มาตรฐานและแนวทางสำหรับการวิเคราะห์ทางนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่า - รุ่น 3

(Standards and Guidelines for Wildlife Forensic Analysis, SWFS)

ส่งมอบโดยคณะทำงานด้านเทคนิคทางนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่าเมื่อวันที่ 11 กันยายน 2018

ได้รับการอนุมัติให้ตีพิมพ์โดยคณะกรรมการสมาคมนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่าในวันที่ 19 พฤศจิกายน 2561

รูปแบบการอ้างอิงที่แนะนำ:

SWFS Technical Working Group (2018)
มาตรฐานและแนวทางปฏิบัติสำหรับการวิเคราะห์ทางนิติวิทยาศาสตร์สำหรับสัตว์ป่า รุ่นที่ 3.
ลูซี่ เอ็ม.ไอ. เว็บสเตอร์ จัดพิมพ์โดยสมาคมวิทยาศาสตร์นิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่า วันที่ 19 พฤศจิกายน 2561, หน้า 21 แปลจากต้นฉบับภาษาอังกฤษเป็นภาษาไทย โดย โคมฉาย ไทยยิ่ง 2020

1.0 ขอบเขตของเนื้อหา

เอกสารนี้กล่าวถึงมาตรฐานขั้นต่ำสุดที่ยอมได้และแนวทางเพิ่มเติมสำหรับนักวิเคราะห์ทางนิติวิทยาของสัตว์ป่าในสาขาย่อยเรื่อง DNA (ส่วนที่ 4), สัณฐานวิทยา (ส่วนที่ 5), และการวิเคราะห์ทางเคมีสำหรับการจำแนกไม้ (ส่วนที่ 6)
เอกสารนี้ยังครอบคลุมถึงการปฏิบัติการในห้องปฏิบัติการ
การจัดการหลักฐานและการฝึกอบรมที่ดี
ซึ่งทุกกระบวนการเป็นหัวใจสำคัญห้องปฏิบัติการ
การพิสูจน์หลักฐานทางนิติเวชทั้งหมด
นอกจากนี้เนื้อหาในเอกสารนี้ยังรวมถึงข้อควรพิจารณาที่สำคัญของสายพันธุ์/สายวิวัฒนาการ (Phylogeny), อนุกรมวิธาน (Taxonomy)
และทำการอ้างอิงกับกลุ่มข้อมูลที่ได้จัดเก็บไว้แล้วที่มีความเฉพาะเจาะจงกับทางนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่า

2.0 คำจำกัดความ

หมายเหตุ: คำจำกัดความเหล่านี้ใช้กับมาตรฐานและแนวทางทั้งหมด
คำจำกัดความเฉพาะที่เกี่ยวข้องจะจัดอยู่ในส่วนของเอกสารตามความเกี่ยวข้องด้วย

2.1 **ความแม่นยำ** (Accuracy) -
ความสามารถในการได้มาซึ่งผลลัพธ์ที่ถูกต้องเช่นระดับความสอดคล้องของปริมาณที่วัดได้เทียบกับค่าที่เป็นจริง (ค่าจริง)

2.2 **การทบทวนการบริหาร** (Administrative Review) -
การประเมินผลของรายงานและเอกสารประกอบเพื่อความสอดคล้องกับนโยบายห้องปฏิบัติการและเพื่อความถูกต้องในการแก้ไข

2.3 **นักวิเคราะห์** (Analyst)- บุคคลที่ดำเนินการ และ/หรือ
ควบคุมกรณีวิเคราะห์ตัวอย่างทางนิติวิทยาศาสตร์การ, ทำการตีความข้อมูล, จนได้ข้อสรุป
และ/หรือออกรายงานสรุปเกี่ยวกับปัญหาที่เกี่ยวข้อง

2.4 **แผนการวิเคราะห์** –
แผนสำหรับวิธีการวิเคราะห์ที่จะใช้สำหรับกรณีใดกรณีหนึ่งขึ้นอยู่กับคำถามทางนิติวิทยาศาสตร์สำหรับกรณีนั้น ๆ เทคโนโลยีที่มีอยู่ การเก็บรักษาหลักฐานและคุณค่าของผลการวิเคราะห์
โดยปกติจะจัดทำเอกสาร SOPs (ดูรายละเอียดด้านล่าง)
แผนการวิเคราะห์ที่ไม่ได้ระบุให้เป็นกระบวนการมาตรฐานขั้นพื้นฐานทั้งหมด
(เช่นงานที่เกี่ยวกับหลักฐานใหม่ หลักฐานพิเศษเฉพาะ)
ต้องมีการบันทึกไว้ในแฟ้มเอกสารของกรณีนั้น ๆ

2.5 **ห่วงโซ่การคุ้มครองพยานหลักฐาน (**Chain of Custody) –
เอกสารแสดงลำดับการเกิดเหตุการณ์
หรือเอกสารที่แสดงทุกขั้นตอนของเหตุการณ์ตามลำดับ ซึ่งแสดงตั้งแต่การยึด การดูแลรักษา
การควบคุม การเคลื่อนย้ายขนส่ง การวิเคราะห์
และการเปลี่ยนแปลงเคลื่อนย้ายหลักฐานเหล่านี้

2.6 **สมรรถนะ (Competency)** -
การสาธิตหรือแสดงให้เห็นถึงทักษะทางเทคนิคและความรู้เฉพาะที่จำเป็นใช้ในงานบางชนิด

2.7 **ชุดหลักฐานที่รวบรวมไว้** (Curated Collection) -
การรวบรวมวัสดุอ้างอิงที่ได้มาและการดูแลรักษาควบคู่กับข้อมูลที่เกี่ยวข้องตามมาตรฐานการควบคุมคุณภาพเฉพาะอย่างชัดเจน

2.8 **แนวทางที่แนะนำ** (Guidelines) – แนวทางเหล่านี้ไม่ใช่สิ่งที่บังคับทำ
แต่เป็นแนวทางที่แสดงถึงการดำเนินการใน "กรณีที่ดีที่สุด"
สำหรับนักวิเคราะห์และห้องปฏิบัติการเพื่อให้ได้มาซึ่งข้อมูลหลักฐาน
ห้องปฏิบัติการที่ต้องทำงานกับคดีที่เกี่ยวข้องกับนิติวิทยาศาสตร์บางครั้งอาจไม่สามารถดำเนินการตามแนวทางที่ตั้งไว้ทั้งหมดได้
อย่างไรก็ตามห้องปฏิบัติการที่ตั้งขึ้นเพื่องานทางนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่าโดยเฉพาะควรพิจารณาการดำเนินการตามแนวทางการดำเนินการที่ตั้งไว้

2.9 **ปัจจัยที่รู้อยู่แล้ว** (Known) – ในบริบทของหลักฐาน วัสดุที่เป็นของสิ่งที่อยู่ภายใต้การสืบสวน
(เช่นข้อมูลเฉพาะตัวบุคคล แหล่งที่มาทางภูมิศาสตร์) เป็นสิ่งที่ไม่มีมีข้อสงสัยใด ๆ

ปัจจัยนี้ทำหน้าที่เป็นปัจจัยพื้นฐานสำหรับการเปรียบเทียบกับสิ่งที่เป็นที่สงสัยเพื่อวัตถุประสงค์ในการการจับคู่แต่ล่ะอย่าง

2.10 **การระบุตัวตน/บ่งชี้ประเภท** (Identification) –

การวิเคราะห์เพื่อที่จะวางรากฐานของการจำแนกประเภททางอนุกรมวิธานของตัวอย่าง การวิเคราะห์เหล่านี้จะขึ้นอยู่บนพื้นฐานของลักษณะการวินิฉัยระดับอนุกรมวิธานที่เป็นคำถามอยู่

2.11 **การจำแนกตัวตน** (Individualization) –

การวิเคราะห์ที่พยายามจับคู่สิ่งที่เป็นที่สงสัยกับตัวอย่างปัจจัยที่รู้อยู่แล้วเพื่อตัดประเด็นอื่น ๆ ทั้งหมดออก

2.12 **ห้องปฏิบัติการ** (Laboratory) –

หน่วยงานองค์กรที่ให้บริการด้านการวิเคราะห์รวมถึงพนักงานและสถานที่ทางกายภาพรวมถึงสิ่งอำนวยความสะดวก

2.13 **ความแม่นยำ** (Precision) – ระดับของข้อตกลงร่วมกันระหว่างกลุ่มค่าที่วัดได้ ค่าจำนวนและ / หรือผลลัพธ์

2.14 **วัสดุอ้างอิง** (Reference Material) –

ตัวอย่างทางชีวภาพของข้อมูลประจำตัวที่เป็นที่รู้จักอยู่แล้วหรือข้อมูลที่ได้จากปัจจัยที่รู้อยู่แล้วหรือจากแหล่งข้อมูลที่มีการตีพิมพ์เผยแพร่ ตัวอย่างอ้างอิง (Voucher Specimen) เป็นส่วนย่อยของวัสดุอ้างอิงที่รู้ตัวตนที่รู้จักอยู่แล้วรวมกับข้อมูลที่เกี่ยวข้องเช่นแหล่งที่มาทางภูมิศาสตร์ ประวัติช่วงชีวิตและเพศ

2.15 **ขั้นตอนการปฏิบัติงานมาตรฐาน** (Standard Operating Procedure, SOPs) –

เอกสารที่เป็นลายลักษณ์อักษรที่ห้องปฏิบัติการเป็นผู้ดูแลรวมถึงนโยบายห้องปฏิบัติการขั้นตอนทางเทคนิคและขั้นตอนหรือวิธีการวิเคราะห์สำหรับกระบวนการเฉพาะทางนิติวิทยาศาสตร์ต่าง ๆ โดย SOPs

เป็นเอกสารควบคุมที่มีกลไกที่ทำให้มั่นใจว่าเนื้อหามีความเป็นปัจจุบันและได้รับการอนุมัติแล้ว

โดยที่เอกสารรุ่นก่อนหน้าหรือที่หมดอายุแล้วจะถูกจัดเก็บถาวรเพื่อสำหรับการอ้างอิงและให้มีการใช้งาน SOPs ใน ห้องปฏิบัติการ.

2.16 **มาตรฐาน** (Standards) - -

การปฏิบัติขั้นต่ำที่จำเป็นต้องมีเพื่อให้มั่นใจได้ว่านักวิเคราะห์จะจัดทำการวิเคราะห์ที่ให้ผลลัพท์ที่เที่ยงตรงและแม่นยำและทำการถ่ายทอดสิ่งที่ค้นพบเหล่านี้อย่างเป็นกลางตามวัตถุประสงค์ มาตรฐานบางข้อมาพร้อมกับวิธีการประเมินผล

ความแม่นยำและความเที่ยงตรงต่อวัตถุประสงค์

เช่นการติดตามประสิทธิภาพของตัวทำปฏิกริยาและอุปกรณ์หรือทำการทบทวนผลิตภัณฑ์แล
ะรายงานการวิเคราะห์ทางเทคนิคของ มาตรฐานต่าง ๆ
เป็นสิ่งที่ไม่สามารถต่อรองได้และนักวิเคราะห์ทุกคนจะต้องปฏิบัติตามไม่ว่าจะอยู่ในห้องปฏิบัติ
การวิจัยหรือสถานที่เฉพาะทางนิติวิทยาศาสตร์
มาตรฐานและแนวทางปฏิบัติสามารถปรับแก้ไขได้เพื่อเป็นการตอบสนองต่อ ข้อมูล
นวัตกรรมและมุมมองใหม่ ๆ
2.17 **การทบทวนทางเทคนิค** (Technical Review) – รายงานการประเมินผล
บันทึกย่อกรณีที่เกิดขึ้น ข้อมูลและเอกสารอื่น ๆ
เพื่อให้มั่นใจว่ามีพื้นฐานที่เหมาะสมและเพียงพอสำหรับการหาข้อสรุปทางวิทยาศาสตร์
2.18 **การตรวจสอบความถูกต้อง** (Validation)-
กระบวนการที่ใช้การดำเนินการชุดการทดลองที่ทำให้เกิดความน่าเชื่อถือของเทคนิคหรือขั้น
ตอนหรือการแก้ไขดังกล่าว
วิธีการการตรวจสอบความถูกต้องแสดงให้เห็นว่าวิธีการวิเคราะห์ที่ใช้เป็นวิธีการที่เป็นที่ยอมรั
บสำหรับวัตถุประสงค์ที่ตั้งใจไว้

3.0 มาตรฐานและแนวทางทั่วไป

3.1 การฝึกอบรมและบุคลากร

3.1.1 มาตรฐาน: ห้องปฏิบัติการแต่ละแห่งจะต้องมีขั้นตอนการปฏิบัติงานมาตรฐาน (SOP)
สำหรับการฝึกอบรมคนทำงานทั้งที่มีประสบการณ์และที่ไม่มีประสบการณ์โดยจะต้องร
วมมาตรฐานตามที่อธิบายไว้ด้านล่างเข้าไปด้วย

3.1.2 มาตรฐาน:
ห้องปฏิบัติการที่ดำเนินการวิเคราะห์ทางนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่าทุกแห่งจะต้องมีข้อควร
ปฏิบัติด้านจริยธรรมที่พนักงานทุกคนต้องปฏิบัติตาม
ซึ่งจะต้องรวมถึงการมีการแถลงการณ์อย่างชัดเจนว่าเจ้าหน้าที่ห้องปฏิบัติการทุกคนจะ
ต้องปฏิบัติงานในวิชาชีพอย่างมืออาชีพ
ทำการโดยรักษาข้อมูลเป็นความลับและด้วยความไม่อคติ
3.1.3 แนวทางแนะนำ:
ควรมีการเก็บข้อมูลโปรแกรมการฝึกอบรมของนักวิเคราะห์และหัวหน้างานทุกคนในรู
ปแบบเอกสาร

3.1.4 มาตรฐาน:
ก่อนเข้ารับหน้าที่อิสระสมาชิกในห้องปฏิบัติการทุกคนที่มีส่วนเกี่ยวข้งกับการจัดการห
ลักฐานจะต้องได้รับการอบรมที่รวมถึงเรื่อง:

3.1.4.1 ชีวอนามัยและความปลอดภัยขณะทำงานกับตัวอย่างชีวภาพ

3.1.4.2 ห่วงโซ่การคุ้มครองพยานหลักฐาน

3.1.4.3 การถ่ายโอน การเก็บรักษาและดำเนินการจัดการหลักฐานที่ปลอดภัย

3.1.5 มาตรฐาน:

ก่อนที่จะดำเนินการทำคดีอิสระในวิธีการที่กำหนดแต่ละข้อนักวิเคราะห์จะต้องแสดงให้เห็นถึงความสามารถในการดำเนินการโดยวิธีการนั้นก่อน

ซึ่งจะสามารถยืนยันความสามารถนี้ได้โดยใช้วิธีสุ่มทดสอบ

3.1.6 แนวทางแนะนำ: ก่อนที่จะทำคดีอิสระ

การฝึกอบรมของนักวิเคราะห์ควรรวมถึงเรื่องต่อไปนี้:

3.1.6.1 ความลำเอียง อคติ

3.1.6.2 การฝึกอบรมในกฎหมายที่เกี่ยวข้อง

3.1.6.3 คำให้การในฐานะพยานผู้เชี่ยวชาญ

3.2 การจัดการหลักฐาน

3.2.1 มาตรฐาน: ห้องปฏิบัติการต้องมีขั้นตอนการปฏิบัติงานมาตรฐาน (SOP) ในสถานที่เพื่อรับประกันความถูกต้องสมบูรณ์ของหลักฐานในระหว่างการเก็บรักษากา ร กระบวนการจัดการประมวลผล การตรวจสอบและตลอดเวลาที่อยู่

โดยมีการครอบคลุมถึง:

3.2.1.1 การรับหลักฐาน

3.2.1.2 เกณฑ์การยอมรับ

3.2.1.3 การติดตาม

3.2.1.4 การจัดเก็บ

3.2.1.5 การถ่ายโอนเคลื่อนย้าย

3.2.1.6 การเปลี่ยนแปลงภายหลังการวิเคราะห์

3.2.1.7 การป้องกันการสูญเสียหลักฐาน

3.2.1.8 การป้องกันการปนเปื้อนหลักฐาน

3.2.1.9 การป้องกันการแก้ไขดัดแปลงหลักฐาน

3.2.2 มาตรฐาน:

หลักฐานและข้อมูลที่ได้มาจะถูกจัดเก็บและวิเคราะห์ในลักษณะที่ได้รับการควบคุมและปลอดภัยตลอดเวลา

3.2.2.1 ต้องเก็บรักษาหลักฐานทางกายภาพไว้ในที่จัดเก็บที่มีที่ล็อก

3.2.2.2 ข้อมูลดิจิทัลจะถูกจัดเก็บไว้ในสถานที่ปลอดภัยและการเข้าถึงถูกจำกัด

หมายเหตุ:

การควบคุมการเข้าถึงหมายรวมถึงการจัดเก็บหลักฐานในสถานที่ที่ปิดล็อคได้ การจำกัดการเข้าพื้นที่ทำการวิเคราะห์และการ ปกป้องข้อมูลดิจิตอล การเข้าถึงหลักฐานโดยบุคคลากรที่ไม่ใช่บุคลากรทางนิติวิทยศาสคร์ต้องมีการนำทางหรืออยู่ภายใต้การดูแลตลอดเวลา

3.2.3 มาตรฐาน: จะต้องทำการดูแลรักษาห่วงโซ่การคุ้มครองพยานหลักฐานตลอด

3.2.4 มาตรฐาน:

ต้องมีการทำเครื่องหมายบนหลักฐานทั้งหมดด้วยตัวระบุที่ไม่ซ้ำกันและมีลายเซ็นหรือชื่อย่อของทุกคนที่มีการเกี่ยวข้องจัดการกับหลักฐานกำกับในทุกขั้นตอน

3.2.5 มาตรฐาน:

เมื่อใดก็ตามที่เป็นไปได้จะต้องทำการแบ่งเก็บตัวอย่างหลักฐานแต่ละตัวอย่างไว้ส่วนหนึ่ง และเก็บรักษาไว้เผื่อให้สามารถทำการวิเคราะห์แบบอิสระในอนาคต

3.2.6 มาตรฐาน:

สำหรับหลักฐานที่จะมีการเปลี่ยนแปลงทางกายภาพอย่างมีนัยสำคัญทั้งหมดหรือบางส่วน ให้ทำการถ่ายภาพไว้ก่อนเกิดการเปลี่ยนแปลงเพื่อช่วยระบุตัวตน
(เช่นถอดชิ้นส่วนสำหรับการวิเคราะห์ระดับโมเลกุลโครงกระดูก)

3.2.7 มาตรฐาน:

เมื่อมีการทำการเปลี่ยนแปลงหลักฐานทางกายภาพเพื่อวัตถุประสงค์ในการวิเคราะห์จะต้องพิจารณาอย่างรอบคอบถึงผลกระทบที่การเปลี่ยนแปลงที่อาจเกิดขึ้นที่จะมีผลเกี่ยวกับการวิเคราะห์ที่ตามมาได้

3.2.8 แนวทที่แนะนำ:

หากจำเป็นต้องทำการเปลี่ยนแปลงที่จะมีผลต่อการวิเคราะห์ในภายหลังจะต้องทำการปรึกษากับทุกฝ่ายที่เกี่ยวข้องเพื่อทำการพิจารณา

3.2.9 มาตรฐาน: การทำการแยก ส่วนของ
/ชุดของตัวทำปฏิกิริยาจะถูกนำมาใช้สำหรับการวิจัยและการทำคดี

3.2.10 มาตรฐาน:

ตัวอย่างงานวิจัยและคดีจะต้องถูกแยกออกจากกันโดยกายภาพหรือแบบชั่วคราวเมื่อมีการดำเนินการโดยใช้เครื่องมือเดียวกัน

3.3 อุปกรณ์และวิธีการ

3.3.1 มาตรฐาน:

เครื่องมือจะต้องได้รับการตรวจสอบประสิทธิภาพก่อนใช้ในการทำการวิเคราะห์ตัวอย่า

งคดี การตรวจสอบนี้สามารถทำได้โดยการวิเคราะห์ตัวอย่างที่เป็นตัวแทน
(ตัวอย่างประเภทกรณี ตัวอย่างควบคุมที่รู้อยู่แล้ว)
และการประเมินว่าได้รับผลลัพธ์ตามที่คาดหวังหรือไม่
การตรวจสอบประสิทธิภาพดังกล่าวจะต้องเกิดขึ้น:

3.3.1.1 เมื่อมีการนำเครื่องมือใหม่เข้าใช้งาน

3.3.1.2 หลังจากนำเครื่องมือมาใช้งานแล้วจะมีการตรวจสอบเป็นประจำ (อย่างน้อยตามระยะเวลาที่ระบุโดยผู้ผลิตเครื่อง)

3.3.1.3 หลังจากรับเครื่องคืนหลังมีการยืมไปใช้งาน

3.3.2 มาตรฐาน: ห้องปฏิบัติการต้องมีขั้นตอนการปฏิบัติงานมาตรฐาน (SOP) ไว้สำหรับวิธีการวิเคราะห์ทั้งหมดรวมถึงการตรวจสอบความถูกต้องของห้องปฏิบัติการและวิธีการวิเคราะห์ข้อมูลใหม่ ๆ

3.3.3 มาตรฐาน: วิธีวิเคราะห์ที่ใช้ใน คดีต่าง ๆ จะต้องผ่านการตรวจสอบก่อนใช้

3.3.4 มาตรฐาน:
การใช้วิธีการวิเคราะห์ที่ได้จากกระบวนการที่ผ่านการตรวจสอบความถูกต้องจากห้องปฏิบัติการอื่นหรือจากวิธีการที่ได้มาจากการทบทวนเอกสารที่มีการตีพิมพ์ในวารสารที่ผ่านการตรวจสอบโดยนักวิจัยจะต้องผ่านกระบวนการตรวจสอบความถูกต้องภายในการตรวจสอบจะต้องทำด้วยความเข้มงวดเพียงพอและลงรายละเอียดเพื่อยืนยันว่าจะสามารถหาผลลัพธ์ที่คาดหวังของการวิเคราะห์ได้ที่ห้องปฏิบัติการทดสอบก่อนที่จะนำไปใช้วิธีในการพิจารนาคดี

3.3.5 แนวทางแนะนำ:
เกณฑ์การตรวจสอบความถูกต้องต่อไปนี้ควรได้รับการแก้ไขในกรณีที่เหมาะสม:

3.3.5.1
สำหรับการทบทวนวรรณกรรมที่เกี่ยวของกับประเด็นปัญหาควรจัดให้มีรายการเอกสารอ้างอิงที่เกี่ยวข้องพร้อมใช้งาน

3.3.5.2 ในส่วนของความแม่นยำในการวิเคราะห์
ความแม่นยำจะสามารถกำหนดได้โดยทำการวิเคราะห์
ตัวอย่างการควบคุมที่ตรวจสอบย้อนกลับได้

3.3.5.3 ความเที่ยงตรงของการวิเคราะห์
สามารถกำหนดได้โดยการทำการทดสอบซ้ำกับตัวอย่างที่รู้จักแน่ชัดอยู่แล้ว

3.3.5.4 ความจำเพาะของการวิเคราะห์:
สามารถประเมินความจำเพาะได้โดยการทำการวิเคราะห์เฉพาะตัวจากชนิดพันธุ์ที่ที่เกี่ยวข้องแต่ไม่ใช่ชนิดพันธุ์หรือประชากรเป้าหมาย

ชนิดพันธุ์ที่มีแนวโน้มว่าจะมีการปนเปื้อน หรือชนิดพันธุ์ทดแทนอื่น ๆ แหล่งที่มาของตัวอย่างทางเลือกอื่น ๆ (ตัวอย่างเช่น ประเภทเนื้อเยื่อหรือสารตั้งต้น) ก็สามารถทำการทดสอบได้เช่นกัน

3.3.5.5 ข้อจำกัดในการตีความที่ถูกต้องตรงประเด็น (เช่น มีสารปนเปื้อนในส่วนผสมของเลือด สารตั้งต้น เชื้อราหรือการปนเปื้อนของเชื้อโรค ฯลฯ) ควรถูกระบุให้ชัดเจนและทำการประเมินผลกระทบ

3.3.6 แนวทางแนะนำ:
ความชัดเจนของแผนสำหรับการวิเคราะห์ในห้องปฏิบัติการเป็นสิ่งที่สำคัญ และหากมีที่ใดใน SOPs ที่ไม่ได้ทำการบันทึกเรื่องนี้ไว้ (เช่นสำหรับประเภทตัวอย่างชนิดพิเศษหรือคำถามพิเศษ) ควรจะมีแผนการวิเคราะห์แยกเฉพาะต่างหากที่ถูกกำหนดขึ้นมาสำหรับการจัดทำไว้รวมในเอกสารบันทึกย่อของคดี โดยที่หากมีการเปลี่ยนแปลงใด ๆ จากแผนนี้จะต้องมีการทำการบันทึกไว้เป็นลายลักษณ์อักษรอย่างครบถ้วน

3.4 ชุดเอกสารและวัสดุอ้างอิง

3.4.1 มาตรฐาน:
ห้องปฏิบัติการที่ดำเนินการวิเคราะห์ทางนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่าจะต้องมีหรือสามารถเข้าถึงชุดเอกสารหรือวัสดุอ้างอิงที่มีการจัดเก็บดูแลไว้โดยเฉพาะ

3.4.2 มาตรฐาน: ห้องปฏิบัติการจะต้องมี SOP ที่ครอบคลุมเรื่องการดูแลและรักษาของวัสดุอ้างอิงทางชีวภาพแต่ละชนิดที่ใช้สำหรับการระบุตัวตนด้วยวิธีอนุกรมวิธาน หัวข้อที่มีต้องครอบคลุมถึง:

3.4.2.1 ขั้นตอนการจัดทำเอกสารและการดูแลจัดการ

3.4.2.2 การป้องกันวัสดุจากการย่อยสลายเสื่อมสภาพ

3.4.2.3 รายชื่อหน่วยงานด้านอนุกรมวิธานที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน

3.4.3 มาตรฐาน: ตัวอย่างและฐานข้อมูลที่ใช้ในการทำคดีใด ๆ จะต้องมีการระบุชื่ออย่างชัดเจนไม่ให้ซ้ำกับชิ้นอื่น ๆ และให้จัดทำข้อมูลเป็นลายลักษณ์อักษรในแฟ้มเอกสารของคดี

3.4.4 มาตรฐาน:
ต้องมีการยืนยันตัวตนของวัสดุอ้างอิงทางชีวภาพก่อนที่จะนำไปใช้ในการทำคดี การตรวจสอบความถูกต้องของรูปร่างทางสัณฐานวิทยาของตัวอย่างจะต้องทำโดยมีการอ้างอิงกับชิ้นตัวอย่างที่ผ่านการตรวจสอบแล้วและกับตัวอย่างที่อยู่ในชุดตัวอย่างที่มี

การรวบรวมประวัติทางธรรมชาติขนาดใหญ่ (เช่นพิพิธภัณฑ์หลัก)
หรือกับเอกสารวิชาชีพ (เช่น เอกสารอนุกรมวิธาน แบบเฉลยการระบุตัวตนหลัก
หรือคู่มือภาคสนาม)

3.4.5 มาตรฐาน:
รูปลักษณ์อนุกรมวิธานของวัสดุอ้างอิงหรือลำดับดีเอ็นเอที่ใช้สำหรับเปรียบเทียบกับรายการหลักฐาน
รวมถึงข้อมูลที่เกี่ยวข้องแหล่งกำเนิดทางภูมิศาสตร์และแหล่งที่มาจะต้องมีการบันทึกไว้
ในชุดข้อมูลของห้องปฏิบัติการหรือฐานข้อมูล

3.4.6 มาตรฐาน:
รายงานการระบุตัวตนตามอนุกรมวิธานจะรวมถึงชื่อวิทยาศาสตร์ที่เพิ่งได้รับการยอมรับในปัจจุบัน

3.4.7 มาตรฐาน: แหล่งข้อมูลที่เชื่อถือได้
(บทความที่ได้รรับการตีพิมพ์หรือฐานข้อมูลที่เผยแพร่)
จะถูกใช้ในการพิจารณาว่าการจำแนกทางอนุกรมวิธานเป็นสิ่งที่ยอมรับได้ทางวิทยาศาสตร์หรือไม่

3.4.8 แนวทางที่แนะนำ:
นักวิเคราะห์จากห้องปฏิบัติการควรเตรียมพร้อมที่จะอ้างอิงถึงหน่วยงานอนุกรมวิธานที่ใช้สำหรับการจำแนกประเภทสิ่งต่าง ๆ ทั้งหมดในรายงานของพวกเขา

3.4.9 แนวทางที่แนะนำ:
นักวิเคราะห์แต่ละคนควรเตรียมพร้อมที่จะอธิบายถึงสิ่งที่มีความคล้ายคลึงกันและความเป็นไปได้ในประเด็นด้านอนุกรมวิธานอื่น ๆ ที่อาจเกิดขึ้น

3.4.10 แนวทางที่แนะนำ:
ควรจะมีความพยายามการกำหนดชนิดพันธุ์ย่อยของอนุกรมวิธานสัตว์ป่าในกรณีที่มีข้อมูลที่ถูกต้องเกี่ยวกับที่มาทางภูมิศาสตร์และด้วยความรู้ที่เป็นที่ยอมรับในปัจจุบันเกี่ยวกับการกระจายตัวของชนิดพันธุ์ย่อยเท่านั้น

3.5 เอกสารประกอบคดี

3.5.1 มาตรฐาน: เอกสารประกอบคดีจะต้องประกอบไปด้วยส่วนต่าง ๆ ดังต่อไปนี้:

3.5.1.1 ห่วงโซ่การคุ้มครองพยานหลักฐาน

3.5.1.2 แบบคำขอข้อมูล

3.5.1.3 บันทึกย่อย

3.5.1.4 ตำแหน่งของข้อมูลอิเล็กทรอนิกส์ใด ๆ ที่มี

3.5.1.5 บันทึกความคิดเห็นจากการทบทวนทางเทคนิค

3.5.1.6 รายงานฉบับสมบูรณ์

3.5.2 แนวทางแนะนำ: แฟ้มคดีเหล่านี้ควรเอกสารอื่น ๆ ที่เกี่ยวข้องรวมอยู่ด้วย เช่นแผนการวิเคราะห์ ไฟล์ข้อมูลดิบ, อีเมลสื่อสาร, บันทึกของการสื่อสารภายนอกอื่น ๆ ที่เกี่ยวข้องกับคดี เอกสารการส่งและรับของ และ / หรือเอกสารภาพถ่ายของหลักฐานหรือบรรจุภัณฑ์

3.5.3 มาตรฐาน:
รายละเอียดที่อยู่ในบันทึกย่อจะเพียงพอที่จะทำให้นักวิเคราะห์คนอื่นสามารถทำการรายงานในเรื่องที่ทำอยู่ได้โดยการทำการวิเคราะห์ซ้ำภายใต้วิธีการและเงื่อนไขการทดสอบเดียวกัน

3.5.4 มาตรฐาน:
ข้อสมมติฐานของแหล่งกำเนิดทางภูมิศาสตร์ที่ใช้ในการจำแนกจัดหมวดหมู่จะต้องได้รับการบันทึกไว้ในแฟ้มคดี

3.6 การจัดทำรายงาน

3.6.1 มาตรฐาน: รายงานจะต้องประกอบไปด้วยข้อมูลเกี่ยวกับวิธีการทั่วไป ผลลัพท์ที่ได้และข้อสรุป
ตัวรายงานจะต้องมีรายละเอียดที่เพียงพอสำหรับการให้ผู้เชี่ยวชาญท่านอื่นสามารถให้การยืนยันได้ว่าการวิเคราะห์ที่ได้ทำไปนั้นประสบผลสำเร็จและได้ข้อสรุปมาได้อย่างไร

3.6.2 มาตรฐาน: การทบทวนตรวจสอบด้านเทคนิค:
รายงานทุกฉบับจะต้องได้รับการทบทวนตรวจสอบก่อนออกเผยแพร่ในเรื่องของความถูกต้องทางเทคนิคโดยนักวิทยาศาสตร์ท่านอื่นที่มีความรู้และความเชี่ยวชาญในเรื่องการรายงานในประเด็นที่ทำอยู่

3.6.3 แนวทางแนะนำ: บททบทวนด้านงานบริหาร:
รายงานทั้งหมดควรได้รับการตรวจสอบโดยบุคคลมีคุณสมบัติที่เหมาะสมเพื่อรับรองความถูกต้องของการจัดรูปแบบและเนื้อหาภายใน

หมายเหตุ:
ตามหลักการบททบทวนทางเทคนิคและบททบทวนด้านการบริหารควรได้รับการตรวจทานจากผู้ตรวจทานคนล่ะคน

3.6.4 แนวทางแนะนำ:
การทบทวนทางเทคนิคจะต้องถูกบันทึกเป็นลายลักษณ์อักษรและจัดเก็บในแฟ้มคดี และการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นกับร่างรายงานฉบับต้น ๆ ที่มีผลต่อการตีความควรได้รับการบันทึกข้อมูลอย่างสมบูรณ์ในรูปของเอกสาร

3.6.5 มาตรฐาน:
รายงานทุกฉบับจะต้องระบุตัวตนของนักวิเคราะห์ที่เกี่ยวข้องในการจัดทำและตีความข้อมูลนิติเวช

3.6.6 มาตรฐาน: คำศัพท์ที่ใช้ในบทสรุปของเอกสารเช่น “ตรงกับ/เข้าคู่กับ (Match)” “สอดคล้องกับ (Consistent with)” เป็นต้น
จะถูกกำหนดนิยามโดยห้องปฏิบัติการที่จัดทำรายงานแต่ละแห่ง

3.6.7 มาตรฐาน: การทดสอบทางสถิติที่ใช้เพื่อระบุระดับความมั่นใจในข้อสรุปที่ได้ เช่น ความน่าจะเป็นของการจับคู่แบบสุ่มหรืออัตราส่วนความน่าจะต้องมีอยู่ในรายงาน

4.0 **มาตรฐานและแนวทางของ** DNA

การวิเคราะห์ DNA
สัตว์ป่าเป็นหนึ่งในศาสตร์ของการพิสูจน์หลักฐานของสัตว์ป่าโดยใช้เทคนิคทางพันธุกรรมเพื่อระบุชิ้นส่วนและผลิตภัณฑ์จากสัตว์ป่าว่าอยู่ใน วงศ์ สกุล ชนิด กลุ่มประชากร หรือแหล่งที่มาของแต่ตัว
การวิเคราะห์ลักษณะทางพันธุกรรมเป็นวิธีการที่เลือกใช้สำหรับการแยกรายตัวและการจำแนกเมื่อขาดลักษณะทางสัณฐานวิทยาโดยเฉพาะอย่างยิ่งกับหลักฐานที่สอบทวนได้ (เลือดของเหลวในร่างกาย) บางชิ้นส่วนของสิ่งมีชีวิต (กองไส้ใน ของที่ทำจากชิ้นส่วนของสัตว์ กระดูก เขากวาง เขาต่าว ฯ) เนื้อเยื่อที่เสื่อมสภาพหรือผ่านกระบวนการ (เนื้อสัตว์ที่ปรุงสุก, เนื้อปลา, ไม้ซุง, ยาจีนโบราณ)

มาตรฐานและแนวทางแนะนำเหล่านี้อ้างถึงข้อควรพิจารณาทั่วไปในการประยุกต์ใช้เทคนิคทางพันธุกรรมในการวิเคราะห์หลักฐานทางนิติวิทยาศาสตร์สัตว์ป่า
(เช่นความยาวส่วนที่จำกัดความสามารถที่หลากหลาย (Polymorphisms)
นิวคลีโอไทด์เดี่ยวที่มีความหลากหลาย หรือการวิเคราะห์โปรตีน)
นอกจากนี้มาตรฐานและแนวทางแนะนำยังครอบคลุมในส่วนเของวิเคราะห์ DNA
สัตว์ป่าเฉพาะทางที่กำลังเป็นที่ใช้กันอย่างแพร่หลายในปัจจุบัน เช่นการจัดลำดับ DNA สำหรับการระบุลักษณะของชั้นของสัตว์ และการวิเคราะห์ชิ้นส่วนดีเอ็นเอเรื่อง short tandem repeats (STRs) และ Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) เพื่อระบุอัตลักษณ์ของสิ่งนั้นๆ
คาดว่ามาตรฐานและแนวทางปฏิบัติเหล่านี้จะยังคงพัฒนาต่อไปเมื่องานในภาคสนามมีการพัฒนาเพิ่มขึ้น

4.1 **คำจำกัดความของ** DNA **และตัวย่อ**

4.1.1 เกณฑ์การวิเคราะห์ - ในการวิเคราะห์ STR,
ค่าต่ำสุดและค่าสูงสุดของจุดสูงสุดของแอมพลิจูด (Peak Amplitude)
ที่ยอมรับได้สำหรับจุดสูงสุดที่ตั้งใจจะกำหนดให้เป็นตำแหน่งอัลลีล (Allele)

4.1.2 ช่องเก็บ - ในการวิเคราะห์ STR หมายถึง "หน้าต่าง"
ขนาดประมานขนาดของอัลลีลแต่ล่ะตัว
(กำหนดเฉพาะสำหรับแต่ละชนิดพันธุ์พร้อมกับข้อมูลเชิงประจักษ์)

4.1.3 การปนเปื้อน – การนำดีเอ็นเอภายนอก (Exogenous DNA)
เข้ามาในตัวอย่างหรือปฏิกิริยา PCR โดยไม่ได้ตั้งใจ

4.1.4 อิเล็กโทรเฟอร์โรแกรม (Electropherogram)–
เรื่องของผลลัพธ์จากการวิเคราะห์แบบอิเล็กโทรโฟรเร็กทิกที่ได้มาจากเครื่องวิเครา
ะห์พันธุกรรม

4.1.5 การสกัดตัวควบคุมที่ผลเป็นลบ (Extraction Negative Control) -
(หรือสารละลายเปล่า) ตัวอย่างควบคุมสำหรับการวิเคราะห์ที่ไม่มี DNA
ต้นแบบและเป็นที่ใช้เพื่อตรวจสอบการปนเปื้อนตั้งแต่จากการแยกส่วนจนถึงส่วนสุ
ดท้ายหรือทำการวิเคราะห์ตามลำดับ (Sequence Analysis)
ตัวอย่างควบคุมนี้รวมอยู่ในการวิเคราะห์ควบคู่ไปกับตัวอย่างที่เป็นที่สงสัยและ/หรือ
ตัวอย่างที่รู้จัก

4.1.6 Genotype - โครงสร้างทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตหรือเซลล์
ซึ่งยังหมายถึงอัลลีลเฉพาะที่สืบทอดที่ตำแหน่งนิวเคลียร์หรือไมโตคอนเดรีย

4.1.7 Heterozygous - ในการวิเคราะห์ STR
อัลลีลที่ปรากฏเป็นรูปแบบที่มีจุดสูงสุดสองจุดและมีค่าเฉลี่ยโดยทั่วไปของความสูง
ของจุดสูงสุดที่คล้ายคลึงกันเมื่อเปรียบเทียบกับอัลลีลอื่น ๆ เรียกว่า Heterozygous

4.1.8 Homozygous - ในการวิเคราะห์ STR อัลลีลที่ปรากฏว่ามีจุดสูงสุดจุดเดียวเรียกว่า
Homozygous

4.1.9 การวิเคราะห์สำเนาจำนวนต่ำ (Low Copy Number Analysis) –
การวิเคราะห์เพื่อให้ได้ผลลัพธ์จากตัวอย่างที่มีคุณภาพ/ปริมาณต่ำมาก
ตัวอย่างเช่นโดยการใช้วงจร PCR
การปรับใช้ความเข้มข้นของสารละลายที่ต่างกันเป็นต้น

4.1.10 Mitochondrial Haplotype – ลำดับดีเอ็นเอที่ได้ถูกระบุในพื้นที่ของ DNA
ที่อยู่ในไมโตรคอนเดรียอาโดยเฉพาะ

4.1.11 PCR – ปฏิกิริยาโพลีเมอเรสแบบลูกโซ่

4.1.12 การควบคุม PCR เชิงลบ –
วิธีการควบคุมการวิเคราะห์ที่ใช้ในการตรวจจับการปนเปื้อนของ DNA
จากสารประกอบที่มีหน้าที่ทำการขยาย
การควบคุมนี้ประกอบด้วยสารประกอบเพียงอย่างเดียวไม่มีการเพิ่ม DNA ต้นแบบ
การควบคุมนี้รวมการวิเคราะห์ควบคู่ไปกับตัวอย่างที่ยังเป็นที่สงสัยและ/หรือตัวอย่าง
ที่รู้จัก

4.1.13 การควบคุมเชิงบวก PCR –
วิธีการการควบคุมการวิเคราะห์ที่ใช้ในการตรวจสอบว่า PCR
ดำเนินการอย่างถูกต้องหรือไม่
การควบคุมนี้ประกอบด้วยสารประกอบที่มีหน้าที่ทำการขยายและตัวอย่าง DNA
ที่รู้จักอยู่แล้ว
การควบคุมนี้รวมการวิเคราะห์ควบคู่ไปกับตัวอย่างที่ยังเป็นที่สงสัยและ/หรือตัวอย่าง
ที่รู้จัก

4.1.14 จุดสูงสุด – ส่วนของสามเหลี่ยมที่แตกต่างกันของกราฟคลื่นไฟฟ้า
(Electropherogram) ที่แสดงข้อมูลเหนือเส้นฐานให้เห็น ในการวิเคราะห์ STR
การกำหนดจุดสูงสุดของอัลลีลพิจารณาจากขอบเขตที่ตั้งไว้ในซอฟต์แวร์การวิเคร
าะห์ของอุปกรณ์

4.1.15 ความสูงจุดสูงสุด - (หรือระดับความสูงสูงสุด)
จุดที่ความเข้มของสัญญาณที่จุดสูงสุดมีเยอะที่สุด

4.1.16 อัตราส่วนความสูงสูงสุด - ในการวิเคราะห์ STR
อัตราส่วนของขอบล่างความสูงของด้านล่างของจุดสูงสุดถึงขอบบนของความสูงข
องจุดสูงสุดจะแสดงในรูปของอัตราส่วนจากร้อย (เปอร์เซ็นต์)

4.1.17 การทำซ้ำตามกัน (Short Tandem Repeats, STRs) - (หรือ Microsatellites) คือชิ้นส่วน
Polymorphic ของ DNA ที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์ ซ้ำ ๆ กันโดยทั่วไป 2-5 ชุด
การระบุตัวตนมักจะใช้ STRs
เนื่องจากจำนวนการซ้ำกันโดยปกติจะมีความแปรผันสูงในด้านประชากร

4.1.18 Single Nucleotide Polymorphism (SNP) – ตำแหน่งเฉพาะของนิวคลีโอไทด์บน DNA
locus ที่แสดงให้เห็นถึงความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์
ภายในกลุ่มประชากรหนึ่ง ๆ (มักจะเป็นชนิด Bi-allelic) SNPs
สามารถนำไปใช้สำหรับการระบุชนิด การกำหนดตั้งค่าประชากร /
ภูมิภาคและการบงชี้ตัวตนเฉพาะ

4.1.19 Theta (Θ) - ตัวประมาณค่าทางสถิติ F_{ST} ของไรท์ (NRC, 1996)
ที่ใช้เพื่อแสดงโครงสร้างทางพันธุกรรมของประชากร
ค่านี้จะถูกนำมาใช้ในการแก้ไขเพื่อให้เข้ากับสมการความน่าจะเป็นที่มีข้อมูลอ้างอิงประชากรย่อยหลายชุด

4.2 มาตรฐานและแนวทางทั่วไปของ DNA

4.2.1 ห้องปฏิบัติการ

4.2.1.1 มาตรฐาน: ห้องปฏิบัติการต้องมี SOP
ซึ่งครอบคลุมกระบวนการทำความสะอาดและฆ่าเชื้อหรือล้างสิ่งปนเปื้อนจากสถานที่และอุปกรณ์ทั้งหมด

4.2.1.2 มาตรฐาน:
งานที่เกี่ยวข้อกับคดีและงานที่ไม่เกี่ยวข้องกับคดีจะต้องมีการดำเนินการแยกเชิงพื้นที่หรือแยกชั่วคราว

4.2.1.3 มาตรฐาน:
จะต้องมีการกำหนดแบ่งสัดส่วนพื้นที่ของห้องปฏิบัติการโดยออกแบบให้มีพื้นที่สำหรับ Post- PCR และ Pre-PCR ให้ชัดเจน

4.2.1.4 มาตรฐาน: จะต้องไม่มีการถ่ายโอนอุปกรณ์ ผลิตภัณฑ์ PCR
และวัสดุที่ต้องใช้จากพื้นที่ Post-PCR ไปยังพื้นที่ Pre-PCR
เว้นแต่จะมีการจัดการล้างสิ่งปนเปื้อนแล้ว

4.2.2 การสกัดดีเอ็นเอ (DNA)

4.2.2.1 มาตรฐาน: ห้องปฏิบัติการต้องมี SOP
ที่จำเป็นสำหรับวิธีการสกัดทั้งหมดที่ใช้ในห้องปฏิบัติการ

4.2.2.2 มาตรฐาน: ชุดสกัด DNA
แต่ละชุดจะต้องมีชุดสกัดควบคุมผลเชิงลบอย่างน้อยหนึ่งชุด

4.2.2.3 มาตรฐาน: การสกัด DNA
จากวัสดุอ้างอิงจะต้องทำการสกัดแยกโดยมีการแยก DNA
ออกจากหลักฐานโดยทางกายภาพหรือเป็นการชั่วคราว

4.2.2.4 มาตรฐาน:
เมื่อใดที่มีการเปรียบเทียบหลักฐานหลายรายการสำหรับการจับคู่ตัวตนเฉพาะชนิดเช่นรายการที่ถูกสงสัยเปรียบเทียบกับหลักฐานที่ทราบค่านั้น
ชิ้นส่วนหลักฐานแต่ล่ะชิ้นจะต้องถูกดำเนินการตามกระบวนการโดยที่เป็นการ

ดำเนินการในเวลาที่ต่างกันหรือในสถานที่ต่างกัน
(ไม่ทำการตรวจสอพร้อมกันในครั้งเดียว)

4.2.2.5 คำแนะนำ: ตัวอย่างที่ใช้ในการสอบทวนติดตามชนิด Trace sample ควรถูกสกัดและขยายก่อนที่จะทำการสกัดตัวอย่างที่มี DNA สำเนาจำนวนสูงและตัวอย่างที่เป็นที่สงสัยควรถูกสกัดก่อนที่จะทำการสกัดวัสดุอ้างอิงที่เกี่ยวข้องและตัวอย่างที่รู้จัก

4.2.2.6 แนวทางแนะนำ:
ในการวิเคราะห์ที่มีความอ่อนไหวต่อความเข้มข้นของต้นแบบควรทำการหาปริมาณตัวอย่างก่อนทำการขยายภาพ

4.2.3 การขยายภาพ

4.2.3.1 มาตรฐาน: ห้องปฏิบัติการต้องมี SOP ที่รองรับวิธีการทำ PCR ทั้งหมดที่ต้องใช้เป็นประจำในห้องปฏิบัติการ

4.2.3.2 มาตรฐาน: จะต้องมีการบันทึกไพรเมอร์ที่ใช้ไว้ในแฟ้มคดี

4.2.3.3 มาตรฐาน:
ไพรเมอร์ที่ใช้เป็นประจำจะต้องผ่านการตรวจสอบเพื่อกำหนดขอบเขตช่วงของเงื่อนไข PCR
ที่ยอมรับได้และเพื่อประเมินความเป็นไปได้หากต้องเผชิญหน้ากับผลทดสอบที่เป็นบวกที่ไม่เป็นจริงและผลทดสอบที่เป็นลบที่ไม่เป็นจริง

หมายเหตุ: ทดสอบสามารถรวมถึงวิธีการที่หลากหลาย
ขึ้นอยู่กับการวิเคราะห์ที่จะดำเนินการ ตัวอย่างเช่น:
การเจือจางของกรอบต้นแบบ (Template เทมเพลต) ที่แตกต่างกัน,
ความเข้มข้นของรีเอเจนต์, อุณหภูมิในการหลอม,
จำนวนรอบและการตรวจสอบความหลากหลายของสายพันธุ์ที่น่าจะเป็นไปได้เพื่อกำหนดความจำเพาะ

4.2.3.4 มาตรฐาน: การทำ PCR
แต่ละครั้งจะต้องรวมถึงการทำการสกัดตัวควบคุมเชิงลบและ PCR ควบคุมเชิงลบและบวก

4.2.3.5 แนวทางแนะนำ:
ผลจากการควบคุมเชิงบวกควรทำให้เกิดจีโนไทป์ที่โดดเด่นเพื่อจะทำให้ผู้ดำเนินการพร้อมที่จะกำหนดบงชี้ได้ว่ามันไม่ได้เป็นแหล่งที่มาของการปนเปื้อน

4.2.3.6 มาตรฐาน: ตัวควบคุมเชิงลบและเชิงบวก ของ PCR และการสกัดตัวควบคุมเชิงลบจะต้องได้รับการวิเคราะห์โดยใช้ตัวอย่างจากหลักฐานผ่านขั้นตอนสุดท้าย (เช่นการหาลำดับหรือการกำหนดขนาดของชิ้นส่วน)

4.2.4 การวิเคราะห์และการตีความ

4.2.4.1 มาตรฐาน:
ผลลัพธ์ที่ได้จะถูกปฏิเสธหากผลจากการควบคุมเชิงลบแสดงให้เห็นการขยายและจีโนไทป์ที่เหมือนกับตัวอย่างหลักฐานทั้งหมด

4.2.4.2 มาตรฐาน: ห้องปฏิบัติการจะต้องมีระเบียบวิธีปฏิบัติ SOPs ที่ครอบคลุมประเด็นดังต่อไปนี้:

4.2.4.2.1 เมื่อตรวจสอบแล้วพบว่ามีการปนเปื้อนในตัวควบคุมเชิงบวก ตัวควบคุมเชิงลบหรือในตัวอย่างที่ใช้ในคดี

4.2.4.2.2 การวิเคราะห์ การตีความและเกณฑ์ขั้นต่ำสำหรับการยอมรับข้อมูล เช่นมีตัวอย่างของตัวบ่งชี้คุณภาพของข้อมูลรวมถึงคะแนน PHRED, ค่าความเข้มของสัญญาณหรือความสูงจุดสูงสุด

4.2.4.3 แนวทางแนะนำ: ห้องปฏิบัติการที่ทำงานกับ DNA ที่เสื่อมสภาพหรือมีจำนวนสำเนาต่ำ ควรมี SOP เฉพาะที่กล่าวถึงการวิเคราะห์ที่เฉพาะเจาะจงสำหรับตัวอย่างชนิดดังกล่าวและการตีความข้อมูลที่ได้ตามมา

4.3 มาตรฐานและแนวทางการเรียงลำดับ

4.3.1 มาตรฐาน: ห้องปฏิบัติการต้องมี SOPs ที่ครอบคลุมประเด็นดังต่อไปนี้:

4.3.1.1 การแก้ไขและการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์

4.3.1.2 การปนเปื้อนตามลำดับหรือสารผสม

4.3.1.3 Heteroplasmy

4.3.2 มาตรฐาน: การระบุตามอนุกรมวิธานโดยใช้ข้อมูลลำดับจะรวมถึงการพิจารณา:

4.3.2.1
ความเหมาะสมของข้อมูลอ้างอิงรวมถึงความเหมาะสมในการเป็นตัวแทนของสายพันธุ์ที่เกี่ยวข้องกันอย่างใกล้ชิด

4.3.2.2 การกระจายของระยะห่างทางพันธุกรรมในหมู่ญาติที่สนิทที่สุด

4.3.2.3 ชีวภูมิศาสตร์ของสิ่งมีชีวิต ประวัติชีวิตและอนุกรมวิธาน

4.3.2.4 เชื้อชาติ (Phylogenies) ที่ได้รับการระบุเผยแพร่

4.3.3 มาตรฐาน: เมื่อมีการใช้ลำดับจากฐานข้อมูลสาธารณะ (เช่นจาก National Center for Biotechnology Information's GenBank) นั้น นักวิเคราะห์จะต้องตระหนักระวังในเรื่องของความแปรปรวนของคุณภาพข้อมูลในฐานข้อมูลดังกล่าวและพยายามทำการประเมินความน่าเชื่อถือในเรื่องของอนุกรมวิธาน (Taxa) ที่อยู่ระหว่างการตรวจสอบ

4.3.4 แนวทางแนะนำ:

การระบุตัวตนไม่ควรขึ้นอยู่กับลำดับเดียวที่ได้จากฐานข้อมูลสาธารณะในกรณีที่ไม่ค่อยจะเกิดขึ้น แต่หากไม่มีข้อมูลเพิ่มเติมอื่น ๆ ที่สามารถหาเพิ่มเติมได้ให้เขียนระบุข้อจำกัดนี้ไว้ในบทสรุปของรายงาน

4.3.5 มาตรฐาน: การประมาณทางสถิติของ Mitochondrial Haplotype Frequency จะต้องทำโดยการพิจารณาความเหมาะสมและความครบถ้วนของข้อมูลอ้างอิงที่มี

4.4 มาตรฐาน STR และแนวทางปฏิบัติที่แนะนำ

4.4.1 มาตรฐาน: ห้องปฏิบัติการต้องมีมาตรฐานกระบวนการทำงาน (SOPs) ที่ครอบคลุมประเด็นดังต่อไปนี้:

4.4.1.1 การกำหนดเกณฑ์นิยามของความเข้มของสัญญาณสำหรับอัลลีลที่ใช้ในการกำหนดชนิดของยีน (Genotype) เกณฑ์ความเข้มของสัญญาณเหล่านี้ถูกกำหนดค่าที่ยอมรับได้โดยทั่วไปซึ่งขึ้นอยู่กับแพลตฟอร์มการรวบรวมหรือการพิจารณาสังเกตุที่ผ่านการตรวจทานภายใน

4.4.1.2 การกำหนดชุดเกณฑ์ขั้นต่ำสำหรับการกำหนดอัลลีลและจีโนไท Genotype ที่จะรวมอยู่ในรายงานขั้นสุดท้าย

4.4.1.3 การกำหน Bin สำหรับการแจกแจงระบุอัลลีล

4.4.1.4 แยกแยะชิ้นส่วนประกอบ (Artifacts) เช่น Shutter Peaks และ Pull-up Peaks จากจุดสูงสุดที่แท้จริงของอัลลีล (True Allele Peaks)

4.4.1.5 การแยกแยะความแตกต่างระหว่างที่มาแบบแหล่งเดียวที่มาจากหลายแหล่งและ Genotype ที่มีรายละเอียดตัวตนเพียงแค่บางส่วน

4.4.1.6 การใช้สูตรที่มีการระบุตั้งขึ้นอยู่แล้ว (เช่น NRC, 1996) เพื่อคำนวณความน่าจะเป็นของตัวตนเฉพาะ

4.4.1.7

การจัดการมอบหมายระบุกลุ่มประชากรรวมถึงการใช้วิธีการทางสถิติที่เหมาะสมสนับสนุน

4.4.2 มาตรฐาน:

มาตรฐานขนาดภายในจะต้องรันด้วยตัวอย่างเพื่อทำให้เป็นมาตรฐานความแตกต่างของการย้ายถิ่นสูงสุด

การกำหนดอัลลีลตัวอย่างจะถูกนำมาใช้เท่านั้นหากอัลลีลที่ใหญ่ที่สุดและเล็กที่สุดสำหรับตัวอย่างนั้นอยู่ในช่วงที่ครอบคลุมโดยขนาดมาตรฐานภายใน

4.4.3 มาตรฐาน: เมื่อใดที่มีการใช้ข้อมูลร่วมกันระหว่างห้องปฏิบัติการ

การเรียกแทนอัลลีลจะต้องเป็นหนึ่งเดียวกัน (เช่น

โดยการใช้ปริมานตัวอย่างการควบคุมคุณภาพของจีโนไทป์ที่รู้จักอยู่แล้ว)

4.4.4 มาตรฐาน:

ห้องปฏิบัติการแต่ละแห่งจะต้องใช้แผงตำแหน่งที่ได้ผ่านการตรวจสอบจากกระบวนการภายในห้องปฏิบัติการแล้ว

4.4.5 มาตรฐาน:

การคำนวนประมาณความน่าจะเป็นขอแต่ล่ะชนิดจะต้องรวมถึงการปรับเปลี่ยนเพื่อรองรับโครงสร้างประชากรด้วย

หมายเหตุ:

สำหรับแท็กซ่าที่มีข้อจำกัดด้านการเคลื่อนไหวหรือชนิดพันธุ์ที่ไม่ได้มีการผสมพันธุ์แบบจับคู่ทั่วไป (Non-panmictic Breeding) แล้วนั้น

ต้องจัดห้าข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับโครงสร้างประชากรของสัตว์ชนิดนั้นๆ

เมื่อใดที่ไม่ทราบค่าของ Theta สำหรับสายพันธุ์ใด ๆ ก็ตาม

จะต้องมีการปรับค่าข้อมูลแบบวิทีอนุรักษ์นิยมและใช้ข้อมูลที่มีจากระบบ taxa

ซึ่งคาดว่าวิธีนี้จะทำให้มีจำนวนประชากรที่คล้ายคลึงกัน

4.4.6 มาตรฐาน: เมื่อใดก็ตามทีมีการทำการกำหนดประชากร

การจัดให้ฐานข้อมูลมีข้อมูลครอบคลุมถึงตัวแทนพื้นที่ครอบคลุมทางภูมิศาสตร์และการมีขนาดตัวอย่างที่เพียงพอเป็นสิ่งสำคัญ

หากขนาดประชากรที่เหมาะสมไม่สามารถถูกนำไปรวมอยู่ในการเปรียบเทียบบทสรุปก็จะสะท้อนความจริงนั้น

4.5 SNP มาตรฐานและแนวทาง

4.5.1 มาตรฐาน: ห้องปฏิบัติการต้องมี SOPs ที่ครอบคลุมประเด็นดังต่อไปนี้:

4.5.1.1 การขยาย SNP (เช่น PCR แบบเรียลไทม์, PCR เฉพาะสำหรับอัลลีลแต่ล่ะชนิด)

4.5.1.2 การกำหนดนิยามขอบเขตของชุดเกณฑ์ขั้นต่ำสำหรับการกำหนด SNP (เช่น การจัดกลุ่มด้วยตัวควบคุมเชิงบวก กำหนดความสูงขั้นต่ำของจุดสูงสุด) เกณฑ์เหล่านี้ให้ถูกกำหนดโดยค่าที่เป็นที่ยอมรับโดยทั่วไปตามแพลตฟอร์มการรวบรวมหรือให้ทำการกำหนดเชิงประจักษ์โดยใช้การตรวจสอบภายในเป็นการรับรองความถูกต้อง

4.5.1.3 การแยกแยะความแตกต่างระหว่างตัวอย่างที่มีที่มาจากแหล่งเดียวและตัวอย่างที่มีแหล่งที่มาหลายแหล่ง

4.5.1.4 การใช้สูตรที่จัดตั้งขึ้นแน่นอนแล้ว (เช่น NRC, 1996) เพื่อทำการคำนวณความน่าจะเป็นของกรบงชี้แต่ล่ะชนิด

4.5.1.5 การมอบหมายประชากรรวมถึงการใช้วิธีการทางสถิติที่เหมาะสมในการสนับสนุน.

4.5.2 แนวทางแนะนำ:

การควบคุมเชิงบวกจะต้องรวมจีโนไทป์ที่เป็นไปได้ทั้งหมดสำหรับแต่ละตำแหน่งไว้ ซึ่งอาจจะมาจากตัวอย่างของจีโนไทป์ที่รู้จักอยู่แล้วหรือจากการสร้างวัสดุควบคุมเชิงบวกเทียมขึ้นมา

4.5.3 มาตรฐาน:

เมื่อใดที่มีการใช้อิเล็กโตรโฟรีซิสของเส้นเลือดฝอยจะต้องจัดให้มีมาตรฐานขนาดทีใช้ภายในห้องปฏิบัติการถูกนำไปทดสอบดำเนินการร่วมกับกลุ่มตัวอย่างเพื่อทำให้ความแตกต่างของการเปลี่ยนแปลงจุดสูงสุดเป็นเป็นปกติ

4.5.4 มาตรฐาน: เมื่อใดก็ตามที่มีการแบ่งปันข้อมูลระหว่างห้องปฏิบัติการการเรียก SNP อัลลีลจะต้องมีความกลมกลืน (เช่นโดยการใช้ตัวอย่างการควบคุมคุณภาพที่เป็นที่รู้จักgenotype)

4.5.5 มาตรฐาน:

ห้องปฏิบัติการแต่ละแห่งจะต้องใช้แผงตำแหน่งที่ผ่านการตรวจสอบรับรองความถูกต้องการคณะดำเนินการภายในแล้ว

4.5.6 มาตรฐาน:

การประมาณค่าความน่าจะเป็นของตัวตนแต่ล่ะชนิดจะต้องรวมถึงการปรับโครงสร้างประชากรด้วย

หมายเหตุ: สำหรับ Taxa
ที่มีข้อจำกัดด้านการเคลื่อนไหวหรือชนิดพันธุ์ที่มีการผสมพันธุ์แบบไม่สลับคู่ค
วรจัดให้มีการประมาณค่าโครงสร้างประชากรที่เกี่ยวข้อง สำหรับกรณีที่ Theta
ไม่ได้เป็นที่รู้จักเมื่อเทียบกับสายพันธุ์ใด ๆ
จะต้องมีการปรับค่าในแบบอนุรักษ์นิยมเพิ่มเข้าไปในกระบวนการโดยใช้ข้อมูล
ที่มีอยู่จาก Taxa ที่คาดว่าจะมีโครงสร้างประชากรที่คล้ายคลึงกัน

4.5.7 มาตรฐาน: เมื่อใดก็ตามทีมีการทำการกำหนดประชากร
การจัดให้ฐานข้อมูลมีข้อมูลครอบคลุมถึงตัวแทนพื้นที่ครอบคลุมทางภูมิศาสต
ร์และการมีขนาดตัวอย่างที่เพียงพอเป็นสิ่งสำคัญ
หากขนาดประชากรที่เหมาะสมไม่สามารถถูกนำไปรวมอยู่ในการเปรียบเทียบบ
ทสรุปก็จะสะท้อนให้เห็นถึงความจริงนั้น