

出國報告（計畫類別：進修）

內政部警政署112年度選送優秀警察
人員國外進修案

（美國紐約市立大學約翰杰學院碩士學位進修心得報告，研究主題：
車輛環境中膠帶樣本の間接DNA轉移研究）

服務機關：臺北市政府警察局

姓名職稱：鍾雨靜 巡官

派赴國家：美國

出國期間：112年8月18日至114年8月16日

報告日期：114年10月20日

知識分享日期：114年9月17日（於刑事鑑識中心每週例行會議）

摘要

本研究調查了存放於車內的膠帶上 DNA 的累積情形。研究特別針對存放於駕駛座下方及後車廂七天的出自工廠尚未被使用的膠帶，從其三個區域 (內側紙捲、外側膠帶表面與二邊具黏性的側面) 回收樣本進行分析。共招募 12 名志願者，取得來自 12 輛車的 64 份 DNA 樣本。以 GlobalFiler™ 試劑進行擴增後，評估 DNA 的量與 DNA 型別結果。平均而言，駕駛座下的 DNA 產量高於後車廂，但差異不具顯著性。膠帶內側的 DNA 產量顯著低於其他區域。多數樣本 (89%) DNA 濃度達到 GlobalFiler™ 擴增所需的最低門檻 ($\geq 0.002 \text{ ng}/\mu\text{L}$)。

DNA 型別圖譜的品質與 DNA 產量呈正相關。多數樣本 (71%) 產生了可供解釋的 DNA 型別 (至少有 5 處常染色體 STR 基因位檢出型別)。膠帶內側產生最多「不適用比對」的 DNA 型別圖譜 (Not suitable for comparison, NS: 可判讀等位基因數 < 5 個 STR 基因位)；外側則多數為「高度部分分型」(High Partial, HP: 可判讀等位基因數 ≥ 13 個 STR 基因位) 或「完整分型」(Full profile, F: 所有常染色體 STR 基因位皆有等位基因判讀) DNA 型別圖譜，且來自兩處車輛位置的結果皆一致。膠帶二側面則主要呈現「低度部分分型」DNA 型別 (Low Partial, LP: 可判讀等位基因數 ≥ 5 且 < 13 個 STR 基因位)。所有單一來源樣本與大部分混合樣本中均包含志願者(車主)，而 22% 的樣本則排除了志願者作為貢獻者。此結果說明了在封閉空間內存在間接 DNA 轉移的可能性。

目次

計畫緣起	4
出國目標	5
過程	5
心得	6
研究主題：車輛環境中膠帶樣本的間接 DNA 轉移研究	6
建議	47
參考文獻	48

計畫緣起

警政署與美國紐約市立大學約翰杰學院 (John Jay College of Criminal Justice, City University of New York) 自簽署「教育訓練合作備忘錄 (MOU)」以來，該校每年提供 2 個進修名額，供各級警察向警政署提出申請，就讀該校研究所學程。值得注意的是，申請人除須依警政署規定提出申請同時，亦須依該校國際學生入學程序檢送相關資料，並通過校方所要求之英語能力門檻。

該校鑑識科學研究所學程已獲美國鑑識科學教育計劃認證委員會 (Forensic Science Education Programs Accreditation Commission, FEPAC) 之認證。課程期間為兩年，需修習約 40 學分，內容包含大量實驗實作，並須完成碩士論文。此一課程對於期望系統性重建並精進鑑識科學實驗室知識與技能者，必將有所助益。

出國目標

近年來，因儀器檢測之靈敏度大幅提高，微量 DNA 亦可檢測出足以比對之 DNA 型別，因其複雜性，如背景 DNA、DNA 轉移之機制、持久性、多人之 DNA 混合型別判斷、至推算導致此 DNA 結果的行為的機率等，使其成為熱門主題。隨之而來的相關的研究 (DNA-TPPR；Transfer, Prevalence, Persistence, and Recovery of DNA)、Probabilistic genotyping (PG)、Activity level reporting (ALR) 迅速發展。於瀏覽學校網站時，發現 Dr. Prinz 研究主題是微量 DNA，受此吸引，決定出國學習。

過程

此次赴美2年研究所學習。在修讀必修課程如進階儀器分析、證物處理、鑑識毒物學基礎後，學生將選擇3個組-刑事技術組 (criminalistics)、分子生物學 (molecular biology)、毒物組 (forensic toxicology) 中之1類繼續精進並進行相關論文研究。

筆者選擇分子生物學組，修習進階遺傳學、分子生物學1與應用於鑑識領域之分子生物學2。除了組內必修重點課程，學校亦安排了其它組的課程，以使學生對自己組別之外另外2個組有基礎知識。四個學期之課程內容及論文進度如表格1：

表格 1

第一學期	第二學期	第三學期	第四學期
1. 證物處理 2. 鑑識毒物學基礎 3. 進階儀器分析1 (含8小時實驗/週) 4. 論文1	1. 進階儀器分析2 (含8小時實驗/週) 2. 鑑識 DNA 技術 (選修) 3. 進階遺傳學 4. 論文2 5. 統計學	1. 進階刑事技術1 (含12小時實驗/週； 模擬法庭) 2. 進階分子生物學1 (含8小時教授親授實 驗課/週) 3. 論文3	1. 應用於鑑識領域之 分子生物學2 (含8小時教授親授 實驗課/週；模擬 法庭) 2. 槍彈課(選修) 3. 論文4
論文進程:			
找好導師	完成提案(proposal)	完成實驗	撰寫論文、通過口 試、夏季畢業季8月 初前上傳論文

心得

近年來，微量 DNA (trace DNA) 的概念在鑑識科學中變得十分重要，因為即使極少量的 DNA 也能產生遺傳基因型。在犯罪現場勘查過程中，調查人員如今可以從嫌疑人可能觸碰過的區域採集 DNA，並嘗試獲得調查線索。然而，若對微量 DNA 的動態缺乏完整理解，則可能存在某些潛在風險。現有研究已顯示，即使沒有直接接觸，DNA 仍可能透過氣膠或間接轉移累積在物體表面 (Goray & van Oorschot, 2015)。此外，DNA 可在物體上持續存在相當長的一段時間；隨著時間推移，DNA 可能因人員活動而持續累積於相同表面。因此，探索微量 DNA 動態的多個面向具有重要意義。

本研究探討了在人員未接觸情況下，將出自工廠未使用的膠帶置於特定對象 (person of interest, POI) 車輛的駕駛座下方與後車廂七天後，累積的人類 DNA 量。研究參與者及其他乘客被要求不得觸碰膠帶，因此膠帶上 DNA 的沉積途徑僅來自間接轉移，例如空氣中微粒、車內地板或其他物品的接觸。透過實驗，本研究旨在獲取有關背景 DNA 的資訊，包括 DNA 的量、是否能產生具資訊價值的基因型、該基因型的型態（混合類型），以及志願者樣本 (POI) 是否為基因

型的貢獻者（基因型組成）。此外，透過比較不同車輛膠帶樣本的 DNA 基因型結果、駕駛人數及固定乘客狀況，本研究得以更深入理解車輛內微量 DNA 的動態。

我們選擇膠帶作為測試物品，因為膠帶在犯罪現場經常出現，例如用於捆綁或覆蓋把手 (Lisa Mertz, personal communication)。而膠帶的不同表面具有不同特性，也有助於理解材料與尺寸大小如何影響 DNA 的沉積。

STR 基因分型分析

法醫案件工作中，最主要採用的方法是短串聯重複序列 (short tandem repeat, DNA) 基因型分析 (Butler, 2012)。DNA 是由長度為 2–6 個鹼基對的單位所組成，位於基因組的非編碼區域，在不同個體之間具有重複次數上的差異。透過選取多個彼此獨立遺傳的 STR 遺傳標記，並計算各基因型的頻率，此方法可提供高度的鑑別力以進行個體識別。每一個與特定對象 (POI) 的正向比對結果，都可透過隨機匹配機率或透過各種機率基因型軟體計算之似然比 (likelihood ratio, LR)，賦予其統計權重 (Butler, 2015)。

DNA 型別也可透過建立資料庫發揮偵查工具的功能，此類資料庫儲存犯罪者的基因型檔案，並可供比對檢索。最初的美國國家資料庫 CODIS (Combined DNA Index System, National Database)，自 1998 年 10 月起至 2016 年 12 月 31 日，美國聯邦調查局 (FBI) 要求使用 13 個核心 DNA 遺傳標記；自 2017 年 1 月 1 日起，此組核心標記擴增至 20 個 (Coble & Bright, 2019; Federal Bureau of Investigation, 2005)。藉由使用相同 DNA 標記，建立不同層級的資料庫，並將標記座數量由 13 擴展至 20，使得 DNA 基因型能在全球資料庫間進行比對，進而提高資料庫命中率與偵查線索。

多重 DNA 基因分型 (multiplex DNA genotyping) 的實現依賴於以不同螢光標記不同 PCR 引子與毛細管電泳 (capillary electrophoresis, CE) 檢測平台。隨著 DNA 試劑、毛細管電泳儀器及 PCR 擴增化學反應的技術進步，DNA 分型的靈

敏度已經足以檢測肉眼不可見的微量 DNA，例如約 500 pg (Thermo Fisher Scientific, 2019)，這大幅提升了犯罪現場 DNA 來源的識別能力 (Butler, 2012)。上述技術進展說明了即使來自微量 DNA，也能獲得具資訊價值的結果。

鑑識 DNA 案件分析

在犯罪現場發現的生物跡證中的 DNA，對於將特定對象 (POI) 與犯罪現場或受害者連結起來具有重要價值。此外，體液識別（例如血液、精液與唾液）有助於判斷犯罪現場可能發生的活動類型（例如性侵案件），並進一步協助釐清調查方向 (Sijen & Harbison, 2021)。

然而，當處理不可見斑跡或痕跡的 DNA 沉積時，往往缺乏有關 DNA 何時或如何沉積於現場或物品的資訊。在這些情況下，必須考量案情資訊，例如，POI 是否在犯罪發生前就已經接觸過與案件相關的刀具；若答案為是，則 DNA 可能早於犯罪發生時就已沉積。

目前，越來越多研究專注於 DNA-TPPR，即 DNA 的轉移 (Transfer)、持續性 (Persistence)、存在情形 (Prevalence) 與檢出 (Recovery) 特徵，應用於鑑識案件中，以推測可能的解釋或避免偏差 (Butler et al., 2024)。舉例來說，與轉移相關的一個概念是：某人的 DNA 可由一個已殘留其 DNA 的物體，轉移到另一個物體表面，並在該物體上持續存在。

微量 DNA

微量 DNA (trace DNA) 有時又稱為「低模板 (low template)」或「低拷貝數 DNA (low copy number DNA)」，其定義為在分析的任何階段 DNA 量低於最佳閾值，例如：樣本量過低而不適合進行定量，或是在定量後 DNA 濃度低於成功擴增所需的門檻 (van Oorschot et al., 2010)。Gill 重新定義微量 DNA 為：「任何樣本若存在其與犯罪事件本身是否相關的不確定性—亦即 DNA 轉移可能發生於犯罪事件之前無辜轉移 (innocent transfer)，或於犯罪事件之後調查人員介入轉移

(investigator-mediated) (Gill, 2014, p.2)。此一定義亦隱喻著樣本中並無可辨識的體液 (Meakin & Jamieson, 2013)。

微量 DNA 的來源可能是皮膚細胞或唾液；也可能由遊離 DNA (cell-free DNA) 組成。若微量 DNA 是經由「DNA 原始來源」個體的觸碰或其它行為而沉積，則被視為直接或初級 (primary) DNA 轉移；相反地，若 DNA 並非直接來自 DNA 原始來源，則視為間接 DNA 轉移 (Gill, 2014)。微量 DNA 經常呈現複雜性，因為當 DNA 透過手部沉積時，往往同時檢測到外源 DNA，而這種情形則被視為間接 DNA 轉移 (Goray & van Oorschot, 2015)。

手部微量 DNA 的組成一般包括：汗液與皮脂中的遊離 DNA、角質層細胞 (stratum corneum cells)、內源性有核細胞，以及經轉移的外源性有核細胞（例如：他人皮膚細胞，因觸碰其接觸過的物體而轉移）(Burrill et al., 2019)。即使在洗手之後，仍能檢測到 DNA，顯示 DNA 可持續存在於角質層之中，即使角質形成細胞 (keratinocytes) 已完全分化為角質細胞 (corneocytes)，而這些角質細胞被認為已失去細胞核 (Burrill et al., 2021)。

Burrill et al. (2021) 針對角質細胞的 DNA 萃取方法進行優化，透過延長孵育時間 (5 小時) 並減少試劑用量，以更有效回收在角化過程中產生的裸露且片段化的 DNA (Burrill et al., 2021)。

DNA 轉移

DNA 的轉移機制包括直接轉移、間接轉移與氣膠轉移 (Gill, 2014)。直接轉移是指 DNA 的來源與其他人或物品發生直接接觸。間接轉移則是指在 DNA 來源與最終沉積位置之間，至少存在一個中介載體，可以是人或物品 (van Oorschot et al., 2019)。例如：個體 A 與 B 握手後，隨即將 B 的 DNA 轉移到某一物體（如杯子）上。至於氣膠轉移，則是 DNA 透過空氣由來源傳遞到另一處人或物，例如人在說話時可能釋放含有 DNA 的唾液微滴 (Fonneløp et al., 2015)。

這些轉移事件可能重複發生，最終檢測到的 DNA 可能呈現混合型。影響

DNA 轉移量的因素包括：脫落者狀態 (shedder status)、接觸的型態與持續時間、DNA 來源的性質與品質、基質 (substrate)、以及斑跡乾燥程度等。

脫落者狀態 (shedder status)

脫落者狀態 (shedder status) 是指個體將 DNA 釋放至環境中的傾向。由於 DNA 的沉積並不穩定，有些人天生釋放較多 DNA，而有些人則釋放較少。此外，個體在不同時間所脫落的 DNA 量也可能有所變化。因此，脫落者狀態是必須考量的重要因素，因為它會影響 DNA 轉移到物品上的量。

Tan et al. (2019) 進行了一項實驗，要求受試者手持一支無 DNA 的 50 mL 塑膠管 10 秒，並分別重複六次。之後以棉棒對管子進行取樣並進行 STR 分析。根據 STR 基因型圖譜的品質及多次重複實驗中可產生品質好的 STR 基因型圖譜的次數，個體的脫落者狀態通常被歸類為「良好」、「中等」及「差」三種：良好脫落者狀態：在至少 6 次試驗中有 4 次以上產生可報告的 STR 基因型；中等脫落者狀態：雖可產生可報告基因型，但少於 4 次；差的脫落者狀態：6 次試驗中皆無法獲得可報告的基因型。脫落差異可能來自於先天的生物學特徵，例如性別，或是個體的行為。Tan et al. (2019) 也發現男性傾向於沉積比女性更多的 DNA，而日常活動（例如受試者觸碰物品的次數，包括手機）與 DNA 脫落量呈正相關。值得注意的是，慣用手與非慣用手之間並無顯著差異 (Tan et al., 2019)，更精確地說，左右拇指之間也沒有差異 (Petcharoen et al., 2024)。

另外，Tan et al. (2019) 的研究還指出，1% 的樣本中受試者自身的 DNA 並未被檢測到，反而檢出他人的 DNA；研究者將此歸因於周遭同事的 DNA 轉移。

目前似乎尚無標準化方法可用來分類脫落者狀態。Johannessen et al. (2021) 比較了在玻璃片指紋中進行細胞計數的方法與在塑膠管上取樣並進行 DNA 萃取的方法，但未發現細胞數量與 DNA 量之間有良好相關性。Lee et al. (2023) 則使用塑膠管並進行 DNA 萃取，檢視自體等位基因的數量來判定脫落者狀態；在一年後重新測試同一批受試者時，大部分人改變了其脫落者分類 (Lee et al., 2023)。

影響 DNA 轉移之其他因素

主要基質 (primary substrate) 的性質對於決定 DNA 從主要基質轉移到次要基質的量至關重要。當非多孔性 (nonporous) 材料作為濕性生物樣本的主要基質時，平均 DNA 轉移率為：至非多孔性 (nonporous) 材料 52.3%，至多孔性 (porous) 材料 94.7%。然而，當多孔性材料作為濕性生物樣本的主要基質時，不論轉移至多孔性或非多孔性材料，平均轉移率均大幅下降至 1.54% (Goray et al., 2010)。

接觸可分為三種類型：被動接觸 (passive contact)、壓力接觸 (pressure contact) 與摩擦接觸 (friction contact)。三者差異主要在於外力或壓力的施加方式：被動接觸指兩個物體表面自然接觸而不施加外力；壓力接觸則包含壓力，但沒有額外摩擦或滑動；摩擦接觸則是透過摩擦產生的接觸。

在 Goray et al. (2010) 的實驗中，乾燥材料的被動接觸平均 DNA 轉移率約為壓力接觸的一半，且此結果出現在多種基質上，包括塑膠、棉質與羊毛。此外，摩擦接觸則造成 DNA 轉移率顯著提升，約為壓力接觸的 17 倍。整體而言，摩擦顯著增加了 DNA 的轉移量 (Goray et al., 2010)。

至於生物樣本的乾燥程度，濕性樣本的 DNA 轉移率明顯高於乾燥樣本 (Goray et al., 2010)。

DNA 持續性

如上所述，犯罪發生前沉積的 DNA 可能不具證據力。DNA 在物體上能夠被檢測的時間長度稱為 DNA 持續性 (DNA persistence)。例如，Arsenault et al. (2024) 發現，金屬表面的 DNA 持續性更多受到金屬本身性質的影響，而非環境條件。不同類型的金屬對 DNA 的保留能力差異顯著：例如沉積在鉛上的 DNA 可持續檢測達一年，而沉積在銅上的 DNA 最長僅能維持約四小時 (Arsenault et al., 2024)。

至於非金屬表面，DNA 在多孔性與非多孔性基質之間的持續性差異具有統

計學上的顯著性。一般而言，非多孔性表面的 DNA 持續性大於多孔性表面。在 Arsenault et al. (2024) 的研究中，所有受測的非多孔性表面（包括飲料罐、玻璃、層壓板與塑膠袋）皆可檢測到 DNA 持續達一年。

背景 DNA

在人類身體、各種物品或不同環境中，皆有可能檢測到未知（外源）DNA。當這些物品或環境與犯罪事件相關時，若該未知 DNA 是在犯罪發生前即已沉積，則被稱為背景 DNA (background DNA) (Gill et al., 2020)。

背景 DNA 的量受個體、物品與環境的不同暴露情況所影響，許多研究已針對背景 DNA 的存在性 (prevalence) 與持續性 (persistence) 進行探討。理解影響背景 DNA 的因素是必要的，以便將其與主動 DNA 轉移 (active DNA transfer) 加以區分；後者（主動 DNA 轉移）是指在犯罪事件過程中沉積的 DNA (Gill et al., 2020)。

透過建立 DNA-TPPR 的實驗數據，有可能在命題階層 (hierarchy of propositions) 的脈絡下，對 DNA 證據結果提供活動層級的機率評估 (activity-level probability for DNA evidence results) (Cook et al., 1998; Gill et al., 2020)。

室內環境中背景 DNA 的累積

Puliatti et al. (2021) 研究了開放式辦公室中人員在不同人流量與不同空氣流量下，間接轉移的 DNA 量。他們在不同時間範圍（一天、一週、三週與六週）及不同距離（0.5 公尺、1 公尺與 2 公尺）設置塑膠收集板（尺寸：12 公分 × 8 公分）。結果顯示，在 180 個樣本中有 174 個檢測到 DNA。一天內的平均 DNA 量約為 0.1 ng，而在六週後則增加至約 1 ng。即使受試者可以自由在辦公室中移動或不進辦公室，結果仍顯示暴露時間及收集板與受試者的距離顯著影響 DNA 被檢測的機率與累積量。另一個重要因素是脫落者狀態 (shedder status)。研究者將時間與距離資訊輸入模型後，建立了一個可以預測 DNA 檢測機率與沉積量

的模型，該模型能根據 POI 與表面間的距離，以及其在環境中停留的時間進行預測 (Puliatti et al., 2021)。例如，對於單一辦公室人員而言，當距離為 0.5 公尺時，檢測到其 DNA 的機率約為 0.7 (Puliatti et al., 2021)。

另有研究關注於共享辦公室環境中，個人物品（如信用卡與桌面）的背景 DNA，以及外源 DNA 的可能來源 (Onofri et al., 2024)。其中一項研究發現，桌面回收的 DNA 量多於信用卡。然而，即使從信用卡上回收的 DNA 量偏低 (1.56 ng/30 μ L)，仍能辨識出持卡者本人及其他兩位貢獻者（持卡者的同事與丈夫）。除了其中一位持卡者外，所有樣本的主要項貢獻者皆為持卡者本人。有趣的是，75% 的樣本（共 8 份樣本，其中 4 份來自信用卡，4 份來自桌面）含有未知來源的外源 DNA，貢獻者人數介於兩至三人之間，包括持卡者本人 (Onofri et al., 2024)。

戶外背景 DNA

Sorg et al. (2023) 在瑞士伯恩市針對 108 顆石頭表面的人類 DNA 進行了檢測：發現 69% 的石頭表面檢測到 DNA，其 DNA 量中位數為 33 pg，範圍介於 0 ng 至 3.48 ng。僅有少數 (6.5%) 的 STR 基因型符合 CODIS 資料庫登入的標準。大多數樣本 (56.5%) 沒有檢測到等位基因訊號，另有 37.0% 被歸類為「不可解讀」，原因是基因型過於複雜或存在峰高不平衡 (peak height imbalance)，即兩個等位基因間訊號強度不均，可能顯示這些等位基因來自不同貢獻者，表示其為混合型而非真正的雜合子基因型 (heterozygote)。研究者指出，若有參考基因型，即使是這類檔案，仍可透過機率基因分型軟體 (probabilistic genotyping software, PGS) 進行分析，用以排除參考樣本或計算似然比。

研究者同時檢驗了多種變數，發現外部溫度與石頭孔隙度顯著影響 DNA 的產量。光滑表面的石頭比粗糙表面更能保留 DNA，此結果與非多孔性 (nonporous) 材料的趨勢一致，而非多孔性基質也通常能促進更多 DNA 轉移。此外，隨著溫度升高，可回收 DNA 的量則逐漸下降 (Sorg et al., 2023)。

環境 DNA

環境 DNA (environmental DNA, eDNA) 是指生物體釋放到周遭環境中的遺傳物質，包括空氣、水或土壤 (CSIRO, 2023)。雖然 eDNA 可構成背景 DNA 的一部分，但其在鑑識科學中也被研究作為判斷個體是否出現在某環境中的潛在指標。Fantinato et al. (2023) 使用過濾器直接從空氣與灰塵中收集 DNA。研究發現，空氣樣本中有 27.5% 屬於單一來源基因型，而灰塵樣本中則有 91% 為至少含有四位貢獻者的混合樣本。這些結果顯示，空氣與灰塵樣本皆可收集到足以建立可報告 STR 基因型的 DNA。此外，來自空氣的 STR 基因型大多呈現單一來源型態，使得辨識個體更加容易 (Fantinato et al., 2023)。

綜合這些室內與室外空間以及無需直接接觸情境下的 DNA 累積研究，我們的研究假設為：在封閉空間（特別是正常使用中的汽車）中，應能檢測到物體上的間接 DNA 轉移。

方法與材料

志願者活動

每位志願者均收到一份同意書，以及一個裝有實驗物品與操作說明的袋子。袋內包含：兩卷未使用、原廠包裝的膠帶 (Duck Tape, Avon, OH)，分別放置於牛皮紙信封中；兩副手套；以及兩條證物封條，用於在膠帶重新封裝後封口。

志願者被指示戴上手套，取出並拆開膠帶塑膠包裝部分，將其中一卷放置於駕駛座下，另一卷放置於後車廂。兩卷膠帶需在車內放置七天，且不得觸碰。七天後，志願者須戴上手套取回膠帶，將其放回原本的牛皮紙信封，並使用證物封條封口。共有十二位志願者順利完成此過程，交回膠帶樣本，同時提供口腔棉棒作為志願者樣本，並填寫問卷。

膠帶樣本命名

每卷膠帶依據三個區域進行 DNA 採樣：膠帶的內表面 (the inside)、外表面 (the outside)，以及兩側的平面部分 (the flat sides) (見圖1與圖2)。

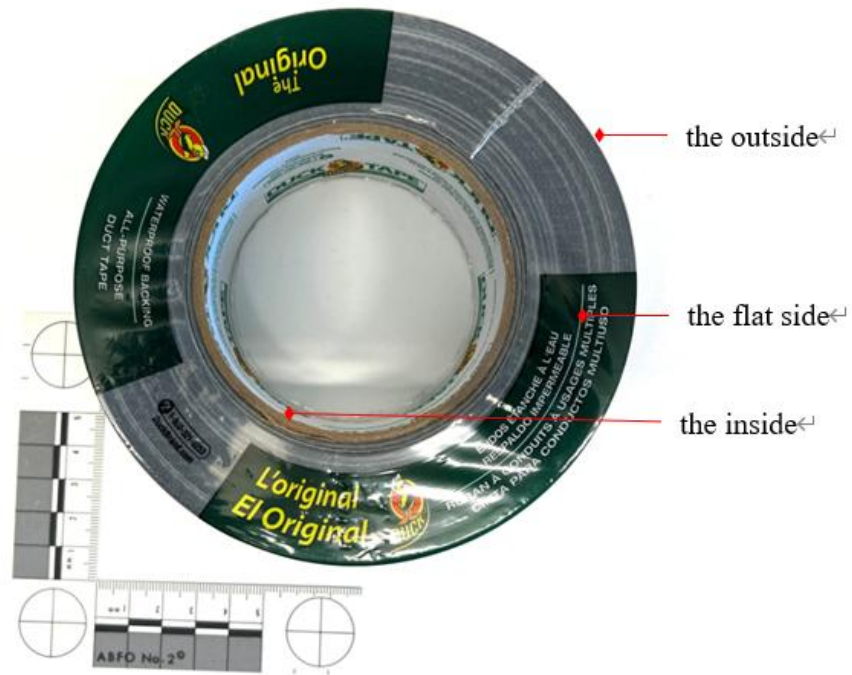


圖 1. 膠帶購自賣方時的原始狀態為：外表面及大部分的側面部分皆由塑膠包裝覆蓋。



圖 2. 膠帶外表面完全包覆於塑膠中

因此，每位志願者的樣本中，從駕駛座下的膠帶收集三個 DNA 樣本，從後車廂的膠帶亦收集三個 DNA 樣本。膠帶樣本的命名方式包含志願者編號、三個膠帶區域以及放置位置，如表1所示。直接取自工廠、未使用的膠帶則作為陰性對照。

表 1. DNA 樣本命名方式

區域位置	駕駛座下	後車廂	陰性對照
內表面	#DSI	#DTI	#DNI
外表面	#DSO	#DTO	#DNO
側面	#DSS	#DTS	#DNS

膠帶樣本採集

膠帶在送回實驗室後四日內完成 DNA 採集，以避免因存放時間過長造成 DNA 降解等效應。

每卷膠帶先以最小接觸方式持握並標記，每卷均使用十支聚酯棉棒 (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA)、三支標記之 2 mL Eppendorf tubes 管 (Eppendorf, Hamburg, Germany)，以及 0.1 % Triton X – 100 (Sigma Aldrich, St Louis, MO)。使用微量移液器將 100 μ L of 0.1 % Triton X–100 加至棉棒以製備濕拭子。各區域拭子的數量與轉移方式如表 2 所示。

表 2. 一卷膠帶各部分所使用的拭子數

區域位置	濕拭子	乾拭子	備註
1 內表面	2	0	每半側使用 1 支濕拭子
2 外表面	2	2	每半側使用 1 支濕拭子後、再使用 1 支乾拭子
3 側面	4	0	每側使用 2 支濕拭子

拭取順序依序為內表面、外表面、側面。在內表面，自起始點開始，使用拭子由一側輕輕拭至另一側，再向下移動少許，之後再由一側拭至另一側，如此往返操作，不留空隙。膠帶內表面區均分 2 部分，各使用一支濕拭子，兩支拭

子合併為一份樣本，命名為 #DSI 或 #DTI。

在外表面，沿膠帶表面已標記的區域來回拭取，先使用濕拭子，再以乾拭子覆蓋濕拭子拭過的位置。每半卷膠帶使用一支濕拭子與一支乾拭子，四支拭子合併為一份樣本，命名為 #DSO 或 #DTO。

在側面，沿紋理方向輕柔拭取，每半側使用一支濕拭子，另一側亦同，總計四支濕拭子合併為一份樣本，命名為 #DSS 或 #DTS。

完成 DNA 採集後，使用滅菌剪刀剪去拭子外層，並依表 2 所示將剪下物合併於 2 mL Eppendorf 管中。於不同表面之間，剪刀依序以 15% 次氯酸鈉溶液、純水與 70% 酒精清潔。所有樣本若未立即進行萃取，則保存於冷凍庫中。

DNA 裂解與萃取

DNA 萃取使用 Qiagen DNA Investigator 試劑盒與 QIAcube Connect 自動化儀器 (Qiagen, Germantown, MD)。每次操作均建立批次紀錄表，並加入一份萃取陰性對照，與同批樣本相同方式處理。

在合併的拭子剪切物中，加入 600 μ L Buffer ATL、20 μ L Proteinase K 以及 12 μ L 1M DTT (Promega, Madison, WI)。試管經 10 秒渦旋振盪充分混合後，置於 Eppendorf Thermomixer[®] C (Eppendorf, Hamburg, Germany)，於 56 °C、900 rpm 下振盪孵育 2 小時。孵育結束後，短暫離心使溶液沉降。

為回收濕拭子中的液體，將拭子剪切物轉移至經 UV 照射處理的 Dolphin 管 (Midwest Scientific, Fenton, MO) 內的濾籃，並以 1500 rcf 離心 5 分鐘，使液體流經濾籃至 Dolphin 管底部。隨後將液體移回原始 2 mL Eppendorf 管。

在萃取步驟中，每份樣本均加入 1 μ L 載體 RNA (Qiagen, Germantown, MD)。QIAcube Connect 的程式設定為：DNA → QIAamp DNA Investigator → surface and buccal swab → swab custom purification。

設定兩次洗脫，每次 20 μ L，總洗脫體積為 40 μ L。依照操作介面指示，添加所需試劑，包括 AL 緩衝液、分子生物學級 EtOH、AW1、AW2 以及 ATE 緩

衝液。並依規定位置放置試劑瓶架、1000 μL 灰色微量吸管尖與裝有樣本的 2 mL Eppendorf 管。另將旋轉適配器（承載矽膜離心柱，用於 DNA 清洗與純化）及標記之 1.5 mL 微量離心管 (Eppendorf, Hamburg, Germany) 置入儀器離心槽中。

志願者樣本（口腔拭子）則使用 QIAcube Connect buccal swab protocol 萃取，洗脫體積為 100 μL 。

DNA 定量

DNA 定量使用 Quantifiler™ Trio DNA Quantification Kit、QuantStudio 5 即時定量 PCR 儀，以及 HID Real-Time PCR Analysis Software v1.3 (Applied Biosystems, Waltham, MA)。每批配置 (batch plate map) 包括樣本、萃取陰性對照樣本，以及兩個無模板對照 (NTC) 樣本，作為 DNA 定量過程中的陰性對照。

Quantifiler™ Trio DNA Quantification Kit 組成包括：Quantifiler THP PCR 反應混合液、Quantifiler Trio 引子混合液、Quantifiler THP DNA 稀釋緩衝液，以及 Quantifiler THP DNA 標準品。標準曲線由五種濃度的 Quantifiler™ THP DNA 標準品（以 Quantifiler THP DNA 稀釋緩衝液稀釋）建立，濃度分別為：50.000 ng/ μL 、5.000 ng/ μL 、0.500 ng/ μL 、0.050 ng/ μL 與 0.005 ng/ μL 。DNA 標準品以同一濃度二個樣本 (duplicate) 方式進行。當標準曲線參數通過驗證後，可作為同一批次 Quantifiler™ Trio DNA Quantification Kit 的虛擬標準曲線使用。

於每一個標記的 96 孔反應板 (Applied Biosystems, Waltham, MA) 孔位中，加入 5 μL 反應混合液、4 μL 引子混合液，以及 2 μL 不同樣本。反應混合液與引子混合液須先合併為 master mix，並於樣本之前分配至孔位。兩個標記為 NTC 的孔位僅含 master mix。完成後，96 孔反應板以膠膜密封，並透過輕彈或離心去除氣泡。

在 HID Real-Time PCR Analysis Software v1.3 (Applied Biosystems) 中選擇 QuantTrio 程式，將反應板置入儀器後開始運行。

DNA 擴增

若 DNA 樣本量大於 30 pg/15 μ L (0.002 ng/ μ L)，則進行 PCR STR 擴增。此閾值依據 GlobalFiler™ 驗證數據 (Ludeman et al., 2018)。DNA 擴增使用 GlobalFiler™ PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, Waltham, MA)。擴增之 DNA 量為 500 pg 或在 15 μ L 體積內的最大量。

每份反應液 (the reaction) 組成為：7.5 μ L Master Mix 與 2.5 μ L Primer Set。於每批樣本中，包含一份陽性對照（已知 DNA 樣本 500 pg）及一份陰性對照樣本。PCR 反應於 Veriti 96-Well Fast Thermal Cycler (Applied Biosystems, Waltham, MA) 進行，共 29 個循環。GlobalFiler™ 套組循環參數如下：95 $^{\circ}$ C，1 分鐘；94 $^{\circ}$ C，10 秒後接著 59 $^{\circ}$ C，90 秒（這二步一循環，共循環 29 次）；60 $^{\circ}$ C，10 分鐘；最後於 4 $^{\circ}$ C 保持，直至取出樣本。

志願者樣本於相同條件下進行擴增，DNA 投入量為 500 pg，循環次數為 28 次。

毛細管電泳分析 (Capillary Electrophoresis, CE)

為檢測 STR 基因分型結果，每份樣本的 master mix 由 0.5 μ L LIZ 內標準品與 11 μ L Hi-Di Formamide (Applied Biosystems, Waltham, MA) 組成。此外，在 96 孔反應板中，每兩列孔位即加入一個 GlobalFiler™ allelic ladder。

完成板圖配置後，每孔加入 11 μ L 主混合液，再加入 1.2 μ L PCR 產物，包括陽性對照、陰性對照及 allelic ladder。由於 SeqStudio™ 儀器 (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA) 僅具四條毛細管，表示同一列中的四個孔位會同時注入毛細管。若一系列樣本少於四的倍數，則額外補加 11 μ L Hi-Di Formamide 至該四樣本組。

所有樣本皆使用 SeqStudio™ Septa (Applied Biosystems, Waltham, MA) 封裝後，反應板經離心，使液體下沉，並於 GeneAmp PCR System 9700 (Applied Biosystems, Waltham, MA) 進行變性處理。所用程式為 denat/chill protocol：95 $^{\circ}$ C

5 分鐘，隨後 4 °C 5–6 分鐘。變性完成後，再次離心，隨後將反應板置入 SeqStudio™ 儀器。

SeqStudio™ 儀器設定於 SeqStudio™ Plate Manager v1.2.0 中完成，設定流程如下：Application：選擇 HID、Analysis setting：選擇 HID_GlobalFiler™、Sample name：依照反應板配置輸入樣本名稱、Size standard：GS600_LIZ_(60–460)、Kit：GlobalFiler™、Dye set：J6 (DS-36)、Run module：HID Analysis。

STR 資料分析

SeqStudio 儀器 (Thermo Fisher Scientific., Waltham, MA) 所產生的資料使用 GeneMarker 軟體 (Softgenetics, State College, PA) 進行分析。閾值設定如下：峰值檢測閾值為 50 RFU，最小異型合子不平衡為 10%；其他設定則依預設值進行。STR 分型結果依據品質（表3）及混合狀態（表4）進行評估，並與志願者樣本進行比對（表5）。

分型品質 (Profile quality)

分型品質依據常染色體 STR 標記中可判讀等位基因數進行分類：完整分型 (Full, F)：所有常染色體 STR 標記皆有等位基因判讀。高度部分分型 (High Partial, HP)：≥13 個常染色體 STR 標記有等位基因判讀。低度部分分型 (Low Partial, LP)：≥5 且 <13 個常染色體 STR 標記有等位基因判讀。不適用比對分型 (Not suitable for comparison, NS)：<5 個常染色體 STR 標記有等位基因判讀。陰性分型 (Negative, NEG)：無等位基因判讀。五種類型的分型品質判定標準列於表3。

表 3. 分型品質判定標準

Profile Quality	Criteria
F (Full Profile)	Alleles called at all autosomal STR Loci
HP (High Partial)	Alleles called at ≥ 13 autosomal STR Loci
LP (Low Partial)	Alleles called at < 13 and ≥ 5 autosomal STR Loci
NS (Not suitable for comparison)	Alleles called at < 5 autosomal STR Loci
NEG (Negative)	No alleles called

混合狀態 (Mixture status)

對於完整與部分 (full and partial profiles) STR 分型，進一步區分為單一來源 (single-source) 或混合樣本 (mixture)。若為混合樣本，則再細分為三種類型：可推導混合 (Deducible Mixture)、不可推導混合 (Non-Deducible Mixture)、以及複雜混合 (Complex Mixture)。可推導混合 (Deducible Mixture)：其中一位貢獻者的 DNA 含量較高，且其完整基因型可被推導。不可推導混合 (Non-Deducible Mixture)：等位峰高度相近，或在各 STR 基因位出現多個不同高度的峰值，無法將任意兩個等位基因明確組成異型合子基因型，且在任一 STR 基因座的等位基因總數不超過 8 (推定最多四位貢獻者)。複雜混合 (Complex Mixture)：在至少一個 STR 基因位中出現超過 8 個等位基因 (表示至少五位貢獻者)。

三種類型的混合狀態判定標準列於表4。

表 4. 混合狀態判定標準

混合類型	混合特徵	判定標準
可推導混合 (Deducible Mixture)	混合樣本具有主要成分	1. 其中一位貢獻者的 DNA 含量較高，且其完整基因型可被推導。常見於二人混合樣本。 2. 有時可出現在多貢獻者混合，但僅限所有次要峰值均非常低的情況。
不可推導混合 (Non-deducible Mixture)	混合樣本不具有主要成分	1. 峰值高度相近，或於每個基位出現多個不同高度的峰值，且無法將任意兩個等位基因明確組成異型合子基因型。 2. 在任一 STR 基因座的等位基因總數不超過 8 (最多推定四位貢獻者)。
複雜混合 (Complex Mixture)	混合樣本貢獻者過多，不適用比對	至少一個 STR 基因座出現超過 8 個等位基因 (代表至少五位貢獻者)。

志願者分型與可比對樣本之比較

完整分型 (full) 與部分分型 (partial profiles) 中符合比對條件者，均與志願者

樣本之 STR 分型進行比較。結果可能為以下幾種類型：膠帶樣本為單一來源分型且與志願者樣本的比對一致 (Match to single-source profiles)、膠帶樣本為可推導混合樣本，且志願者樣本與膠帶樣本中的主要或次要成分相符 (Major or minor component for deducible mixtures)、膠帶樣本為不可推導混合樣本，且志願者樣本為「可能貢獻者」(Could be a contributor for non-deducible mixtures)、排除 (Exclusion)。

相關判定準則列於表5。

表 5. 與志願者樣本比對後的可能結果

分型品質 (Profile Quality)	混合狀態 (Mixture Status)	參考比對結果 (Comparison to Reference)
F (Full Profile)	S (單一來源, Single Source)	RM (Reference Match, 與志願者樣本一致)
		Excluded (排除)
HP (High Partial)	DM (可推導混合, Deducible Mixture)	ReMajor (Reference Major, 志願者樣本為主要成分)
		ReMinor (Reference Minor, 志願者樣本為次要成分)
Excluded (排除)		
LP (Low Partial)	NDM (不可推導混合, Non-Deducible Mixture)	Rcontrib (Reference Contributor, 志願者樣本可能為貢獻者)
		Excluded (排除)

統計分析 (Statistical analysis)

針對 DNA 定量結果，進行單因子變異數分析 (one-way ANOVA)、T 檢定 (T-test) 與 Mann-Whitney U 檢定。針對 DNA 分型品質、混合狀態以及與志願者樣本比對的結果，則使用費雪正確機率檢定 (Fisher's exact test)。

實驗結果

未使用之對照膠帶 (Unused control tape rolls)

在實驗開始前，三卷未使用的膠帶被採集作為陰性對照，以評估未使用膠帶上是否存在 DNA 及檢視其含量。膠帶的原始塑膠包裝僅部分覆蓋（見方法與材料中圖 1 與圖 2）。塑膠包裝覆蓋了外表面，但未完全覆蓋膠帶側面；膠帶內側則未被覆蓋。

如表 6 所示，三卷未使用膠帶（陰性對照）的 DNA 濃度與 STR 分型結果顯示如下：每卷膠帶依區域分為內表面、外表面與側面，並分別拭取進行 DNA 檢測。經定量後，所有陰性對照拭子皆檢測到高於零的人類 DNA 含量。其中 9 個樣本中有 6 個 DNA 含量足以進行 PCR 擴增 ($\geq 0.002 \text{ ng}/\mu\text{L}$ ，或 PCR 投入量 30 pg)。具體而言，內表面有兩個樣本達到閾值，外表面的樣本全部達到閾值；而在側面的兩個樣本未達到閾值，但其中一個達標樣本 DNA 含量相對較高 ($0.307 \text{ ng}/\mu\text{L}$)。該高濃度樣本產生了低度部分分型 (Low Partial, LP) (判定標準為常染色體 STR 基因位中 ≥ 5 且 < 13 處有等位基因可判讀)。然而，其餘的分型結果皆屬於不適用比對 (Not suitable for comparison, NS) (判定標準為常染色體 STR 基因位 < 5 處有等位基因可判讀)。

總體而言，工廠出廠膠帶的背景 DNA 水平普遍偏低，不會對本實驗造成干擾。

表 6. 未使用膠帶卷的 DNA 濃度與分型品質

樣本名稱	DNA 濃度 ($\text{ng}/\mu\text{L}$)					
	內表面 DNA 濃度 ($\text{ng}/\mu\text{L}$)	分型 品質	外表面 DNA 濃度 ($\text{ng}/\mu\text{L}$)	分型 品質	側面 DNA 濃度 ($\text{ng}/\mu\text{L}$)	分型 品質
陰性對照1	0.0080	NS	0.0022	NS	0.0012	N/A
陰性對照2	0.0031	NS	0.0023	NS	0.0015	N/A
陰性對照3	0.0008	N/A	0.0091	NS	0.0307	LP
平均值	0.0040		0.0045		0.0111	
標準差	0.0037		0.0040		0.0169	

* 粗體數值表示超過 PCR 閾值

駕駛座下膠帶的 DNA 濃度結果

圖 3 顯示了自駕駛座下膠帶所收集 DNA 的濃度分布。共 12 卷膠帶被放置於汽車駕駛座下環境 7 天，且無直接人體接觸。

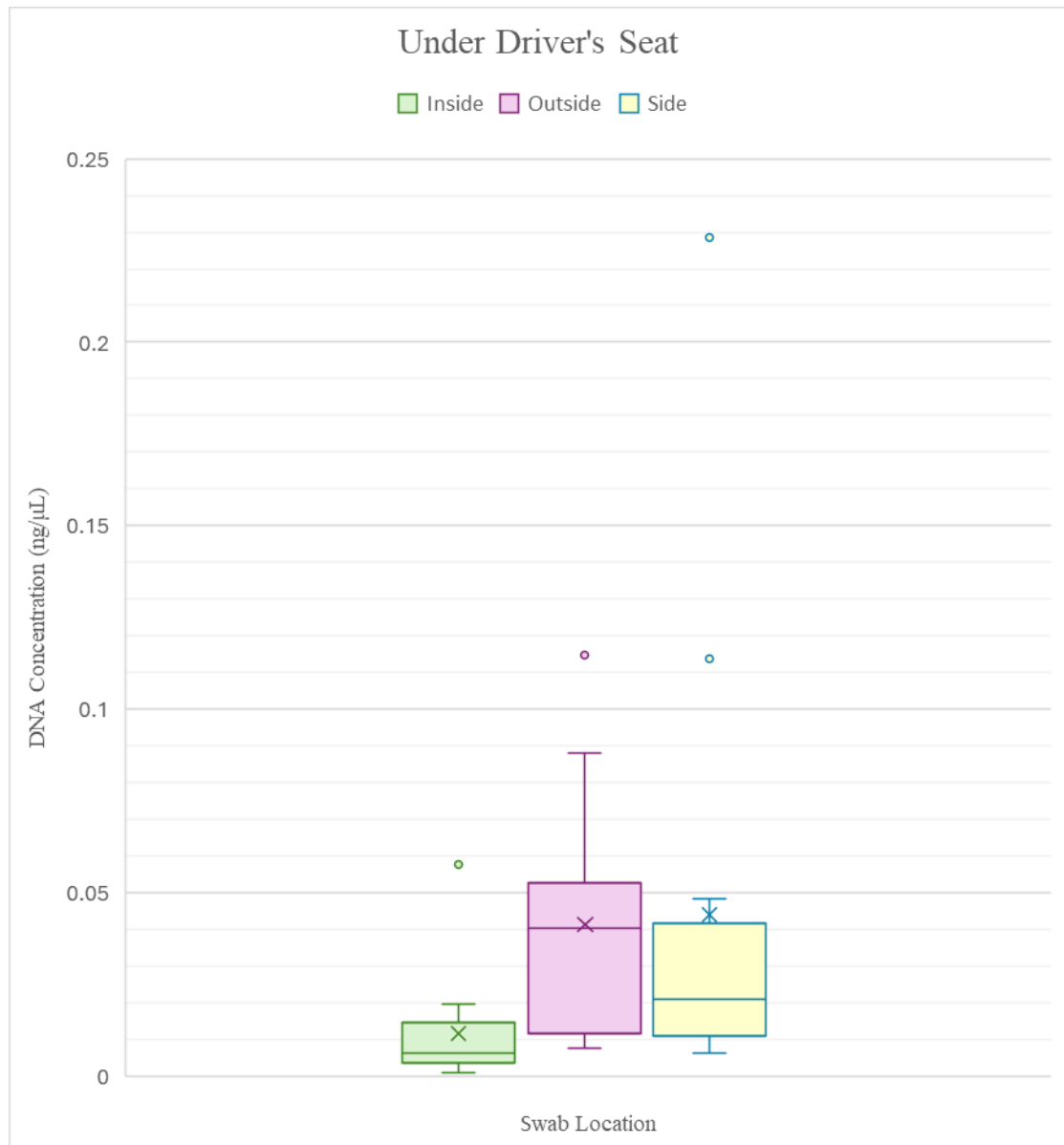


圖 3. 駕駛座下膠帶的 DNA 濃度 (每個拭取區域均有 12 個樣本, N=12)。方框表示四分位數範圍 (IQR)，觸鬚表示最小值與最大值 (不含離群值)。水平線表示中位數，「X」表示平均值。

內表面 (the inside)：其中 10 卷 (83%) 的 DNA 濃度超過 STR-PCR 擴增閾值 0.002 ng/μL，平均值為 0.0116 ± 0.0155 ng/μL。三個區域中，內表面的四分位距 (IQR) 最小。外表面 (the outside)：所有膠帶 (100%) 的 DNA 濃度均超過擴

增閾值，平均值為 $0.0413 \pm 0.0333 \text{ ng}/\mu\text{L}$ ，其四分位距 (IQR) 為三個區域中最大。側面 (the flat sides)：同樣所有膠帶 (100%) 的 DNA 濃度均超過擴增閾值，平均值為 $0.0439 \pm 0.0652 \text{ ng}/\mu\text{L}$ 。雖然其分布範圍比外表面更窄，但兩個離群值明顯高於四分位距。

使用單因子變異數分析 (one-way ANOVA) 比較三個區域的平均值，所得 p 值為 0.14。進一步以 Mann-Whitney U 檢定進行三組成對比較：內表面與外表面之比較 $p = 0.005$ ，內表面與側面之比較 $p = 0.007$ ，外表面與側面之比較 $p = 0.62$ 。因此，在駕駛座下膠帶的 DNA 含量中，內表面與外表面，以及內表面與側面之間存在顯著差異。

後車廂膠帶的 DNA 濃度結果

圖 4 顯示了自後車廂膠帶所收集 DNA 的濃度分布。共有 12 卷膠帶放置於後車廂環境中 7 天，且未有直接人體接觸。

內表面 (the inside)：9 卷 (75%) DNA 濃度超過 STR 擴增閾值 $0.002 \text{ ng}/\mu\text{L}$ ，平均值為 $0.0072 \pm 0.0076 \text{ ng}/\mu\text{L}$ ；其四分位距 (IQR) 為三區域中最小。外表面 (the outside)：11 卷 (92%) DNA 濃度超過閾值，平均值為 $0.0699 \pm 0.1143 \text{ ng}/\mu\text{L}$ ；其四分位距 (IQR) 為三區域中最大。側面 (the flat sides)：10 卷 (83%) DNA 濃度超過閾值，平均值為 $0.0196 \pm 0.0336 \text{ ng}/\mu\text{L}$ 。

與駕駛座下膠帶相比，後車廂膠帶在三個區域的通過閾值樣本數均有所下降，但兩種環境下各區域四分位距 (IQR) 的相對大小趨勢一致。

在單因子變異數分析 (one-way ANOVA) 下，所得 p 值為 0.076。此外，進一步以 Mann-Whitney U 檢定進行三組成對比較：內表面與外表面之比較 $p = 0.002$ ；內表面與側面之比較 $p = 0.27$ ；外表面與側面之比較 $p = 0.14$ 。因此，後車廂膠帶的 DNA 含量中，僅在內表面與外表面之間檢測到顯著差異。

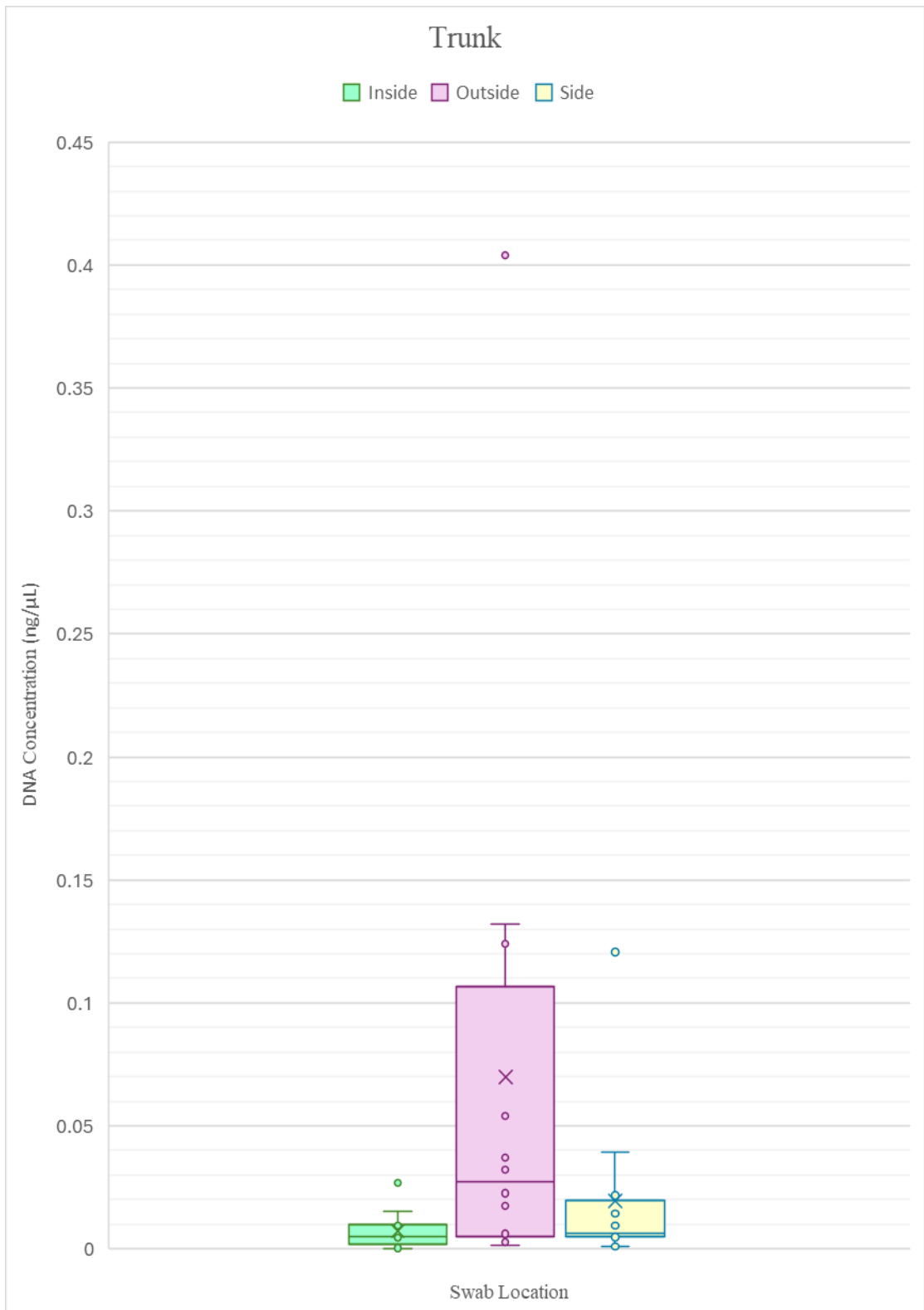


圖 4. 後車廂膠帶的 DNA 濃度結果 (每個拭取區域均有12個樣本, N=12)。方框表示四分位數範圍 (IQR)，觸鬚表示最小值與最大值 (不含離群值)。水平線表示中位數，「X」表示平均值。

不同車輛的 DNA 濃度 (DNA concentrations for different cars)

不同志願者及其車輛之間的 DNA 濃度存在差異。對於放置於駕駛座下的膠帶，其外表面與側面的 DNA 濃度通常最高（見圖 5 與圖 6）。

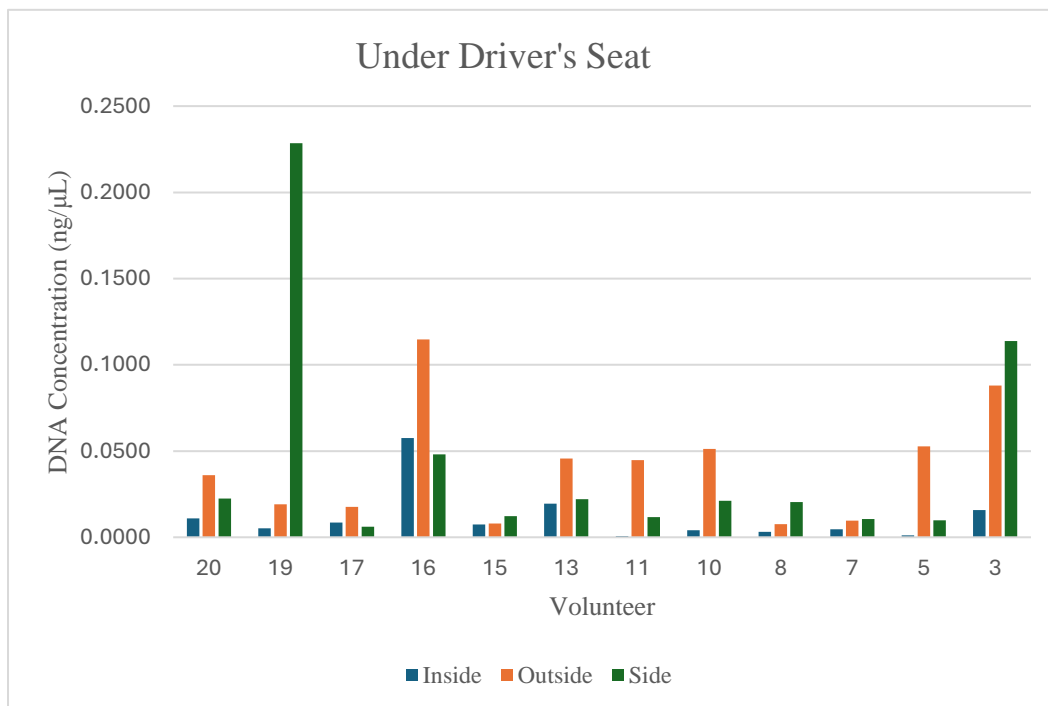


圖 5. 長條圖顯示 12 位志願者放置於駕駛座下的膠帶，在三個拭取區域的 DNA 濃度分布。

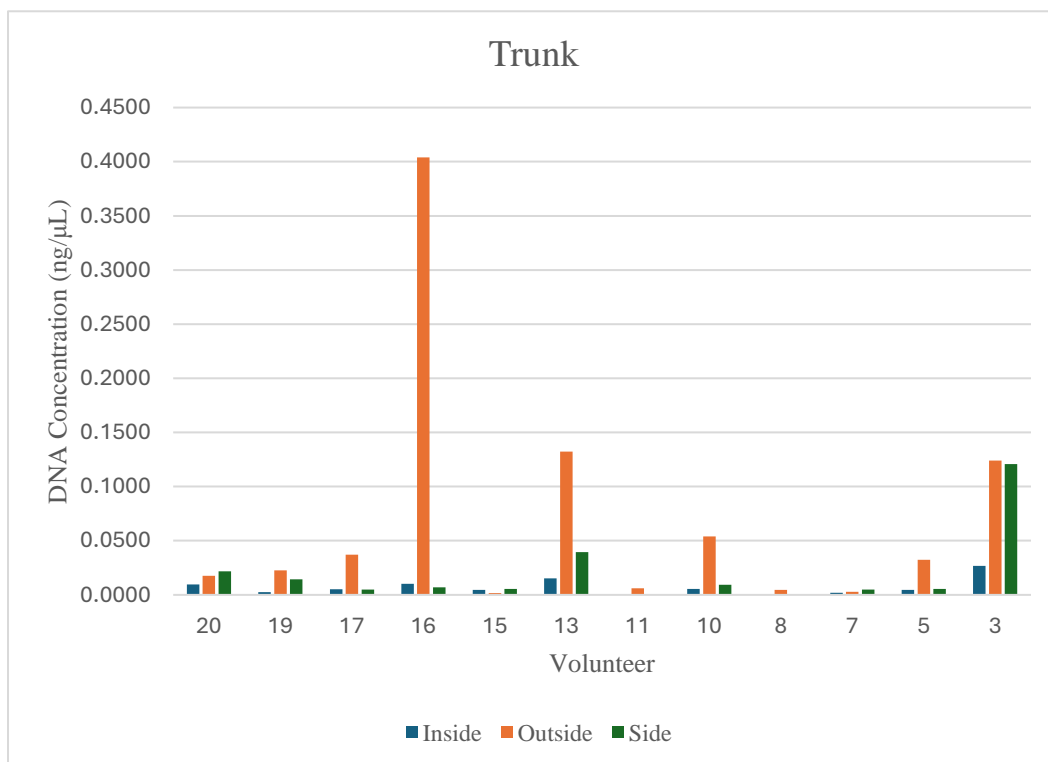


圖 6. 長條圖顯示 12 位志願者放置於後車廂的膠帶，在三個拭取區域的 DNA 濃度分布。

在後車廂膠帶中，外表面 (the outside) 的 DNA 濃度通常最高。值得注意的是，在駕駛座樣本中，Donor 19 的側面 (the flat sides) DNA 濃度最高，為 0.2285 ng/ μ L；而在後車廂樣本中，Donor 16 的外表面 DNA 濃度最高，為 0.4040 ng/ μ L。

依據問卷結果，Donor 19 與 Donor 16 的車輛皆有他人駕駛情形，且兩人車內均有固定乘客。Donor 13 的車輛同樣有他人駕駛情形，且有 5 名固定乘客，然而其 DNA 濃度並未相對增加。Donor 11 的車輛則有 3 人駕駛與 4 名固定乘客，DNA 含量與 Donor 13 相近。

另一方面，Donor 7 與 Donor 8 的 DNA 濃度相對較低。問卷顯示：Donor 7 的車齡超過 5 年，僅由其本人使用；Donor 8 的車齡不足 1 年，另有他人駕駛情形並有 1 名固定乘客。Donor 3 則僅有其本人駕駛，並有 1 名固定乘客，但其 DNA 含量相對偏高。

因此，車內乘客數量與 DNA 濃度並未呈現明顯相關性（見圖 5 與圖 6）。

「駕駛座下」與「後車廂」膠帶 DNA 濃度比較

為比較駕駛座下與後車廂兩種環境所收集膠帶之 DNA 濃度，進行了多項成對比較檢定，包括 T 檢定 (T-test)、排除離群值後之 T 檢定 (T-test without outliers) 以及 Mann-Whitney U 檢定。結果顯示：外表面 (the outside)：兩種環境下 DNA 濃度無顯著差異（表 7）。內表面 (the inside)：在排除離群值後進行 T 檢定，所得 p 值 = 0.04。側面 (the flat sides)：於 Mann-Whitney U 檢定下，所得 p 值 = 0.03。因此，環境條件可能對膠帶的內表面與平面側面 DNA 濃度產生影響（表 7）。

DNA 分型品質 (DNA profile quality)

表 8 顯示了膠帶各區域（內表面、外表面與側面）及各放置位置（駕駛座下與後車廂）的 DNA 分型結果。

表 7. 駕駛座下與後車廂膠帶的 DNA 濃度比較 (單位：ng/μL)

區域	DNA 濃度(單位：ng/μL)		T 檢定 p 值	排除離群值後 T 檢定 p 值	Mann-Whitney U 檢定 p 值
	平均值 ± 標準差				
	駕駛座下	後車廂			
內表面 (the inside)	0.0116±0.016	0.0072±0.0076	0.39	0.04	0.51
外表 (the outside)	0.0413±0.033	0.0699±0.11	0.41	0.76	0.73
側面 (the flat sides)	0.0439±0.065	0.0196±0.034	0.26	0.13	0.03

表 8. 全部樣本的 DNA 分型結果品質

志願者	DNA 分型品質 (Profile Quality)					
	駕駛座下			後車廂		
	內表面	外表面	側面	內表面	外表面	側面
20	NS	HP	LP	NS	LP	LP
19	NS	HP	F	NS	LP	F
17	HP	F	HP	NS	HP	NS
16	F	F	HP	HP	HP	LP
15	NS	LP	LP	NS	N/A	LP
13	HP	HP	LP	HP	HP	HP
11	N/A	HP	LP	N/A	HP	N/A
10	NS	HP	HP	LP	HP	LP
8	NS	LP	LP	N/A	LP	N/A
7	NS	LP	LP	N/A	NS	LP
5	N/A	HP	LP	NS	LP	LP
3	HP	F	F	F	F	F

註解 (Key)：

- F (完整分型)：所有常染色體 STR 基因位皆有等位基因判讀
- HP (高度部分分型)：可判讀等位基因數 ≥13 個 STR 基因位
- LP (低度部分分型)：可判讀等位基因數 ≥5 且 <13 個 STR 基因位
- N/A：DNA 濃度未達 STR-PCR 擴增閾值 (0.002 ng/μL)
- NS (不適用比對)：可判讀等位基因數 <5 個 STR 基因位

DNA 分型品質結果

統計 DNA 分型品質結果，表 9 顯示了兩種位置（駕駛座下與後車廂）中，各膠帶區域所觀察到的 DNA 分型類型。

表 9. 不同放置位置（駕駛座下與後車廂）樣本的 DNA 分型品質

DNA STR 分型品質	駕駛座下各區域 STR 分型數量 (n=36)			後車廂各區域 STR 分型數量 (n=36)			總數 (%)
	內表面	外表面	側面	內表面	外表面	側面	
Full Profile (F)	1	3	2	1	1	2	10 (14%)
High Partial (HP)	3	6	3	2	5	1	20 (28%)
Low Partial (LP)	0	3	7	1	4	6	21 (29%)
Not suitable for comparison (NS)	6	0	0	5	1	1	13 (18%)
Insufficient DNA	2	0	0	3	1	2	8 (11%)
Total number	12	12	12	12	12	12	72 (100%)

註解 (Key) :

- F (完整分型) : 所有常染色體 STR 基因位皆有等位基因判讀
- HP (高度部分分型) : 可判讀等位基因數 ≥ 13 個 STR 基因位
- LP (低度部分分型) : 可判讀等位基因數 ≥ 5 且 < 13 個 STR 基因位
- N/A : DNA 濃度未達 STR-PCR 擴增閾值 (0.002 ng/ μ L)
- NS (不適用比對) : 可判讀等位基因數 < 5 個 STR 基因位

自駕駛座下共產生 34 個 DNA 分型，而自後車廂 共產生 30 個 DNA 分型。整體而言，駕駛座下樣本的 DNA 分型品質普遍優於後車廂樣本。此外，分型品質亦與 DNA 濃度相對應（見圖 7）。

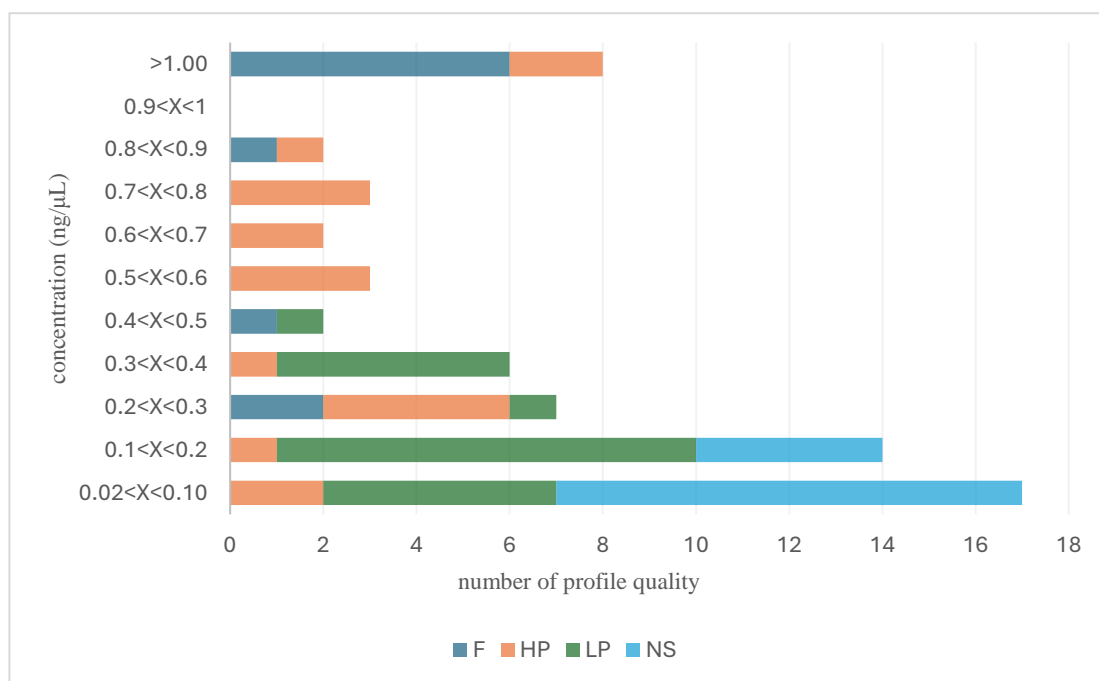


圖 7. DNA 濃度與分型品質的關係。濃度較高的樣本產生較多 HP 與 F 分型

關於膠帶卷的三個部位，內側產生了最多「不適用比對」(NS)的 DNA 型譜；在駕駛座下方與後車廂的樣本中，NS 型譜分別佔 60% 與 56% (見圖 8 與圖 9)。

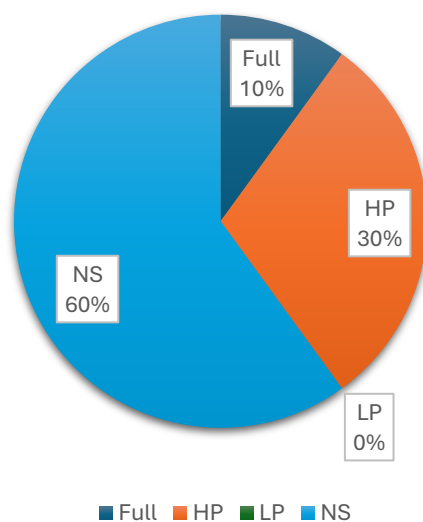


圖 8. 駕駛座下膠帶內表面的 DNA 分型品質分布(成功擴增樣本數：n=10)

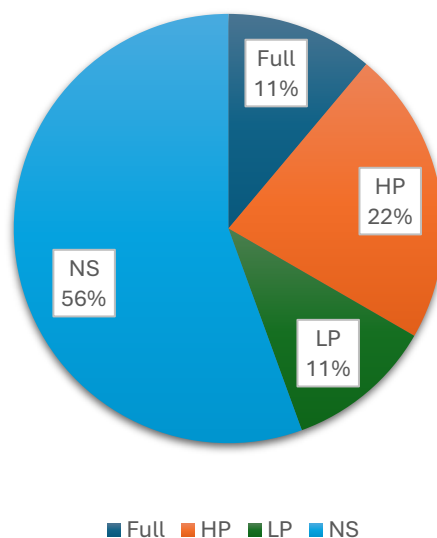


圖 9. 後車廂膠帶內表面的 DNA 分型品質分布(成功擴增樣本數：n=9)

對於外表面 (the outside)，NS 分型在駕駛座下樣本佔 0%，在後車廂樣本則佔 9% (見圖 10 與圖 11)。相對地，外表面樣本以高度部分分型 (HP) 與完整分

型 (F) 為主，其中駕駛座下樣本比例為 75%，後車廂樣本比例為 55%。

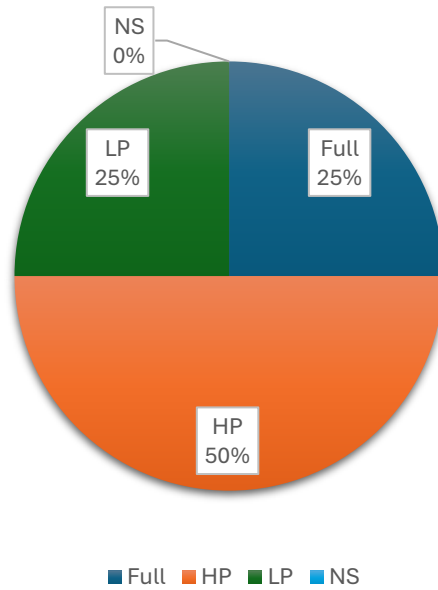


圖 10. 駕駛座下膠帶外表面的 DNA 分型品質分布(成功擴增樣本數：n=12)

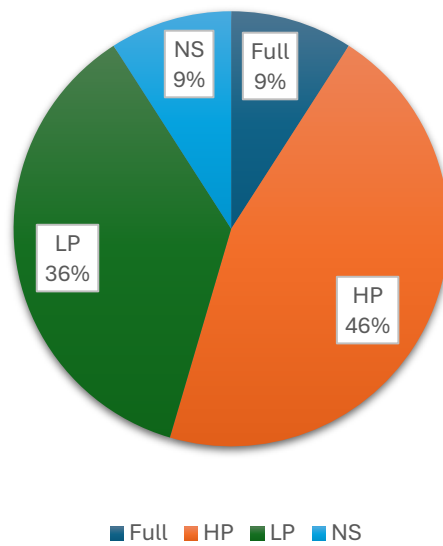


圖 11. 後車廂膠帶外表面的 DNA 分型品質分布(成功擴增樣本數：n=11)

對於側面 (the flat sides)，低度部分分型 (LP) 佔主要比例，分別為駕駛座下樣本 58%、後車廂樣本 60% (見圖 12 與圖 13)。

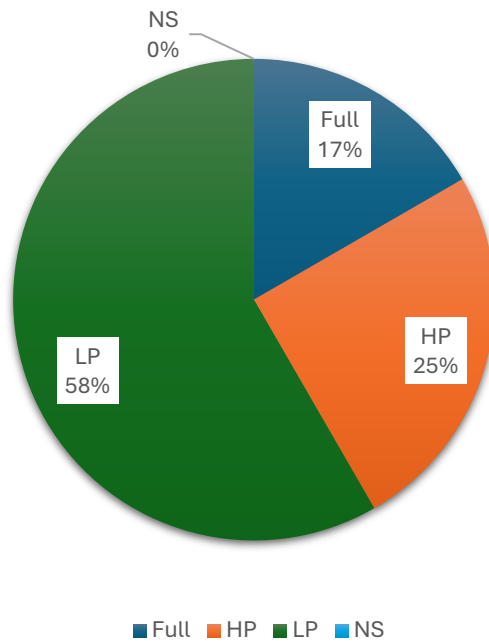


圖 12. 駕駛座下膠帶平面側面的 DNA 分型品質分布(成功擴增樣本數：n=12)

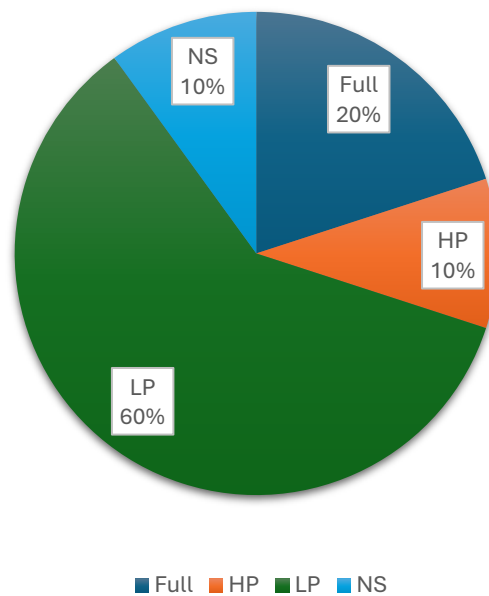


圖 13. 後車廂膠帶平面側面的 DNA 分型品質分布(成功擴增樣本數：n=10)

分型品質比較

DNA 分型品質進行分類後，不同區域（內表面、外表面與側面）在各分類

中的數量分布有所差異。費雪正確機率檢定 (Fisher's exact test) 顯示，駕駛座下與後車廂兩種放置位置間的分型品質分布差異並不顯著。

然而，在駕駛座下方此環境樣本中，內表面與外表面以及內表面與側面的分型品質差異均達統計顯著 ($p = 0.006$ 與 $p = 0.001$)。相反地，在後車廂樣本中，各區域之間並無顯著差異 ($p = 0.08$)。

整體而言，這些結果與 DNA 濃度數據所觀察到的趨勢一致。

混合狀態與志願者樣本比對結果：駕駛座下位置

完整分型 (F)、高度部分分型 (HP) 與低度部分分型 (LP) 的 DNA 分型結果，可依 STR 結果分類為單一來源 (S)、可推導混合 (DM) 或不可推導混合 (NDM)。若為不適用比對 (NS) 的分型 (常染色體 STR 基因位僅有 ≤ 5 處檢出等位基因)，則混合狀態為 NS，且「與志願者樣本比對」結果同樣標示為 NS。在確定混合狀態後：單一來源 (S)：比對志願者樣本的結果可能為一致 (RM) 或排除 (Excluded)。可推導混合 (DM)：志願者樣本可能為主要成分 (RefMajor)、次要成分 (Rcontrib)，或被排除。不可推導混合 (NDM)：比對結果可能為參考可能為貢獻者 (Reference Contributor) 或排除 (Excluded)。表 10 顯示了駕駛座下膠帶的 DNA 混合狀態與志願者樣本比對結果。

在 6 個單一來源分型中，5 個來自 Car 16 及 Car 3 與志願者樣本一致；僅有 Car 19 的 1 個單一來源分型比對結果為排除。在 6 個可推導混合 (DM) 分型中，志願者樣本均被判定為主要成分。在 16 個不可推導混合 (NDM) 分型中，志願者樣本在 11 個分型 (69%) 中被判為可能的貢獻者，而在 5 個分型 (31%) 中被排除 (見表 11 與表 12)。在大多數膠帶卷中，志願者樣本的 DNA 要麼在所有可比對樣本中被檢出，要麼在所有樣本中被排除。僅有 Car 19 與 Car 13 的結果顯示，在同一卷膠帶的不同區域中，志願者樣本一部分被包含，而另一部分則被排除。

表 10. 駕駛座下樣本的 DNA 混合狀態與志願者樣本(志願者)比對結果

志願者 Donor	駕駛座下					
	混合狀態 (Mixture Status)			志願者樣本比對結果 (Comparison to Reference)		
	內表面	外表面	側面	內表面	外表面	側面
20	NS	DM	NDM	NS	ReMajor	Rcontrib
19	NS	NDM	S	NS	Rcontrib	Excluded
17	DM	DM	NDM	RefMajor	ReMajor	Rcontrib
16	S	S	DM	RM	RM	ReMajor
15	NS	NDM	NDM	NS	Excluded	Excluded
13	NDM	NDM	NDM	Excluded	Rcontrib	Rcontrib
11	N/A	DM	NDM	N/A	ReMajor	Rcontrib
10	NS	DM	NDM	NS	ReMajor	Rcontrib
8	NS	NDM	NDM	NS	Rcontrib	Rcontrib
7	NS	NDM	NDM	NS	Rcontrib	Rcontrib
5	N/A	NDM	NDM	N/A	Excluded	Excluded
3	S	S	S	RM	RM	RM

註解 (Key) :

DM (可推導混合, Deducible Mixture)

Excluded (排除, 志願者樣本不包含於 DNA 分型內)

NS (不適用比對, Not Suitable for Comparison)

NDM (不可推導混合, Non-Deducible Mixture)

N/A (DNA 濃度未達 qPCR 偵測閾值 0.002 ng/ μ L)

Rcontrib (志願者樣本可能為貢獻者, Reference Contributor)

ReMajor (志願者樣本為主要成分, Reference Major)

RM (與志願者樣本一致, Reference Match)

S (單一來源, Single Source)

上述數據係基於成功擴增樣本 (表 11) 或可比對樣本 (表 12) 的結果。

表 11. 駕駛座下樣本的 DNA 混合狀態統計 (n=34)

混合狀態	駕駛座下不同區域的分型數量 (n=34)			總數 (%)
	內表面	外表面	側面	
S (單一來源)	2	2	2	6 (17.6%)
DM (可推導混合)	1	4	1	6 (17.6%)
NDM (不可推導混合)	1	6	9	16 (47.1%)
NS (不適用比對)	6	0	0	6 (17.6%)

表 12. 駕駛座下樣本的 DNA 與志願者樣本比對結果 (n=28)

志願者樣本比對結果	駕駛座下不同區域的分型 數量(n=28)			總數 (%)
	內表面	外表面	側面	
Reference Match (單一來源且與志願者樣本一致)	2	2	1	5 (17.9%)
Major Contributor (混合型的主要成分)	1	4	1	6 (21.4%)
Minor Contributor (混合型的次要成分)	0	0	0	0 (0%)
Could be Contributor (可能為貢獻者)	0	4	7	11 (39.3%)
Excluded (排除)	1	2	3	6 (21.4%)

志願者樣本在分型解釋中的角色

志願者樣本在解釋 DNA 圖譜時具有重要作用。當檢視單一來源 (S) 的圖譜時，膠帶內表面與外表面的樣本與志願者樣本一致，而側面有1個樣本則將志願者排除。當圖譜為可推導混合 (DM) 型時，所有區域的樣本中，志願者樣本均為主要成分。當分型為不可推導混合 (NDM) 時，則有 69% 的圖譜包含志願者樣本。

混合狀態與志願者樣本比對結果：後車廂

表 13 顯示了後車廂膠帶的 DNA 混合狀態與志願者樣本比對結果。

表 13. 後車廂樣本的 DNA 混合狀態與志願者樣本比對結果

志願者 Donor	後車廂					
	混合狀態 (Mixture Status)			志願者樣本比對結果 (Comparison to Reference)		
	內表面	外表面	內表面	外表面	內表面	外表面
20	NS	NDM	NDM	NS	Excluded	Excluded
19	NS	NDM	DM	NS	Excluded	ReMajor
17	NS	DM	NS	NS	ReMajor	NS
16	NDM	S	NDM	Rcontrib	RM	Rcontrib
15	NS	N/A	NDM	NS	N/A	Excluded
13	DM	NDM	DM	Excluded	Rcontrib	ReMajor
11	N/A	S	N/A	N/A	RM	N/A
10	NDM	DM	DM	Rcontrib	ReMajor	ReMajor
8	N/A	S	N/A	N/A	RM	N/A
7	N/A	NS	NDM	N/A	NS	Rcontrib
5	NS	NDM	NDM	NS	Rcontrib	Rcontrib
3	S	S	S	RM	RM	RM

註解 (Key) :

- DM (可推導混合, Deducible Mixture)
- Excluded (排除, 志願者樣本不包含於 DNA 分型內)
- NS (不適用比對, Not Suitable for Comparison)
- NDM (不可推導混合, Non-Deducible Mixture)
- N/A (DNA 濃度未達 qPCR 偵測閾值 0.002 ng/μL)
- Rcontrib (志願者樣本可能為貢獻者, Reference Contributor)
- ReMajor (志願者樣本為主要成分, Reference Major)
- RM (與志願者樣本一致, Reference Match)
- S (單一來源, Single Source)

在 6 個單一來源 (S) 圖譜中，全部 (100%) 與志願者樣本一致，其中 3 個分型來自 Car 3 的同一卷膠帶三個區域，此結果與該車駕駛座下膠帶的結果一致。在 6 個可推導混合 (DM) 分型中，5 個 (83%) 的結果顯示志願者樣本為主要成分，另有 1 個樣本（來自膠帶內表面）將志願者樣本排除。在 11 個不可推導混合 (NDM) 分型中，7 個 (64%) 包含志願者樣本，4 個 (36%) 將志願者樣本排除（見表 14 與表 15）。值得注意的是，同樣地，Car 19 與 Car 13 的膠帶卷，其不同區域的結果不一致：有些區域包含志願者，而另一些區域則將其排除。上述數據係基於成功擴增樣本 (表 14) 或可比對樣本 (表 15) 的結果。

表 14. 後車廂樣本的 DNA 混合狀態統計 (n=30)

混合狀態 (Mixture status)	後車廂不同區域的分型數量 (n=30)			總數 (%)
	內表面	外表面	側面	
S (單一來源)	1	4	1	6 (20%)
DM (可推導混合)	1	2	3	6 (20%)
NDM (不可推導混合)	2	4	5	11 (37%)
NS (不適用比對)	5	1	1	7 (23%)

表 15. 樣本的 DNA 與志願者樣本比對結果 (n=23)

志願者樣本比對結果	後車廂不同區域的分型數 (n=23)			總數 (%)
	內表面	外表面	側面	
Reference Match (單一來源且與志願者樣本一致)	1	4	1	6 (26%)
Major Contributor (混合型的主要成分)	0	2	3	5 (22%)
Minor Contributor (混合型的次要成分)	0	0	0	0
Could be Contributor (可能為貢獻者)	2	2	3	7 (30%)
Excluded (排除)	1	2	2	5 (22%)

不同存放位置間混合狀態結果的比較

在兩種存放位置中，膠帶內表面的可推導混合 (DM) 所佔比例大致相同。值得注意的是，於駕駛座下存放的位置中，單一來源 (Single Source) 分型佔 20%，而可推導混合 (DM) 與 不可推導混合 (NDM) 各佔 10%。相對地，在後車廂位置中，單一來源分型比例下降至 11%，而不可推導混合 (NDM) 的比例則上升至 22% (見圖 14 與圖 15)。

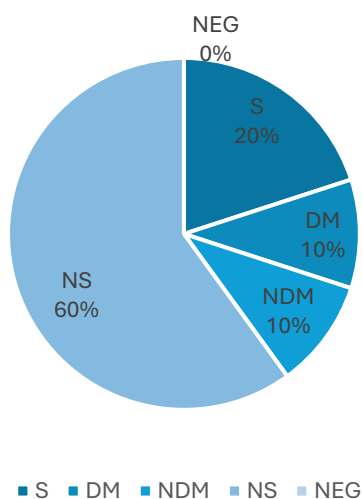


圖 14. 膠帶內側混合狀態分佈 (駕駛座下方, n=10)

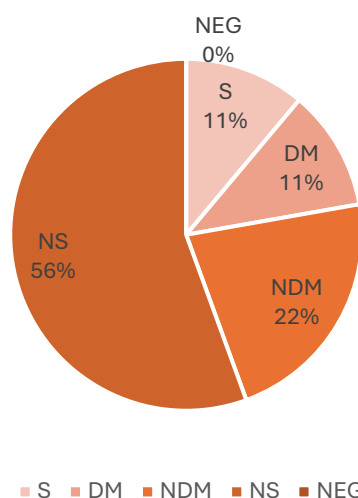


圖 15. 膠帶內側混合狀態分佈 (後車廂, n=10)

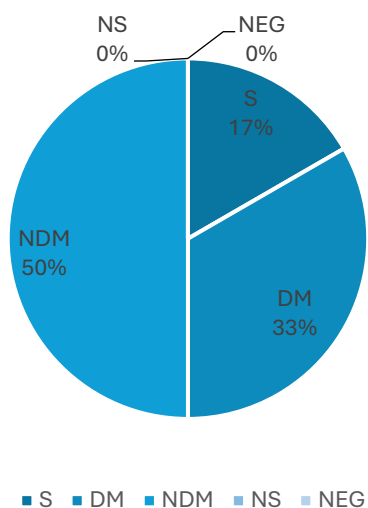


圖 16. 膠帶外側混合狀態分佈 (駕駛座下方, n=12)

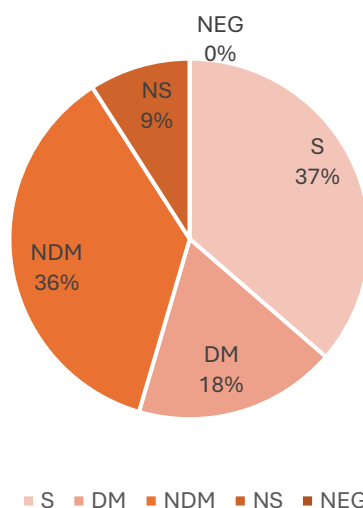


圖 17. 膠帶外側混合狀態分佈 (後車廂, n=11)

對於膠帶外側部分，在後車廂中可見較多的單一來源型譜：單一來源佔 37%，可推導混合型 (DM) 佔 18%，合計為 55%；相較之下，駕駛座下方的單一來源僅佔 17%，DM 為 33%，合計為 50% (見圖 16 與圖 17)。

至於膠帶的側面，在兩個位置中皆以不可推導混合型 (NDM) 為主：駕駛座下方為 75%，後車廂則為 50%。單一來源在駕駛座下方佔 17%，高於後車廂的 10%。至於 DM 混合狀態，後車廂觀察到 30%，而駕駛座下方僅有 8% (見圖 18 與圖 19)。

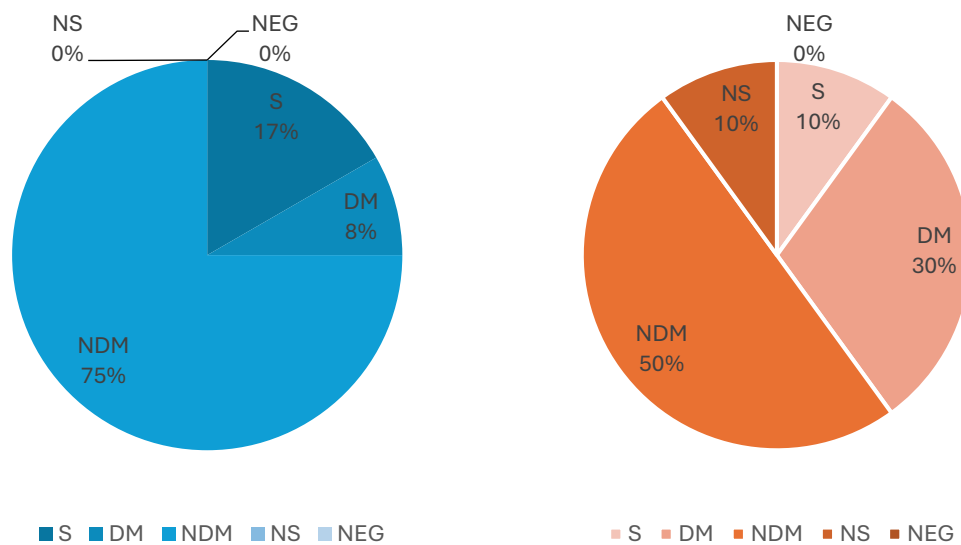


圖 18. 膠帶側面混合狀態分佈 (駕駛座下方, n=12) 圖 19. 膠帶側面混合狀態分佈 (後車廂, n=10)

費雪正確機率檢定 (Fisher's exact test) 結果顯示，兩個存放位置間的混合狀態無顯著差異。此外，在駕駛座下方的不同區域間則呈現顯著差異：內側與外側 ($p=0.007$)，以及內側與側面 ($p=0.0008$)。相對而言，在後車廂內各區域間並無顯著差異 ($p=0.376$)。

存放位置間志願者比對結果之比較

存放位置間的志願者樣本比對結果比較顯示，兩個位置在部分類別上具有相似的結果。具體而言，「不適用比對」在兩個位置的膠帶內側均為最高比例 (駕駛座下方 60%，後車廂 56%)。志願者樣本型譜被排除比例亦相近 (駕駛座下

方 10%，後車廂 11%)。另一方面，僅有後車廂膠帶內側檢出「不可推導混合型 (NDM) 且志願者樣本可能為貢獻者」(22%)。在駕駛座下方，志願者樣本相符及作為主要貢獻者的比例分別為 20% 與 10%；而在後車廂，參考樣本相符比例為 11% (見圖 20 與圖 21)。

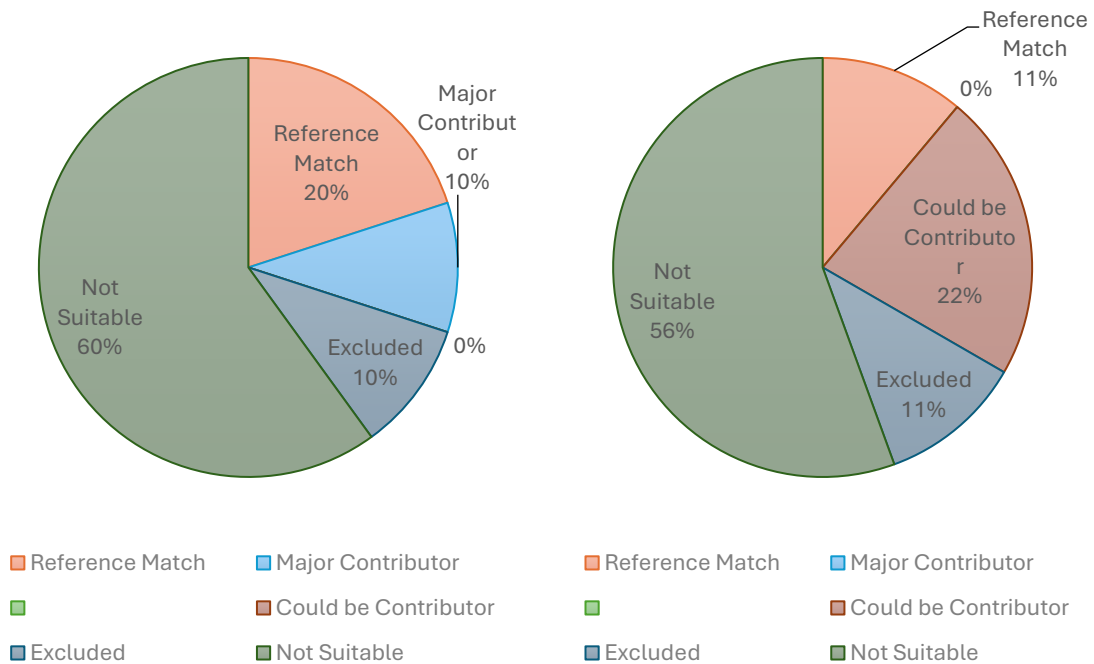


圖 20. 膠帶內側之志願者比對結果分佈 (駕駛座下方, n=10)

圖 21. 膠帶內側之志願者比對結果分佈 (後車廂, n=9)

關於膠帶外側，排除結果的比例相近 (駕駛座下方 17%，後車廂 18%)。單一來源或主要貢獻者與受試志願者相符的比例在兩個位置皆約為 50%。然而，在後車廂有 9% 的型譜屬於「不適用比對」，相對地，駕駛座下方的所有型譜皆可解讀。值得注意的是，駕駛座下方有較多不可推導混合型 (NDM)，其中志願者為可能的貢獻者 (見圖 22 與圖 23)。

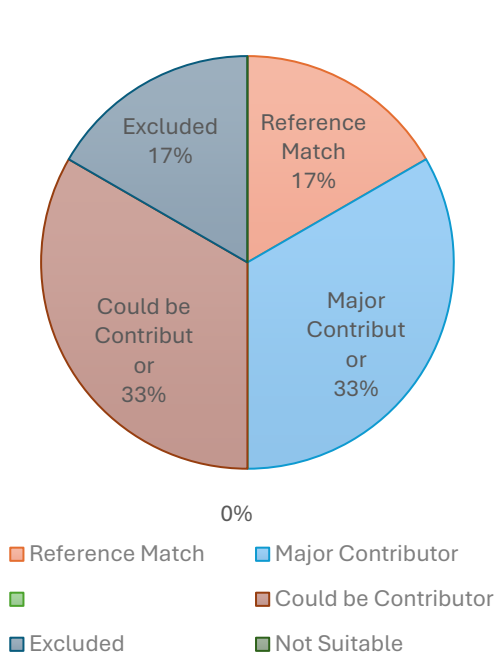


圖 22. 膠帶外側之志願者比對結果分佈（駕駛座下方，n=12）

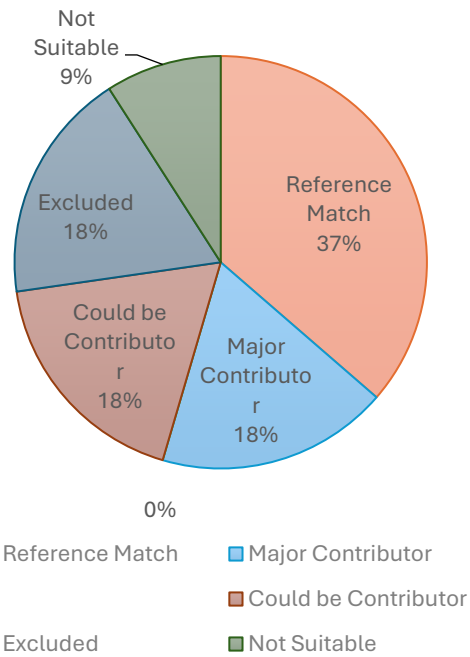


圖 23. 膠帶外側之志願者比對結果分佈（後車廂，n=11）

就膠帶的側面而言，與志願者樣本相符的單一來源型譜僅佔駕駛座下方 8%，後車廂 10%。然而，志願者樣本被判定為主要成分或混合體之一的比例，在駕駛座下方為 67%，後車廂則為 60%。有趣的是，志願者樣本型譜被排除的比例最高，分別為駕駛座下方 25% 與後車廂 20%，在三個區域中所佔比例最大（見圖 24 與圖 25）。

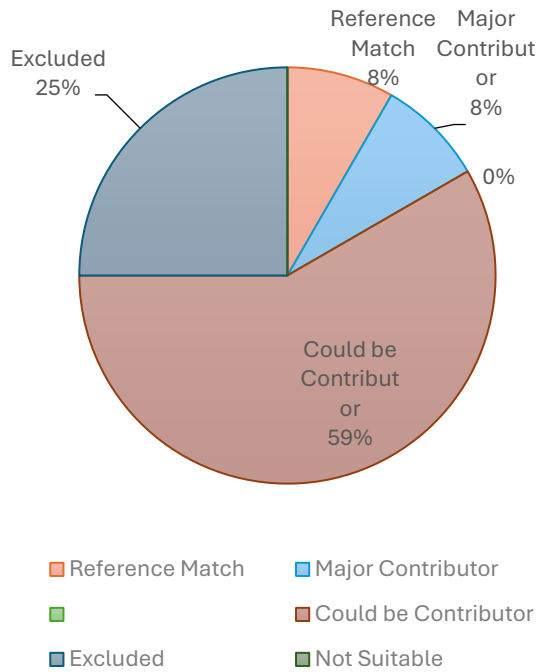


圖 24. 膠帶側面之志願者比對結果分佈（駕駛座下方，n=12）

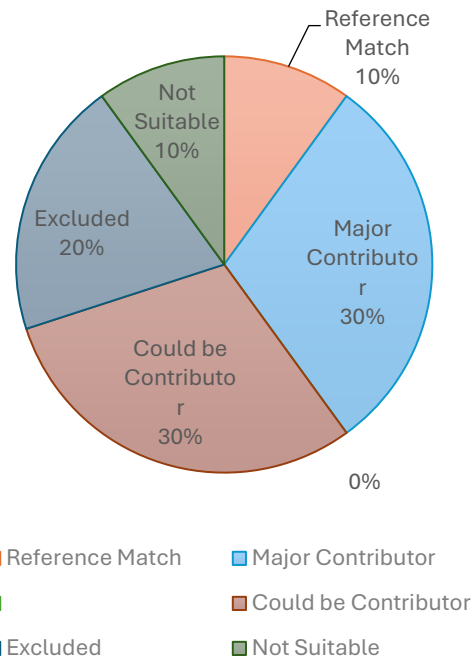


圖 25. 膠帶側面之志願者比對結果分佈（後車廂，n=10）

綜合討論

本研究顯示，在未經直接接觸的情況下，DNA 仍可被動轉移並留於汽車內的膠帶上。由於 71% 的樣本（72 個樣本中的 51 個）適合比對，這些被動累積的 DNA 可能在案件中造成誤導性的 DNA 關聯。所有使用的膠帶皆為原廠包裝的新膠帶，對三捲未使用的膠帶進行拭取後僅檢測到極少量 DNA，顯示大部分檢出的 DNA 源於膠帶存放於車內的過程。另一項與本研究平行進行的實驗中，部分相同的志願者被要求將塑膠製仿真槍存放於車內，結果僅有 6.9%（72 個樣本中的 5 個）產生可比對的 STR 型譜 (Chan, 2025)。此外，Sorg et al. (2023) 的研究發現，戶外環境蒐集的石塊中，僅有 6.5% 的樣本產生適合 CODIS 搜索的單一來源或主要貢獻者型譜。相比之下，膠帶捲所產生的 DNA 成功檢出率明顯高於塑膠槍及石塊，顯示「表面特性」可能是重要變數之一。膠帶側面黏性強，能有效保留微粒；外側雖粗糙但不具孔隙 (non-porous)，拭取相對容易；而內側

為紙質，因此 DNA 檢出率最低。雖然塑膠槍同樣屬於非多孔性材質 (non-porous)，但其表面更為光滑，因而在接觸時更容易將 DNA 轉移至其他物品而自身殘留較少 (Goray et al., 2010)。Sorg et al. (2023) 亦指出，光滑石面比粗糙石面檢出更多 DNA，推測是因粗糙表面在拭取過程中更易造成棉棒損耗 (Sorg et al., 2023)。

另一個可能影響 DNA 檢出量的因素是表面面積。塑膠槍測試部位（滑套、扳機與握把）的面積均小於膠帶，因此 DNA 回收量也較少。本研究三個膠帶區域中，內側的 DNA 平均濃度顯著低於外側與平面側，支持此推論，因內側的可檢測面積最小。

DNA 產量的差異亦可能與轉移途徑有關。膠帶內側未與其他物體直接接觸，其 DNA 來源可能僅來自空氣中；因此，51 個可比對樣本中，僅有 16%（8 個）源自內側。外側的 DNA 來源包括車內地板或物品的間接轉移，以及空氣中的氣膠；側面一面接觸地板，另一面暴露於空氣，但因不確定車輛行駛中膠帶是否翻轉，因此本研究將側面兩面拭取後合併為單一樣本。未來研究應固定膠帶位置以控制 DNA 轉移途徑，藉此更清楚理解不同轉移機制下的 DNA 沉積量。

此外，本研究並未檢測車內地氈或其他物體的背景 DNA。然而 Fantinato et al. (2023) 指出，未經定期清潔的靜置區域，如車門邊緣、暖氣片、電器裝置與窗台，均可檢出 DNA，這使得透過地氈的間接轉移假設合理成立。膠帶側面的黏性與粗糙特性也有助於保留來自氣膠或灰塵的 DNA。

不同車輛間 DNA 檢出量差異顯著，部分可能與乘客的「shedder 狀態」有關 (Tan et al., 2019)。另一來源則可能是唾液飛沫，已知其為室內氣膠 DNA 的主要來源之一 (Rutty et al., 2003)。考慮到氣流與口腔位置接近車內地板，乘客交談可能導致駕駛座下方及後車廂地區累積 DNA。

研究中第 7、8、15 號車輛的 DNA 檢出量偏低；第 7 號車僅有單一駕駛，無固定乘客；第 8 號車有一名其他駕駛與一名固定乘客；第 15 號車則為單一駕駛與兩名固定乘客。這些車輛的 STR 型譜皆屬不可比對或不可推導混合型

(NDM)。其中第 7 與第 8 號車的混合型可能包含志願者 DNA，但第 15 號車的志願者則被排除。相對地，第 3 號車僅有駕駛與一名固定乘客，卻產生較高的 DNA 檢出率，所有 STR 型譜皆為單一來源並與志願者相符，推測該志願者可能 DNA 脫落狀態較高、開車時間較長，或清潔習慣較鬆散。部分結果呈現異常值，例如第 19 號車駕駛座下方膠帶側面檢出較高的 DNA，而其他樣本卻偏低；第 16 號車後車廂膠帶外側亦檢出較高 DNA。這些異常結果可能表示實驗過程中膠帶曾遭觸碰。

膠帶放置位置對 DNA 檢出量及基因分型結果具有一定影響。內側與外側在不同位置間的 DNA 濃度差異不顯著；側面則是駕駛座下方的平均 DNA 濃度顯著高於後車廂，推測與其靠近前後座、距離 DNA 來源較近有關。

如預期，型譜品質依 DNA 濃度與擴增量而定，DNA 含量愈高，型譜越完整 (Ludeman et al., 2018)。在大多數車輛中，兩位置的 DNA 樣本皆可與志願者關聯，無論是單一來源、主要貢獻者，或混合體中的一部分。例如第 17、16、10、8、7、3 號車，所有可比對樣本皆與志願者有關。但也有例外，如第 13 號車，外側與側面樣本與志願者相符，但內側樣本則被排除，膠帶原廠包裝至最後接收途中，內側未完全被塑膠覆蓋，途中可能曾暴露沈積 DNA。除第 15 號車外，每輛車至少有一個樣本與志願者相關；第 15 號車的 6 個樣本中，僅有 3 個適合比對，且志願者皆被排除於 NDM 型譜之外。

另外，第 20 與第 5 號車在不同存放位置也顯示差異。第 20 號車駕駛座下方樣本與志願者相符，但後車廂樣本將其排除；第 5 號車則相反，駕駛座下方樣本排除志願者，而後車廂樣本則包含志願者。值得注意的是，第 19 號車兩位置的結果各異，志願者型譜僅在一個區域檢出而另一區域被排除。此現象可能解釋為膠帶側面被他人偶然觸碰，或是後座乘客因談話釋放大量 DNA。至於後車廂膠帶外側檢出的非志願者 DNA，可能來自車內物品接觸的間接轉移，因後車廂物品經常隨車輛移動而位移。

在型譜混合狀態方面，本研究發現 24% (51 個可比對樣本中的 12 個) 為單

一來源，76%（39 個）為混合型，與 De Wolff et al. (2021) 的發現一致。他們在單一駕駛或單一駕駛加一前座乘客的車輛內蒐集 DNA，結果均產生混合型譜，且 79% 以上樣本檢出至少一名未知個體 (De Wolff et al., 2021)。其中一輛僅有單一駕駛、無其他乘客且駕駛獨居的車輛，20 個樣本中有 3 個為混合型，且主要貢獻者為未知來源。相似地，本研究第 7 號車亦為單一駕駛，3 個樣本皆為不可推導混合型，與 De Wolff 等人一致。整體而言，本研究中 22%（51 個樣本中的 11 個）與志願者型譜無關，其中包含一個單一來源、一個可推導混合型，及 9 個不可推導混合型。由於僅蒐集了駕駛者的 DNA，這些樣本無法獲得進一步資訊。

結論

本研究證明，即使未經接觸，將全新膠帶於車內存放 7 天後，仍可能產生可供比對的 STR-DNA 型譜。在多數情況下，樣本呈現混合型譜，而駕駛者的參考型譜與大部分 STR 型譜相關。此一現象在實際刑事案件的 DNA 證據詮釋上值得審慎考量。依據物品特性及其所處環境，即使沒有直接接觸，仍可能累積可檢測的 DNA。因此，在車內取得的物品上檢出某人的 DNA，並不必然代表該人曾經直接觸碰該物品。應注意，DNA 檢出量會受到多種因素影響，例如個體的脫落狀態 (shedder status)、活動方式、在車內停留的時間，以及取樣前車輛清潔的程度。未來若要更深入理解 DNA 沉積特性，建議調查問卷應擴充涵蓋駕駛時間、車內乘客資訊及清潔習慣等，並蒐集所有乘客的 DNA 參考樣本。

此外，本研究觀察時間僅為 7 天。調整觀察時間範圍或許能幫助我們深入了解 DNA 隨時間推移的持久性。就 DNA 轉移機制而言，未來研究可將膠帶置於受限環境中，單純探討空氣來源的 DNA 轉移，而非來自地板或其他物品的間接轉移。

建議

隨著刑事鑑識科技迅速發展，DNA 分析、毒化學分析及現場科學等領域持續精進。為確保我國鑑識體系能與國際標準接軌，並強化專業人才之研究與實務能力，派員赴美國攻讀鑑識科學碩士具長遠策略價值。碩士階段之紮實訓練為本局培育專業鑑識人才奠定良好基礎，倘能進一步規劃派員赴國外攻讀博士學位，將有助於深化研究能量與技術根基，持續強化本局之專業發展。

通過此次赴國深造的歷程，深刻體會到，最高程度的自律並非出於外在的約束，而是源自內在的熱情。

在國外學習期間，有幸結識數位極具啟發性的教授，殷切期盼未來能邀請這些學者來臺授課，讓更多同仁在國內即可接觸前沿的專業知識與觀點。

此外，於 2025 年參加美國鑑識科學技術學會 (American Academy of Forensic Sciences, AAFS) 年會，獲益良多。相較於學校課程中所學的基礎知識，研討會提供了領域內專業人士聚焦與辯論的最前沿議題，內容精彩而深入，充分展現國際交流的價值。無怪美國各大學院校積極鼓勵學生參與研討會。建議國內亦能建立制度，定期派員參與國際重要研討會，以掌握最新趨勢與國際脈動，提升我國在相關領域之專業能量。

參考文獻

1. Arsenault, H., Kuffel, A., Daeid, N. N., & Gray, A. (2024). Trace DNA and its persistence on various surfaces: A long-term study investigating the influence of surface type and environmental conditions – Part one, metals. *Forensic Science International: Genetics*, 70, 103011.
<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2024.103011>
2. Bäumer, C., Fisch, E., Wedler, H., Reinecke, F., & Korfhage, C. (2018). Exploring DNA quality of single cells for genome analysis with simultaneous whole-genome amplification. *Scientific Reports*, 8(1), 7476. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-25895-7>
3. Boyko, T., Szkuta, B., Mitchell, R. J., & van Oorschot, R. A. H. (2020). Prevalence of DNA from the driver, passengers and others within a car of an exclusive driver. *Forensic Science International*, 307, 110139.
<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2020.110139>
4. Burrill, J., Daniel, B., & Frascione, N. (2019). A review of trace “Touch DNA” deposits: Variability factors and an exploration of cellular composition. *Forensic*

Science International: Genetics, 39, 8–18.

<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.11.019>

5. Butler, J. M. (2012). *Advanced topics in forensic DNA typing: Methodology*. Academic Press.
6. Butler, J. M. (2015). *Advanced topics in forensic DNA typing: Interpretation*. Academic Press.
7. Butler, J. M., et al. (2024). *DNA mixture interpretation: A NIST scientific foundation review (NISTIR 8351)*. National Institute of Standards and Technology. <https://doi.org/10.6028/NIST.IR.8351>
8. Chan, R. (2025). *Passive DNA transfer to Fidget Blasters stored in cars* [Master's Thesis, John Jay College of Criminal Justice].
https://academicworks.cuny.edu/jj_etds/354/
9. Coble, M. D., & Bright, J.-A. (2019). Probabilistic genotyping software: An overview. *Forensic Science International: Genetics*, 38, 219–224.
<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.11.009>
10. Cook, R., Evett, I. W., Jackson, G., Jones, P. J., & Lambert, J. A. (1998). A hierarchy of propositions: Deciding which level to address in casework. *Science & Justice*, 38(4), 231–239. [https://doi.org/10.1016/S1355-0306\(98\)72117-3](https://doi.org/10.1016/S1355-0306(98)72117-3)

11. CSIRO. (2023). *e DNA explained: Unlocking nature's hidden biodiversity*.
[https://www.csiro.au/en/news/all/articles/2023/december/what-is-e DNA](https://www.csiro.au/en/news/all/articles/2023/december/what-is-e-DNA)
12. De Wolff, T. R., Aarts, L. H. J., van den Berge, M., Boyko, T., van Oorschot, R. A. H., Zuidberg, M., & Kokshoorn, B. (2021). Prevalence of DNA of regular occupants in vehicles. *Forensic Science International*, 320, 110713.
<https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2021.110713>
13. Fantinato, C., Fonnelop, A. E., Bleka, Ø., Vigeland, M. D., & Gill, P. (2023). The invisible witness: Air and dust as DNA evidence of human occupancy in indoor premises. *Scientific Reports*, 13(1), 19059.
<https://doi.org/10.1038/s41598-023-46151-7>
14. Federal Bureau of Investigation. (2005). *CODIS and NDIS fact sheet*. Federal Bureau of Investigation. [https://www.fbi.gov/how-we-can-help-you/ DNA-fingerprint-act-of-2005-expungement-policy/codis-and-ndis-fact-sheet](https://www.fbi.gov/how-we-can-help-you/DNA-fingerprint-act-of-2005-expungement-policy/codis-and-ndis-fact-sheet)
15. Fonnelop, A. E., Egeland, T., & Gill, P. (2015). Secondary and subsequent DNA transfer during criminal investigation. *Forensic Science International: Genetics*, 17, 155–162. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.05.009>
16. Gill, P. (2014). *Misleading DNA evidence: Reasons for miscarriages of justice*. Elsevier.

17. Gill, P., Hicks, T., Butler, J. M., Connolly, E., Gusmão, L., Kokshoorn, B., Morling, N., van Oorschot, R. A. H., Parson, W., Prinz, M., Schneider, P. M., Sijen, T., & Taylor, D. (2020). DNA commission of the International Society for Forensic Genetics: Assessing the value of forensic biological evidence— Guidelines highlighting the importance of propositions. Part II: Evaluation of biological traces considering activity level propositions. *Forensic Science International: Genetics*, 44, 102186.
<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2019.102186>
18. Goray, M., Eken, E., Mitchell, R. J., & van Oorschot, R. A. H. (2010). Secondary DNA transfer of biological substances under varying test conditions. *Forensic Science International: Genetics*, 4(2), 62–67.
<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2009.05.001>
19. Goray, M., & van Oorschot, R. A. H. (2015). The complexities of DNA transfer during a social setting. *Legal Medicine*, 17(2), 82–91.
<https://doi.org/10.1016/j.legalmed.2014.10.003>
20. Hanson, E., Salzman, A., Dorum, G., Fliss, B., Hess, S., Haas, C., & Ballantyne, J. (2019). mRNA MPS tissue identification assay to aid in the investigation of traumatic injuries. The 28th Congress of the International

Society for Forensic Genetics, 7(1), 25–26.

<https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2019.09.012>

21. Johannessen, H., Gill, P., Roseth, A., & Fonnelop, A. E. (2021). Determination of shedder status: A comparison of two methods involving cell counting in fingerprints and the DNA analysis of handheld tubes. *Forensic Science International: Genetics*, 53, 102541.
<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2021.102541>
22. Lee, L. Y. C., Tan, J., Lee, Y. S., & Syn, C. K.-C. (2023). Shedder status—An analysis over time and assessment of various contributing factors. *Journal of Forensic Sciences*, 68(4), 1292–1301. <https://doi.org/10.1111/1556-4029.15266>
23. Ludeman, M. J., Zhong, C., Mulero, J. J., Lagacé, R. E., Hennessy, L. K., Short, M. L., & Wang, D. Y. (2018). Developmental validation of GlobalFiler™™ PCR amplification kit: A 6-dye multiplex assay designed for amplification of casework samples. *International Journal of Legal Medicine*, 132(6), 1555–1573.
<https://doi.org/10.1007/s00414-018-1817-5>
24. Meakin, G., & Jamieson, A. (2013). DNA transfer: Review and implications for casework. *Forensic Science International: Genetics*, 7(4), 434–443.
<https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.03.013>

25. Onofri, M., Tommolini, F., Severini, S., Gambelunghe, C., Lancia, M., Carlini, L., & Carnevali, E. (2024). Trace DNA transfer in co-working spaces: The importance of background DNA analysis. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(4). <https://doi.org/10.3390/ijms25042207>
26. Petcharoen, P., Nolan, M., Kirkbride, K. P., & Linacre, A. (2024). Shedding more light on shedders. *Forensic Science International: Genetics*, 72, 103065. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2024.103065>
27. Puliatti, L., Handt, O., & Taylor, D. (2021). The level of DNA an individual transfers to untouched items in their immediate surroundings. *Forensic Science International: Genetics*, 54, 102561. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2021.102561>
28. Rutty, G. N., Hopwood, A., & Tucker, V. (2003). The effectiveness of protective clothing in the reduction of potential DNA contamination of the scene of crime. *International Journal of Legal Medicine*, 117(3), 170–174. <https://doi.org/10.1007/s00414-002-0348-1>
29. Sijen, T., & Harbison, S. (2021). On the identification of body fluids and tissues: A crucial link in the investigation and solution of crime. *Genes*, 12(11). <https://doi.org/10.3390/genes12111728>

30. Sorg, A., Gouy, A., Tièche, C. C., & Zieger, M. (2023). Human background DNA on stones in an urban environment. *Forensic Science International: Genetics*, 65, 102880. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2023.102880>
31. Tan, J., Lee, J. Y., Lee, L. Y. C., Aw, Z. Q., Chew, M. H., Ishak, N. I. B., Lee, Y. S., Mugni, M. A., & Syn, C. K. C. (2019). Shedder status: Does it really exist? *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 7(1), 360–362. <https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2019.10.012>
32. Thermofisher Scientific (2019). *GlobalFiler™ and GlobalFiler™ IQC PCR amplification kits user guide*. Retrieved from: <https://assets.thermofisher.cn/TFS-Assets/LSG/manuals/MAN0029969-GlobalFilerIQC-PCRAmpKit-UG.pdf>
33. van Oorschot, R. A. H., Szkuta, B., Meakin, G. E., Kokshoorn, B., & Goray, M. (2019). DNA transfer in forensic science: A review. *Forensic Science International: Genetics*, 38, 140–166. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.10.014>
34. Van Oorschot, R. A., Ballantyne, K. N., & Mitchell, R. J. (2010). Forensic trace DNA: A review. *Investigative Genetics*, 1(1), 14. <https://doi.org/10.1186/2041-2223-1-14>
35. Wild, A. (2023, December 8). e DNA explained: Unlocking nature’s hidden

biodiversity. *CSIRO – Australia's National Science Agency*.

<https://www.csiro.au/en/news/All/Articles/2023/December/What-is-e-DNA>