

# Y-STR家系排查在盗窃案中的应用报道

蒋佳梅<sup>1</sup>, 袁晓坤<sup>2</sup>, 高磊<sup>2</sup>, 黄洋智<sup>2</sup>, 姚金勇<sup>2</sup>, 胡利平<sup>1,3\*</sup>

<sup>1</sup>昆明医科大学法医学院法医学系, 云南 昆明

<sup>2</sup>云南省红河哈尼族彝族自治州公安局司法鉴定中心, 云南 红河

<sup>3</sup>昆明医科大学司法鉴定中心, 云南 昆明

收稿日期: 2025年11月2日; 录用日期: 2025年11月25日; 发布日期: 2025年12月3日

## 摘要

目的: 通过剖析一起盗窃案中微量生物物证的分析 and 比对全过程, 探讨Y-STR家系排查在盗窃案中的应用。方法: 用磁珠法提取DNA, 采用VeriFiler™ Plus和SureID® PathFinder Plus扩增试剂盒分别扩增常染色体和Y染色体STR, 扩增产物通过毛细管电泳进行STR分型。结果: 磁珠法提取DNA, 142份检材检出54份, 检出率为38.03%。Y-STR分型结果排查比中两个家系: 非本地家系(1容差)、本地家系(2容差), 结合案情综合分析优先考虑2容差家系, 最后通过常染色体成功锁定犯罪嫌疑人。结论: 磁珠法在此类盗窃案中脱落细胞类生物检材中检出率较高。Y-STR家系排查在盗窃案中有效缩小侦察范围, 常染色体精准识别。在实际运用Y-STR家系排查中不能只考虑常规的遗传规律, 不能完全以容差大小作为规律, 需结合案情综合分析, 让Y-STR家系排查在盗窃案中发挥最大作用。

## 关键词

法医物证学, Y染色体, 同一认定, 容差

# Application Report on Y-STR Pedigree Screening in Theft Cases

Jiamei Jiang<sup>1</sup>, Xiaokun Yuan<sup>2</sup>, Lei Gao<sup>2</sup>, Yangzhi Huang<sup>2</sup>, Jinyong Yao<sup>2</sup>, Liping Hu<sup>1,3\*</sup>

<sup>1</sup>Department of Forensic Medicine, School of Forensic Medicine, Kunming Medical University, Kunming Yunnan

<sup>2</sup>Forensic Identification Center of Public Security Bureau of Honghe Hani and Yi Autonomous Prefecture, Yunnan Province, Honghe Yunnan

<sup>3</sup>Forensic Identification Center, Kunming Medical University, Kunming Yunnan

\*通讯作者。

文章引用: 蒋佳梅, 袁晓坤, 高磊, 黄洋智, 姚金勇, 胡利平. Y-STR 家系排查在盗窃案中的应用报道[J]. 计算生物学, 2025, 15(4): 47-52. DOI: 10.12677/hjcb.2025.154005

## Abstract

**Objective:** To explore the application of Y-STR family investigation in a theft case by analyzing and comparing the whole process of trace biological evidence in a theft case. **Methods:** DNA was extracted by magnetic bead method. VeriFiler™ Plus and SureID® PathFinder Plus amplification kits were used to amplify autosomal and Y chromosome STR, respectively. The amplified products were subjected to STR typing by capillary electrophoresis. **Results:** DNA was extracted by magnetic bead method, and 54 of 142 samples were detected, with a detection rate of 38.03%. The results of Y-STR typing were compared with two families: non-local family (1 tolerance) and local family (2 tolerance). Combined with the comprehensive analysis of the case, the 2-tolerance family was given priority, and finally the criminal suspect was successfully locked by autosome. **Conclusion:** The detection rate of magnetic bead method in exfoliated cell biological samples in such theft cases is high. Y-STR family investigation can effectively narrow the scope of investigation in theft cases and accurately identify autosomes. In the practical application of Y-STR family investigation, we can not only consider the conventional genetic law, but also not completely take the tolerance size as the law. We need to combine the comprehensive analysis of the case, so that Y-STR family investigation can play the greatest role in the theft case.

## Keywords

Forensic Biology, Y Chromosome, Individual Identification, Tolerance

Copyright © 2025 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

## 1. 案例

### 1.1. 简要案情

2025 年 3 月 28 日接到报案称：在红河州某小区排查中发现小区 1~5 栋内多间毛坯房电线被盗。接到报案后，立即派技术人员进行现场勘察。经过勘察发现，嫌疑人将插座拆卸后盗窃电线。因此，技术人员对可能留下嫌疑人生物信息的螺丝进行了原物提取，对插座进行了擦拭转移提取，以房间为单位，提取生物检材百余份。为了侦破此案，送检 142 份进一步进行系统法医 DNA 分析。

### 1.2. 检验过程

#### 1.2.1. DNA 提取

技术人员对送检的插座擦拭物进行剪切提取，对送检螺丝进行擦拭提取。本案涉及的检材量大，所有生物样本不仅微量而且都有不同程度降解，磁珠法提取此类案件生物检材中 DNA 物质的效果较好。所以选择了全自动 96 道微量 DNA 提取工作站(博坤生物科技有限公司)进行 DNA 的提取。主要流程为：1) 裂解：通过机械、化学或酶的方法释放细胞中的核酸，通常使用溶菌酶或蛋白酶来破裂细胞，释放核酸；2) 结合：将磁珠与样品混合，加入特定的缓冲液，使 DNA 与磁珠结合；3) 洗涤：通过洗涤步骤去除杂质和污染物，确保得到纯化的 DNA；4) 洗脱：加入洗脱缓冲液，从磁珠上洗脱 DNA，得到纯化的样本。

### 1.2.2. PCR 扩增和电泳

对工作站得到的纯化 DNA 样本, 采用 VeriFiler™ Plus PCR 扩增试剂盒(美国 Thermo Fisher Scientific 公司)对检材 DNA 进行 PCR 复合扩增。采用 SureID® PathFinder Plus 扩增荧光检测试剂盒(宁波海尔施基因科技股份有限公司)对检材进行 Y-STR 扩增。扩增产物使用 3130 型基因分析仪(美国 Thermo Fisher Scientific 公司)进行毛细管电泳, 采用 GeneMapper™ ID-X 1.6 (美国 Thermo Fisher Scientific 公司)基因软件进行 STR 分型。

### 1.3. 检验结果

本案检验所用扩增试剂盒兼容中国国家数据库 20 个常用基因座, 包括 Penta D 和 Penta E 等 23 个常染色体位点和 2 个性别位点 Amelogenin 和 Y-Indel。对本案 142 份检材基因分型结果进行分析, 共检出 54 份, 检出率为 38.03%。其中 22 份为混合分型无法分辨, 32 份检出同一男性的 DNA 分型, 高度疑似犯罪嫌疑人, 等位基因分型结果见图 1。随后对该检材扩增了性别染色体 Y, 复合扩增了 44 个基因座, 包含 41 个 Y-STR 基因座和 3 个 Y-indel 基因座, 等位基因分型结果见图 2。通过 Y-STR 进行家系排查, 成功比中了两个家系, 分别为 1 容差(非本地家系)、2 容差(本地家系)。结合本案发案的特点: 作案时间跨度长、了解小区构造、作案量大; 同时结合现场特点综合分析, 最后优先考虑比中的本地家系(2 容差), 对有作案嫌疑的 2 容差家系采血进行个体识别, 最后用常染色体成功锁定犯罪嫌疑人权某。所有样本分型图谱清晰, 阳性对照正确, 阴性对照无扩增产物。

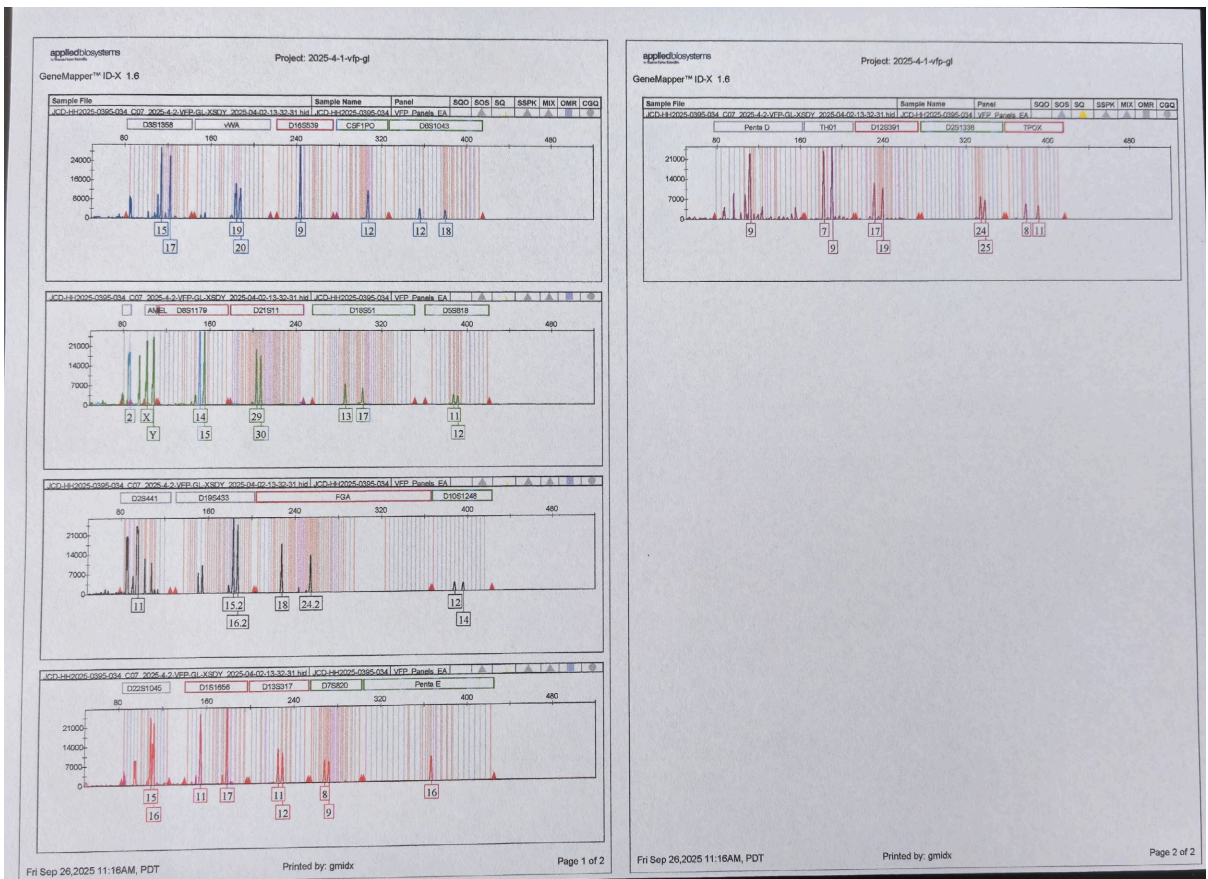
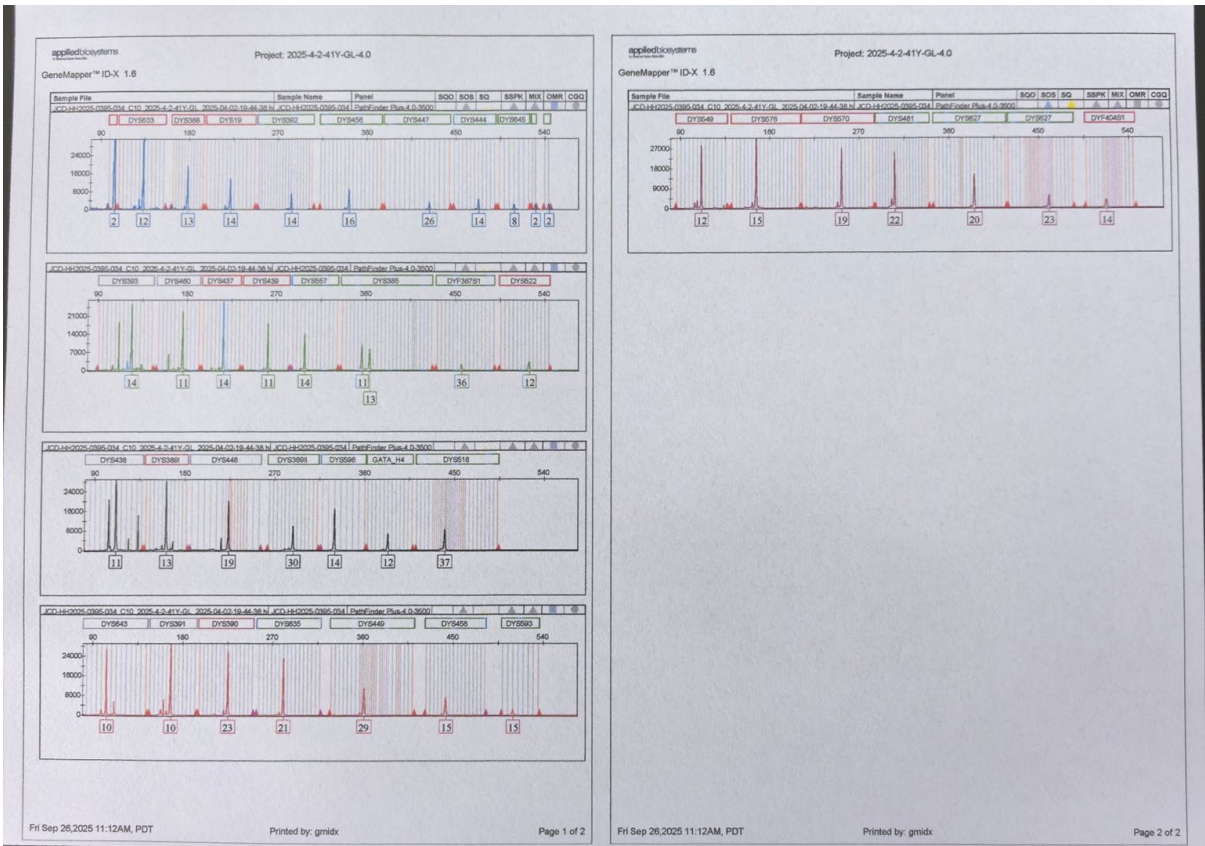


Figure 1. Autosomal typing results of on-site biological samples  
图 1. 现场生物检材常染色体分型结果





**Figure 2.** Amplification Y-STR typing results of biological samples  
**图 2.** 生物检材扩增 Y-STR 分型结果

**1.4. 结果分析**

本案检测系统采用 VeriFiler™ Plus PCR 试剂盒，该试剂盒中 D3S1358 等二十三个常染色体 STR 基因座均为人类遗传标记，具有人类种属特异性和组织同一性，联合应用可以进行 DNA 同一认定。根据《法医学个体识别技术规范》(GB/T 43642-2024)所提供的各个 STR 基因座的个体识别能力，计算本检测系统的累积个体识别能力(TDP)为  $1.34 \times 10^{-28}$ 。通过计算现场遗留生物痕迹和嫌疑人血样 STR 基因座随机匹配概率(PM)为  $1.2116 \times 10^{-32}$ ，似然率(LR)为  $8.2533 \times 10^{31}$  (计算结果见表 1)，其值大于全世界人口总数，支持 2 份检材来源于同一个体。

综合以上分析，送检现场遗留的生物物证(142 份)检出的 32 份的 DNA 分型与嫌疑人权某的血样 DNA 分型一致，其似然率(LR)为  $8.2533 \times 10^{31}$ ，支持送检的现场遗留生物物证(32 份)与嫌疑人血痕来自于同一个体。

**Table 1.** Calculates random matching probability (PM) and likelihood ratio (LR)  
**表 1.** 计算随机匹配概率(PM)与似然率(LR)

检测系统	检测样本		等位基因 1	等位基因 2	计算公式	PM
D3S1358	15	17	0.3461	0.2153	$2 \times p \times q$	0.1490
D1S1656	11	17	0.0853	0.0991	$2 \times p \times q$	0.0169
D6S1043	12	18	0.142	0.185	$2 \times p \times q$	0.0525

续表

D13S317	11	12	0.2425	0.1308	2*p*q	0.0634
Penta E	16	16	0.0777	0.0777	p*p	0.0060
D16S539	9	9	0.2676	0.2676	p*p	0.0716
D18S51	13	17	0.1761	0.0805	2*p*q	0.0284
D2S1338	24	25	0.1308	0.0594	2*p*q	0.0155
CSF1PO	12	12	0.3984	0.3984	p*p	0.1587
Penta D	9	9	0.3398	0.3398	p*p	0.1155
TH01	7	9	0.2797	0.4879	2*p*q	0.2729
vWA	19	20	0.0845	0.0161	2*p*q	0.0027
D21S11	29	30	0.2565	0.2958	2*p*q	0.1517
D7S820	8	9	0.1549	0.0503	2*p*q	0.0156
D5S818	11	12	0.3421	0.2274	2*p*q	0.1556
TPOX	8	11	0.5171	0.3068	2*p*q	0.3173
D8S1179	14	15	0.1901	0.164	2*p*q	0.0624
D12S391	17	19	0.052	0.255	2*p*q	0.0265
D19S433	15.2	16.2	0.1378	0.0412	2*p*q	0.0114
FGA	18	24.2	0.0302	0.008	2*p*q	0.0005
D2S441	11	11	0.3414	0.3414	p*p	0.1166
D10S1248	12	14	0.0756	0.2093	2*p*q	0.0316
D22S1045	15	16	0.2454	0.2903	2*p*q	0.1425
累积 PM						$1.2116 \times 10^{-32}$
似然率 LR						$8.2533 \times 10^{31}$

2. 讨论

盗窃案件是公安机关日常接处警中主要的案件类型。盗窃犯罪不仅给人们的日常生活造成影响，而且也对社会的和谐和稳定构成了威胁[1]。根据国家统计局公开发表的数据显示，在 2023 年全国公安机关受理盗窃案 2,245,846 件，立案的案件仅 981,771 件，立案率远低于 50%。盗窃案给人民财产造成巨大损失，随着社会的快速发展，当前盗窃案件呈现出复杂、高发、作案手段智能化等特点，所以盗窃案的破获也越来越困难。盗窃案直接关乎人民生命财产安全，破案率的提高可以大大提升人民满意度，挽回人民财产损失。盗窃案现场复杂多样，在监控条件不良的情况下，全面细致有重点的现场勘查就至关重要，特别是现场遗留的生物物证。

盗窃案现场发现的生物检材呈现微量、降解、污染的特点，盗窃类案件中提取到的生物检材绝大多数为接触性脱落细胞类[2]，故检验及比对难度较大。所以在物证的发现、DNA 的提取等方面都要严格操作避免污染。检材的发现和提取中要做好防护，防止二次污染；注意检材单独存放，防止交叉污染。在 DNA 检验中必须严格质量控制，设置阳性对照，阴性对照，排除污染等情况，只有严格质量控制才能得出准确的结果。本案涉及所有生物样本不仅微量而且都有不同程度降解，磁珠法提取此类案件生物的检材中 DNA 物质的效果较好[3]。所以选用磁珠法进行 DNA 的提取，磁珠法自动化程度高，可批量处理，

提取效率和纯度高,适合高通量检测。在实验中也证明磁珠法更适合污染接触 DNA 检材的提取及自动化操作[4]。本案 142 份生物样本检出 54 份,检率高同时自动化平行操作减少污染,结果更为准确。

本案在得出 32 份样本检出同一男性嫌疑人 STR 分型后,进入全国 DNA 数据库进行比对,但在 DNA 数据库中未比中的情况下,对于其他染色体的补充就至关重要。性别染色体 Y 具有男性特有、父系遗传、单倍型遗传的特点,理论上,Y 染色体中的大部分不与 X 染色体重组,所有的 Y-STR 基因组均组合在一起作为一个整体遗传给子代,所以同一家族中男性个体的 Y-STR 分型结果完全一样,利用性别染色体 Y 可以进行家系排查和族源推断[5]。但是基因有两大特性:遗传和突变,突变分为碱基置换突变和移码突变,这也就导致远亲与近亲之间 Y-STR 分型存在差异。所以在实际案例运用中,需要对案情综合分析后来筛选比中的家系。本案应用家系排查时,共比中两个家系,分别为本地家系(2 容差)、非本地家系(1 容差),但在 1 容差和 2 容差之间选择比对 2 容差家系,正是对案件作案时间跨度长、了解小区构造、作案量大的特点的分析。所以应用 Y-STR 家系排查时,0 容差及多容差均需考虑,不可因容差大就排除在外,必须结合案件信息及现场特点等综合分析。可优先筛查在全部 35 个 Y-STR 基因座上 0~3 个容差且在中、低突变基因座上 0~1 个容差的家系。差异数符合条件时,步长较远的家系应谨慎排除,应谨慎增加高突变基因座[6]。同一家系不同个体的排查优先考虑高突变基因座,不同家系间的排查优先考虑低突变基因座。同时在同一家系中,家系较为庞大时,家系内成员会存在容差较大的情况,仍需要采集足够多的样本以保证不会对该家系的错误排除[7]。

常染色体是细胞核内染色体组的重要组成部分,其数量稳定、形态规律,通过孟德尔遗传定律传递遗传性状,调控基础生命活动。常染色体 STR 在法医物证鉴定中已经成熟运用于个体识别和亲子鉴定。在本案中,利用 Y-STR 进行家系排查缩小侦察范围,因为性别染色体伴性遗传的特点,所以 Y-STR 并不能进行精准鉴识,仅有排除作用,在 Y-STR 缩小侦察范围后,在此范围内利用常染色体进行个体识别,通过随机匹配概率和似然率的计算,最后通过常染色体成功锁定犯罪嫌疑人。

### 3. 结论

本案运用 Y-STR 家系排查,在侦察过程中缩小了侦察范围,最终利用常染色体锁定了盗窃案的犯罪嫌疑人。常染色体 STR 是有局限性的,人口基数庞大,DNA 数据库库容量有限,不可能包含所有数据。这时,Y-STR 家系排查是非常重要的,性别染色体 Y 的优势凸显出来,真正做到“Y 找群,常定人”。基因的突变使得在实际比对中会出现容差,但容差的大小并不能成为筛选家系的唯一标准,需根据对案情的综合分析来筛选家系。现在技术不断发展,二代测序的高通量、兼顾序列多态性,法医系谱学的发展,遗传标记的联合应用都为法医实际案件的解决提供了强有力的科技利刃,实现更精准的个体识别。真正做到以科技赋能,精准打击犯罪。

### 参考文献

- [1] 曹恩奇. 基于深度学习的典型盗窃案件数据补全及预测方法研究[D]:[硕士学位论文]. 北京:中国人民公安大学,2024.
- [2] 张广峰,陈松,涂政,等. 接触 DNA 检验成功率的影响因素探讨[J]. 刑事技术,2013,38(3): 9-13.
- [3] 李正美,杜雷,黄学华,景强,许冰莹,胡利平. 磁珠法在微量检材 DNA 提取中的应用[J]. 生物技术世界,2013,10(1): 7-9.
- [4] 杨电,张丽萍,刘超,徐曲毅. Chelex 法和两种磁珠法提取接触 DNA 效果的比较[J]. 刑事技术,2012,37(1): 11-13.
- [5] 王阳,吴劲川. Y-STR 技术在公安工作中的应用[J]. 法制与社会,2016(25): 272-273.
- [6] 童梦洁,张科,李彩霞,张广峰,张文杰,杨澜,侯庆唐,刘京. 家系 Y-STR 基因座容差在系谱推断中的应用[J]. 法医学杂志,2023,39(3): 296-304.
- [7] 李鸿雷,张旭,孙辉,王占洪,张二伟,李万水,莫晓婷. 家系排查中 Y-STR 突变分析[J]. 刑事技术,2018,43(6): 501-504.