使用科学参考资料。参考资料可是科学文献、分类学著作、形态计量数据、检索表、野外指南和可靠的图像数据库。

5.1.1.3 **标准:** 分析人员应考虑所用特征的判别力及其在种间和种内的变异程度。

5.1.1.4 **指导性原则:** 如果一个物种的某一地理来源在解析某一形态特征特别重要, 那么分析时应该选择与其最相关的参考资料。

5.1.1.5 **指导性原则:** 形态学描述和结果解析应按照分类阶元从高到低的顺序进行, 首先是目的特征, 然后是科的特征, 最后是特定的属和种的特征。

#### 5.1.2 形态学检验过程--样本的外部检验

5.1.2.1 **标准:** 分析人员应注意检材的完整性和状态, 以及是否存在分类特征。

5.1.2.2 **标准:** 当检材不是一个完整的个体时, 分析人员应评估基于现有特征能够鉴定出的分类阶元。

5.1.2.3 **标准:** 应注意检材的年龄和性别。分析人员应确定参考资料中的数据描述和物种鉴别特征是否适合当前的检材。譬如, 成年动物的形态测量数据通常不适用于幼年个体。

#### 5.1.3 形态学检验过程--骨骼检验

5.1.3.1 **标准:** 未经相关方的同意, 不得剥离检材中的骨骼。

- 5.1.3.2 **指导性原则：**实验室应针对骨骼清理制定一套标准操作流程。
- 5.1.3.3 **标准：**骨骼物证的分析应包含基本描述、物理状况，以及是否有掩埋或人为导致的变化。
- 5.1.3.4 **指导性原则：**确定年龄组（成体、亚成体、幼体或新生儿）时，分析人员应首先评估是否有足够的检材可供分析，然后再评估校订年龄的特征（如骨骼干骺融合程度或哺乳动物牙齿萌出或磨损的程度）。

#### 5.1.4 形态学检验过程--显微结构

- 5.1.4.1 **标准：**检验皮肤附属物（如毛发和羽毛）时，宏观检验应记录颜色、图案、大小或形状等外观特征，而微观检验应记录内部和/或外部的详细结构。
- 5.1.4.2 **标准：**应参照已知参考标本（如毛发或羽枝的压模片）进行鉴定。如果没有已知参考标本，则参照上文5.1.1.2中规定的根据科学文献进行鉴定。
- 5.1.4.3 **指导性原则：**检验或比较毛发/羽毛/鳞片等的微观特征时，应将检材和参考样品都固定在载玻片上，固定剂的折射率应与角蛋白接近（如二甲苯或二甲苯替代品）。
- 5.1.4.4 **指导性原则：**当形态学检材中含有哺乳动物毛发时，应采用信息量大的毛发类型，通常是针毛。

#### 5.1.5 形态学检验过程--植物学鉴定

- 5.1.5.1 **标准：**应参照已知参考标本（如植物标本馆或木材标本馆的标本）进行鉴定。如果没有已知参考标本，则参照上文5.1.1.2中规定的根据科学文献进行鉴定。

### 5.2 文件记录标准与指导性原则

- 5.2.1 **标准：**在根据形态特征进行分类鉴定时，分析人员应在案件文件中记录以下内容：
  - 5.2.1.1 作为物证接收的检材类型（如全部或部分生物个体、骨骼、牙齿、羽毛、毛发、象牙雕刻品、皮革、原木、木材圆盘、薄木饰面、手工制品等）。
  - 5.2.1.2 物证的完整性和状态。
  - 5.2.1.3 可用的形态学特征。
  - 5.2.1.4 用于辅助鉴定的其他特征（如木材检材的密度、颜色等）。
  - 5.2.1.5 用于结果验证的参考资料和/或数据来源。

## 6.0 分类鉴定中的化学分析的标准和指导性原则

形态学或遗传学无法鉴定时，可采用化学分析进行辅助鉴定。例如，树木和其他植物合成的天然化合物往往是一个物种或更高分类阶元所独有的特征。这些化合物可以用红外光谱仪和质谱仪等来鉴定。同样，来自不同动物的角蛋白分子可以用化学方法进行分析，得到其他技术所无法得到的鉴别特征。

### 6.1 分类鉴定中化学分析的通用标准和指导性原则

- 6.1.1 **标准：** 分析人员应检验、分析、记录检材与已知参考样本在化学组分图谱上的相似性。
- 6.1.2 **标准：** 分析人员应考虑所用特征的鉴别力及其在种间和种内变异程度。
- 6.1.3 **指导性原则：** 化学分析中使用的科学文献应包括基础科学文献和/或分类学著作。
- 6.1.4 **指导性原则：** 用于帮助鉴定的参考资料应可追溯到原文。
- 6.1.5 **标准：** 依靠公共数据库的鉴定不应仅仅依据单一的化学组分图谱、单一的化学光谱或化合物。在极少数下，仅能依据单一数据做出鉴定结论时，应在鉴定报告中说明该结论的局限性。
- 6.1.6 **标准：** 地理来源鉴定必须参照相关参考样本。
- 6.1.7 **标准：** 基于化学指纹数据的分类鉴定应考虑：
  - 6.1.7.1 参考样品的合理性和完整性，应包括近缘物种以及外观相似的物种。
  - 6.1.7.2 检材的生物地理学分布情况、生活史和分类学地位。
  - 6.1.7.3 已发表的系统进化关系。

## 附录：参考文献

此处所列的参考文献主要制定这些标准和指导性原则所依据的核心资料 and 主要背景文献，而不是全部的相关文献。

### 通则部分

- Huffman, J. E., & Wallace, J. R. (Eds.). (2012). *Wildlife Forensics: Methods and Applications*. Chichester, UK: Wiley-Blackwell.
- International Laboratory Accreditation Committee. (2014). *ILAC Guide 19: Modules in a Forensic Science Process*. Retrieved from [https://ilac.org/latest\\_ilac\\_news/ilac-g19082014-published/](https://ilac.org/latest_ilac_news/ilac-g19082014-published/)
- International Organization for Standardization. (2017). *ISO/IEC 17025:2017 General Requirements for the Competence of Testing and Calibration Laboratories*.
- Ogden, R. (2010). Forensic science, genetics and wildlife biology: Getting the right mix for a wildlife DNA forensics lab. *Forensic Science, Medicine, and Pathology*, 6(3), 172–179. <https://doi.org/10.1007/s12024-010-9178-5>
- OSAC Wildlife Forensic Subcommittee Standards. (2014-present). Retrieved August 13, 2018, from <https://www.nist.gov/topics/forensic-science/wildlife-forensics-subcommittee>.
- UNEP-WCMC, & CITES Secretariat. *CITES Species+*. Retrieved August 9, 2018, from <https://speciesplus.net/species>

### DNA 分析部分

- Cavers, S., Degen, B., Caron, H., Lemes, M. R., Margis, R., Salgueiro, F., & Lowe, A. J. (2005). Optimal sampling strategy for estimation of spatial genetic structure in tree populations. *Heredity*, 95(4), 281–289. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800709>
- Dawnay, N., Ogden, R., Thorpe, R. S., Pope, L. C., Dawson, D. A., & McEwing, R. (2008). A forensic STR profiling system for the Eurasian badger: a framework for developing profiling systems for wildlife species. *Forensic Science International: Genetics*, 2(1), 47–53. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2007.08.006>
- Degen, B., Ward, S. E., Lemes, M. R., Navarro, C., Cavers, S., & Sebbenn, A. M. (2013). Verifying the geographic origin of mahogany (*Swietenia macrophylla* King) with DNA- fingerprints. *Forensic Science International: Genetics*, 7(1), 55–62. <https://doi.org/10.1016/J.FSIGEN.2012.06.003>
- ENFSI APST. (2015). *Best Practice Manual for the Application of Molecular Methods for the Forensic Examination of Non-Human Biological Traces*. Retrieved from <http://enfsi.eu/documents/best-practice-manuals/>
- Ewart, K. M., Frankham, G. J., McEwing, R., Webster, L. M. I., Ciavaglia, S. A., Linacre, A. M. T., ... Johnson, R. N. (2018). An internationally standardized species identification test for use on suspected seized rhinoceros horn in the illegal wildlife trade. *Forensic Science International: Genetics*, 32, 33–39. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.10.003>
- Federal Bureau of Investigation. (2011). *Quality Assurance Standards for forensic DNA testing laboratories*. Retrieved from <https://www.fbi.gov/file-repository/quality-assurance-standards-for-forensic-dna-testing-laboratories.pdf/view>
- Harris, D. J. (2003). Can you bank on GenBank? *Trends in Ecology & Evolution*, 18(7), 317–319. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(03\)00150-2](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(03)00150-2)
- Johnson, R. N., Wilson-Wilde, L., & Linacre, A. (2014). Current and future directions of DNA in wildlife forensic science. *Forensic Science International: Genetics*, 10(1), 1–11. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.12.007>
- Linacre, A., Gusmão, L., Hecht, W., Hellmann, A. P. P., Mayr, W. R. R., Parson, W., ... Morling, N. (2011). ISFG: Recommendations regarding the use of non-human (animal) DNA in forensic genetic investigations. *Forensic Science International: Genetics*, 5(5), 501–505. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2010.10.017>
- Lowe, A. J., & Cross, H. B. (2011). The application of DNA methods to timber tracking and origin verification. *IAWA Journal*, 32(2), 251–262. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000055>
- Moore, M. K., & Kornfield, I. L. (2012). Best Practices in Wildlife Forensic DNA. In *Wildlife Forensics: Methods and Applications* (pp. 201–231). Wiley-Blackwell.
- Stephenson, J. J., Campbell, M. R., Hess, J. E., Kozfkay, C., Matala, A. P., McPhee, M. V., ... Wenburg, J. K. (2009). A centralized model for creating shared, standardized, microsatellite data that simplifies inter-laboratory collaboration. *Conservation Genetics*, 10(4), 1145–1149. <https://doi.org/10.1007/s10592-008-9729-4>
- Weir, B. S., & Cockerham, C. C. (1984). Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evolution*, 38(6), 1358. <https://doi.org/10.2307/2408641>

### 脊椎动物形态学部分

- Baumel, J. J. (1993). *Nomina anatomica avium: an annotated anatomical dictionary of birds* (2nd ed.). Cambridge, MA: Publications of the Nuttall Ornithological Club, No. 23.
- Dove, C., & Koch, S. (2010). Microscopy of Feathers: A Practical Guide for Forensic Feather Identification. *Journal of American Society of Trace Evidence Examiners*, 1(1), 15–61.
- Handbook of the birds of the world alive*. (n.d.). Retrieved from <https://www.hbw.com/>
- Knecht, L. (2012). The use of hair morphology in the identification of mammals. In J. E. Huffman & J. R. Wallace (Eds.),

- Wildlife Forensics: Methods and Applications* (pp. 129–142). Chichester, UK: Wiley-Blackwell.
- Martin, D. L. (2012). Identification of Reptile Skin Products Using Scale Morphology. In J. E. Huffman & J. R. Wallace (Eds.), *Wildlife Forensics: Methods and Applications* (1st ed., pp. 161–199). Chichester, UK: John Wiley & Sons, Ltd. <https://doi.org/10.1002/9781119953142.ch10>
- Rose, C. L., Hawks, C. A., & Genoways, H. H. (Eds.). (1995). *Storage of natural history collections: A preventive conservation approach*. New York: Society for the Preservation of Natural History Collections. Retrieved from [https://books.google.co.uk/books/about/Storage\\_of\\_Natural\\_History\\_Collections\\_A.html?id=qPKTAQAIAAJ&redir\\_esc=y](https://books.google.co.uk/books/about/Storage_of_Natural_History_Collections_A.html?id=qPKTAQAIAAJ&redir_esc=y)
- Trail, P. W. (2017). Identifying Bald Versus Golden Eagle Bones: A Primer for Wildlife Biologists and Law Enforcement Officers. *Journal of Fish and Wildlife Management*, 8(2), 596–610. <https://doi.org/10.3996/042017-JFWM-035>
- U.S. Fish and Wildlife Service. (n.d.). *The feather atlas*. Retrieved August 10, 2018, from <https://www.fws.gov/lab/featheratlas/>
- von den Driesch, A. (1976). *A guide to the measurement of animal bones from archaeological sites*. Cambridge MA: Peabody Museum of Archaeology and Ethnology, Harvard University.
- Wilson, D. E., & Mittermeier, R. A. (Eds.). (2009). *Handbook of the mammals of the world*. Barcelona: Lynx Edicions. Retrieved from <https://www.lynxeds.com/catalog/hmw>

## 木材形态学部分

- Gasson, P. (2011). How precise can wood identification be? Wood anatomy's role in support of the legal timber trade, especially CITES. *IAWA Journal*, 32(2), 137–154. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000049>
- International Association of Wood Anatomists. (1964). Multilingual glossary of terms used in wood anatomy. The Verlagbuchanstalt Konkordia, Winterthur, Switzerland. Retrieved from [https://www.iawa-website.org/uploads/soft/Abstracts/IAWA\\_glossary.pdf](https://www.iawa-website.org/uploads/soft/Abstracts/IAWA_glossary.pdf)
- Koch, G., Richter, H.-G., & Schmitt, U. (2011). Design and application of CITESwoodID Computer-aided identification and description of CITES-protected timbers. *IAWA Journal*, 32(2), 213–220. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000052>
- Mabberley, D. J. (2017). *Mabberley's Plant-book*. Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/9781316335581>
- Miller, R. A., Wiedenhoef, A., & Ribeyron, M. J. (2002). *CITES Identification Guide – Tropical Woods Guide*. Retrieved from <http://publications.gc.ca/site/eng/9.819974/publication.html>
- Missouri Botanical Garden. *Tropicos - scientific names of angiosperms*. Retrieved August 10, 2018, from <http://www.tropicos.org/>
- Richter, H. G., Grosser, D., Heinz, I., & Gasson, P. E. (2004). IAWA list of microscopic features for softwood identification. *IAWA Journal*, 25(1), 1–70. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000349>
- The Plant List - a working list of all plant species*. (2013). Retrieved August 10, 2018, from <http://www.theplantlist.org/>
- Wheeler, E. A. (2011). Inside Wood – A Web resource for hardwood anatomy. *IAWA Journal*, 32(2), 199–211. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000051>
- Wheeler, E. A., & Baas, P. (1998). Wood Identification -A Review. *IAWA Journal*, 19(3), 241–264. <https://doi.org/10.1163/22941932-90001528>
- Wheeler, E. A., Baas, P., & Gasson, P. E. (2004). IAWA List of microscopic features for hardwood identification. *IAWA Journal*, 25(1), 1–70. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000349>

## 木材化学部分

- Cody, R. B., Dane, A. J., Dawson-Andoh, B., Adedipe, E. O., & Nkansah, K. (2012). Rapid classification of White Oak (*Quercus alba*) and Northern Red Oak (*Quercus rubra*) by using pyrolysis direct analysis in real time (DARTTM) and time-of-flight mass spectrometry. *Journal of Analytical and Applied Pyrolysis*, 95, 134–137. <https://doi.org/10.1016/J.JAAP.2012.01.018>
- Dormontt, E. E., Boner, M., Braun, B., Breulmann, G., Degen, B., Espinoza, E., ... Lowe, A. J. (2015). Forensic timber identification: It's time to integrate disciplines to combat illegal logging. *Biological Conservation*, 191, 790–798. <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2015.06.038>
- Espinoza, E. O., Lancaster, C. A., Kreitals, N. M., Hata, M., Cody, R. B., & Blanchette, R. A. (2014). Distinguishing wild from cultivated agarwood (*Aquilaria* spp.) using direct analysis in real time and time of-flight mass spectrometry. *Rapid Communications in Mass Spectrometry*, 28(3), 281–289. <https://doi.org/10.1002/rcm.6779>
- Evans, P. D., Mundo, I. A., Wiemann, M. C., Chavarria, G. D., McClure, P. J., Voin, D., & Espinoza, E. O. (2017). Identification of selected CITES-protected Araucariaceae using DART TOFMS. *IAWA Journal*, 38(2), 266–281. <https://doi.org/10.1163/22941932-20170171>
- Finch, K., Espinoza, E., Jones, F. A., & Cronn, R. (2017). Source identification of western Oregon Douglas-fir wood cores using mass spectrometry and random forest classification. *Applications in Plant Sciences*, 5(5). <https://doi.org/10.3732/apps.1600158>
- Hillis, W. E. (1987). *Heartwood and tree exudates*. Springer-Verlag.
- Pastore, T. C. M., Braga, J. W. B., Coradin, V. T. R., Magalhaes, W. L. E., Okino, E. Y. A., Camargos, J. A. A., ... Davrieux, F. (2011). Near infrared spectroscopy (NIRS) as a potential tool for monitoring trade of similar woods: Discrimination of true mahogany, cedar, andiroba, and curupix á *Holzforchung*, 65, 73-80.