

令和 5 年 6 月 23 日現在

機関番号：14301

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2020～2022

課題番号：20H03956

研究課題名(和文) 遺留体液混合試料を高精度に識別する核酸情報プロファイル作成システムの開発

研究課題名(英文) Developmental study for nucleic acid profile from sample of mixture of body fluid.

研究代表者

玉木 敬二 (Tamaki, Keiji)

京都大学・医学研究科・教授

研究者番号：90217175

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 12,800,000円

研究成果の概要(和文)：犯行現場に残された血痕などの試料の効率的なDNA分析法の開発を目指した。最近、実務導入されたDNA検査システム(GlobalFiler)における検出閾値(AT値、ST値)の検討を行い、混合試料解析ソフトウェア(Kongoh)を改良した。また、体液によって遺伝子(DACT1)のメチル化率が異なることを利用して、精液と血液や唾液との識別法を開発し、異種体液混合試料においても精液由来のDNA量の推定ができた。さらに、経年変化によるDNAの脱アミノ化に着目し、血液及び唾液の陳旧試料についてサンガーシーケンシング法によりシトシンの脱アミノ化について観察した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究は犯罪現場などの微量混合試料の分析について、3つの「誰の」「何の」「いつ頃の」DNA試料であるか分析を進める方法を開発しようとするもので、従前の研究とは一線を画する独自性の高い研究といえる。このうち、「誰の」試料であるかについて、われわれが開発したソフトウェアは開発者検証が終わって実務応用が行われており、その社会的意義は高い。また、「何の」資料かといった由来を推定することは、試料の遺留様態を推定したり、えん罪を防ぐ大きな意義があるといえる。さらに、今回は成果が得られなかったが試料の陳旧性を探るための研究は、現場資料に大きな付加価値情報を与えるものとして期待されると考えている。

研究成果の概要(英文)：We attempted to develop a more efficient DNA analysis method for samples such as bloodstains left at crime scenes. First, we examined the detection thresholds (AT and ST values) of a DNA testing system (GlobalFiler), which has recently been introduced into forensic practice in Japan. Then, we significantly improved the mixed sample analysis software (Kongoh) with developer validation. We also developed a discrimination method between semen and blood or saliva using the different methylation rates of exons of the gene (dishevelled binding antagonist of beta catenin 1, DACT1) in different body fluids. The amount of semen-derived DNA could be estimated in mixed samples of different body fluids. In addition, deamination of cytosine with age was observed in the aged samples of blood and saliva by the Sanger sequencing method.

研究分野：法医学

キーワード：DNA 混合資料 個人識別 体液識別

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

(1)分析が極めて難解な現場試料

犯行現場に残された血痕などの生物試料は、証拠として犯罪捜査に大きく貢献することが多いが、法医鑑識領域で分析される試料は、他の科学実験とは大きく異なり、“現場試料”は少量(DNA量 < 200pg)かつ変性したものが多くなった。特に最近では、犯罪の巧妙化などのため、現場に単独個人の試料のみが残される場合は少なく、試料があっても被害者のものなどと混合したものが多いため。複数人の試料が混合した試料の正確な分析は最も重要な課題となっているが、わが国では殆ど行われていない。このため、従来からのDNA検査結果の解釈方法では「誰のDNA」であるのか合理的に説明できない状況となっている。われわれはこの喫緊の問題の解決に向けて実験研究や解析ソフトウェアの作成を行い、鑑定や裁判出廷など成果の実務側への還元についても取り組んできた。一方、現場試料が「何の体液由来」であるかということも証拠価値として重要である。しかし、現在鑑識で行われている酵素活性やタンパク質を検出する方法は感度や特異性が低い。犯罪捜査といえば「DNA鑑定」という用語が直ぐに連想されるように、わが国の鑑識検査ではDNA検査によって誰の試料という検索に重きを置いているが、何の試料か(体液識別)については従来の酵素やタンパク質などの比較的非特異的な検査しかできていない。特に、異種の体液が混合した場合の体液識別は全くできていない。われわれはマイクロRNA(miRNA)に注目し定量性を高めるため参照miRNAを決定して、全く新しい体液識別法を開発した。しかし、現場試料では混合試料が多いため、より異種体液の混合試料が分析できる確率的解釈法の改良が必要と考えられる。また、DNA量として200pg未満のような微量試料であれば、アリルが検出できなかつたり、ノイズとの鑑別が困難となってくる。事態は非常に深刻であり、喫緊の課題として混合試料の解析法を確立しなければ、わが国のDNA鑑定や体液検査法が根底から崩れる恐れがある。

(2)次世代シーケンシング(NGS)の法医鑑識領域への活用

近年、NGSが様々な研究領域で利用されるようになったが、法医鑑識領域にとっても個人識別や血縁鑑定、体液種識別への活用が大いに期待される。現在の標準的なDNA検査法は、15か所のマイクロサテライト(STR)のDNA型をキャピラリー電気泳動(CE法)で調べるものであるが、この方法ではSTR領域の塩基長しか判定できず、内部の塩基配列は読み取れない。一方、NGSでは塩基配列が読み取れるので、STR領域内での変異や周囲のSNPsの情報も得ることができる。また、1チューブで多数のプライマーによる増幅ができるため、一回の検査で膨大な配列情報が検出可能となる。さらに、同じ領域を何回もシーケンシングするので配列の違いだけでなく、それぞれの配列の量比もある程度検出できるため、混合試料の詳細な解析が可能になると期待されている。但し、膨大な出力データから解析に必要なものを抽出するソフトウェアは必ずしも法医鑑識用になっていないため、独自のソフトウェア開発と検証が必定である。

2. 研究の目的

(1)本研究の目的

本研究では混合試料から「誰のDNA」及び「何の(体液)試料」が混合しており、「いつ頃」遺留されたものであるかを推定できるシステムの構築を目的とする。

(2)本研究の学術的独自性と創造性

DNA混合試料の解析については、2010年代になってCM法に基づく分析法が考案されたが、多くのものはそのアルゴリズムを公開しておらず、公開しているものも検査キットのデータに即したパラメータを用いず、一般数式で代用しており、その精度への懸念が払拭されない。また、NGSに対応しているものは殆どない。体液識別のためmiRNAに注目している研究(Li Y: Forensic Sci Int Genet 2014、他)はみられるが、実際に異なる体液のmiRNAマーカーの定量結果を比較した体液識別法はわれわれが初めて考案し報告した。

本研究は微量混合試料からDNAとRNAの分析結果を対応させて、機械学習などAIを利用して混合試料の総合的判定をするシステムの構築を目指すもので、従前の研究とは一線を画する独自性の高い研究といえる。さらに、この研究成果はDNAとRNAの同時分析のNGSへの応用のため、STRなど未開発のNGSのデータを利用しやすい形に加工する技術革新も含まれる。したがって、法医遺伝学の実務応用に必ず貢献できるだけでなく、体液特異的miRNAや参照RNAの決定、DNAやRNAの陳旧性の判定などを多くの創造性を有していると考えられ、人類遺伝学やゲノム医学など幅広い分野への応用に繋がるものと期待される。

3. 研究の方法

(1)「誰のDNA」が含まれているかの判定システムの構築

【キャピラリー電気泳動法(CE法)とNGSの比較】

これまでに作成したDNA混合比を段階的に変えて作製した2人から4人までのDNA混合試料300例について、GlobalFiler kit(GF検査)を用いて21か所のSTR領域を増幅し、CE法により検出する。また、そのうち100例についてGF検査対象ローカスを含むNGSの既存のパネル

を利用して STR 型判定を行い、結果を比較してローカスやアリル特異的なリード数の偏りの有無などを検討する。

【検査結果を解釈するソフトウェアの改良】

これまでに開発した客観的手法 (CM 法) に基づくソフトウェア (Kongoh) で CE 法による結果を解析して GF 検査における Kongoh の DNA 混合比の推定の的中率を検討する。現在はコンピュータが判別できないノイズやアーチファクトの選別を、AI を利用して自動的に選別できるようにする。また、NGS の解析結果を CM 法で分析できるようにソフトウェアを改良する。NGS 解析結果のうち約 200 例をトレーニングデータとして機械学習を行い、残りの約 100 例は検証のために用いる。

(2) 「何の体液」が混合しているかの判定システムの構築

【試料の採取】ボランティアや患者の同意を得て臨床検査後試料などの各種体液試料各 10 例 (血液、精液、唾液、腔分泌液) を収集する。血液、唾液、精液は脱脂綿上に滴下し、防塵環境下で乾燥させる。綿棒で採取した腔分泌液も同様に乾燥させる。

【実験的体液混合試料の体液識別】採取した試料のうち、それぞれ 1 滴分 (約 30 μ L) の脱脂綿、または綿棒 3 分の 1 量を用いる。これらを基礎体液斑として異なる提供者の異なる体液斑を組み合わせて 4 人までの“混合体液斑”を作成し、これらの混合試料から有機抽出法により DNA や RNA を分離する。指標となる miRNA マーカーについて RT-qPCR による RNA 定量を行い、部分的最小二乗回帰 (PLS 回帰) 判別法で、何の体液が含まれているか確率的に評価する。DNA については の方法で型判定や DNA の混合比を推定する。

【NGS による体液識別】単一体液試料についてこれまで同定した miRNA マーカーを NGS にて検出して、そのリード数により疑似定量を行って体液識別を試みる。また、必要であれば新しい体液特異的 miRNA マーカー候補を再検索する。

(3) 「いつ頃」試料が遺留されたのか、試料の陳旧度の推定

【陳旧試料の作成】採取した 4 種の体液試料 (5 人分) を室温でそれぞれ湿潤環境と非湿潤環境を設定し、0 時間、3 時間、1 日、7 日、30 日、180 日間 (非湿潤環境のみ) 静置する (計 200 試料)。時間経過後直ちに DNA 及び RNA を試料から抽出し、DNA 量及び RNA 量を蛍光試薬により定量する。

【DNA の検討】GF 検査により検出されたアリルピークについて、低分子領域と高分子領域のピーク高を比較し、その傾向が経過時間にどの程度影響するかを検討する。また、ミトコンドリア DNA (mtDNA) と核ゲノムそれぞれに対応する Taqman プローブを作成し、デジタル PCR により各 DNA の定量を行い、mtDNA 量と核ゲノムの量比と経過時間との関連を検討する。

4. 研究成果

(1) 「誰の DNA」 ソフトウェアを用いた検出閾値の検討

「誰の DNA」がどのくらい含まれているかの判定システムの構築のために、その基本となるキャピラリー電気泳動法 (CE 法) における閾値設定をソフトウェア Kongoh の判定結果も参考にして検討した。DNA 鑑定における DNA 型判定や結果の解釈を適切に行うには、効果的なピークの判定閾値の設定が必要不可欠である。設定が必要な閾値には、アリルであると判定される検出閾値 (AT) と、アリルのドロップアウトやインバランス等がないと判断できる閾値 (ST) の 2 つがある。特に AT は、小さい値に設定するとアリルの検出率の向上により感度は上がるが、ノイズやアーチファクトの検出率も上がり特異度は下がる。今年度は最近導入された DNA 検査システム (GlobalFiler、3500 Genetic Analyzer) における AT と ST 値の検討を行った。まず、ノイズの高さを調べるために陰性対照 (TE 緩衝液) を計 4 回用いてプロトコル通りに検査し、ノイズを検出しないと考えられる最小閾値 (MT) を定めた。次に、プルアップ等のアーチファクトの検出の有無を調べるため、市販のコントロール DNA 4 種を 6 段階の DNA 量 (0.03125ng ~ 1ng) で各 2 回ずつ同様に検査し、AT の増加によってアーチファクトの検出数がどの程度減少するかを調べて AT を設定した。また、ヘテロ接合体のピーク高比 (PHR) の最小値を調べ、ST を計算した。その結果、MT は Dye 毎に差がみられたが、TAZ (赤色 Dye) で最大 50 となったため MT = 50 RFU とした。コントロール DNA を 50 RFU で解析した結果、プルアップやアーチファクトが多数検出されたが、AT = 100 RFU に上げるとその数は約 4 分の 1 に減少した。また、これらのアーチファクトは鑑定人の判断で除去できれば、説明できないピークは AT が 90 RFU 以上では 1 本に留まった。以上より、我々の DNA 検査システムにおける AT は 90 RFU 以上とするのが適切であるが、130 RFU 以上ではアリルの不検出のため、Kongoh による尤度比が低下する場合があった。また、minPHR の結果より ST は 410 RFU 以上となった。したがって、AT 値を 100RFU、ST 値を 450RFU と設定した。

(2) 「誰の DNA」 国際的なガイドラインに則った開発者検証を実施して公表したソフトウェアの完成

これまで「誰の DNA」がどのくらい含まれているかの判定システムの構築のために、その基本となるキャピラリー電気泳動法 (CE 法) における閾値設定やソフトウェアのパラメータ設定について検討していたが、本研究によって DNA 型タイピングキットを限定しない汎用性を備えた

混合試料解析ソフトウェアが開発できた。これまでわれわれが開発したソフトウェア(Kongoh)は、最近わが国の法医鑑識で導入された DNA 検査システム(GlobalFiler)のデータ解析ができなかったが、今回の改訂によりこれまでの検査だけでなく GlobalFiler においても、より詳細な範囲での DNA 量の混合比の算出や、問題となる人の DNA の有無に関するより中立的な尤度比の値が算出されるようになり、科学的精度が向上した。特に、ソフトウェアは米国 DNA 解析方法に関する科学的作業グループ(SWGDAM)が推奨する「確率的ジェノタイピングシステムの検証のためのガイドライン」に則った検証を終えて論文発表している。このため、法医実務や法廷における信頼性を獲得しやすく、われわれは令和 4 年からは実務応用を始めている。

(3)「何の DNA」 メチル化率を利用した体液識別と異種混合体液 DNA 量比の推定
現場試料に「誰の」DNA が含まれているかは最も根源的な課題であるが、それが「何の」試料由来であるかを判断できれば、その人の DNA が現場に遺留された理由を探る情報となる。例えば、現場に残されたある人の DNA が血液の場合と精液の場合では、その遺留様態について全く異なるシナリオを考慮しなくてはならない。われわれは、ヒト DACT1 (dishevelled binding antagonist of beta catenin 1)の第 4 エクソンが精液ではメチル化率が低いという現象を利用して、精液と血液やだ液との識別ができるか検討した。メチル化の計測にはメチレーション感受性高解像融解法(MS-HRM)を用いた。その結果、精液は唾液や血液に比べてメチル化が低いため、融解温度が低くなるため、異種体液混合試料においても精液由来の DNA 量の推定ができることがわかった。このため、SI (semen DNA content index) という指標を作成し、その定量化による判断指標とした。

(4)「いつ頃の DNA」 陳旧血液試料における DNA 変性の観察
まず、1 日から 1 ヶ月まで、4℃、室温、37℃ に保存した血液試料について、電気泳動をおこないエレクトロフェログラムを分析して、DNA 断片の長さや量を測定した(4200 TapeStation)。その結果、放置日数が長くなるほど変性が進むことが認められるだけでなく、1 日後でも 37℃ の場合では 4℃ の場合の約 80% になっており、1 ヶ月では 4℃ では約 55% に、室温では約 30% に、37℃ では約 25% に減少した。また、GF 検査による DNA 型判定結果を観察したところ、1 週間程度であれば 4℃、室温、37℃ の環境下で保存しても DNA 型鑑定は可能であったが、1 ヶ月になると 4℃ 以外の条件では型判定困難となる例もみられた。

(5)「いつ頃の DNA」 陳旧試料における DNA 脱アミノ化の測定
体液斑痕からその付着時期を推定する指標として、体液特異的 RNA の発現量などが報告されているが、今回は DNA 損傷の一種である脱アミノ化に着目した。塩基の一種であるシトシンは脱アミノ化によりウラシルに変化する。この変異体が複製されると、アデニンと相補対を形成し、シトシンからチミンへの変異が生じる。生体内ではウラシルの除去による修復が行われるが、遺留資料では変異が修復されずに蓄積すると考えられる。本研究では、先行研究で短期間でのシトシン脱アミノ化が観察された領域のうち 4 領域についてプライマーを設計し、サンガーシークエンスによりシトシンの脱アミノ化について観察した。材料として、血液及び唾液を採取し、室温にて乾燥条件及び湿潤条件で数か月経過させた。定期的にサンプリング・DNA 抽出を行い、配列の変化を比較した。その結果、1 か月経過した血液・唾液ともに、サンガーシークエンスにおける波形上では、塩基の変化を観察することはできなかった。その原因として、短期間では観察可能な変異が生じていない、または、変化量がごく微量であるためサンガーシークエンスでは検出できない、などが考えられた。今後は、より高感度な次世代シークエンサーを用いたり、長期間経過させた資料で引き続き検討を行いたい。

おわりに

本研究期間のうち、令和 4 年度の後半を除く殆どの期間が、われわれがこれまで経験したことのない研究遂行が非常に困難な状況であった。その原因は新型コロナウイルス感染防止のための緊急事態宣言などの行動制限によるものであった。幸い、本研究計画に携わる人たちに感染などの健康被害はなかったが、令和 2 年度では、大学は一時期、学部学生だけでなく、大学院生や教員でさえも登学を制限しており、全く研究活動ができない時期も 2 ヶ月ほどあった。その後、研究活動の制限は幾分解除されたが、2、3 ヶ月毎におこるパンデミックの度に制限が厳しくなり、まとまった時間をかけて実験研究をすることは不可能に近かった。このため DNA 混合資料解析における「誰の」DNA がどの程度含まれているという根源的な課題の解決においては資料の実験研究を最小限に絞り、コンピュータシミュレーションやプログラム改良など在宅でも可能な部分を増やしたのである程度の成果が得られた。しかし、体液実験や陳旧資料実験の研究は、病院の検体採取や回収が定期的に不可能であった。令和 3 年度はさらに感染者数が増えてしまい、まん延防止等重点措置が長期間継続された。家族に濃厚接触者が出ると登学を制限されるなど、残念ながら研究環境は改善されなかった。このため、「何の」DNA であるか試料の由来が推定できる方法の研究においては資料の実験研究を最小限に絞った。したがって、研究成果も当初の研究計画から予想されるものと異なったのは残念であるが、本研究の中心的役割を担った修士大学院生は令和 4 年度に全て無事修了となり、それぞれの進路に向けて巣立ってくれたことは幸いであった。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計7件（うち査読付論文 7件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 4件）

1. 著者名 Chu Ming-Chieh, Morimoto Chie, Kawai Chihiro, Miyao Masashi, Tamaki Keiji	4. 巻 60
2. 論文標題 Effects of DNA degradation and genotype imputation on high-density SNP microarray in pairwise kinship analysis	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Legal Medicine	6. 最初と最後の頁 102158 ~ 102158
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.legalmed.2022.102158	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Manabe Sho, Fukagawa Takashi, Fujii Koji, Mizuno Natsuko, Sekiguchi Kazumasa, Akane Atsushi, Tamaki Keiji	4. 巻 54
2. 論文標題 Development and validation of Kongoh ver. 3.0.1: Open-source software for DNA mixture interpretation in the GlobalFiler system based on a quantitative continuous model	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Legal Medicine	6. 最初と最後の頁 101972 ~ 101972
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.legalmed.2021.101972	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Hamano Yuya, Watanabe Ken, Toyomane Kochi, Morimoto Chie, Tamaki Keiji, Akutsu Tomoko	4. 巻 27
2. 論文標題 Validation study of Bekaert's age estimation model based on DNA methylation rate and development of novel models using Japanese blood samples	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Japanese Journal of Forensic Science and Technology	6. 最初と最後の頁 27 ~ 38
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3408/jafst.820	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Manabe Sho, Fujii Koji, Fukagawa Takashi, Mizuno Natsuko, Sekiguchi Kazumasa, Inoue Kana, Hashiyada Masaki, Akane Atsushi, Tamaki Keiji	4. 巻 52
2. 論文標題 Evaluation of probability distribution models for stutter ratios in the typing system of GlobalFiler and 3500xL Genetic Analyzer	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Legal Medicine	6. 最初と最後の頁 101906 ~ 101906
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.legalmed.2021.101906	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Fujimoto Shuntaro, Hamano Yuya, Ichioka Kentaro, Manabe Sho, Hirai Eriko, Ogawa Osamu, Tamaki Keiji	4. 巻 48
2. 論文標題 Rapid semen identification from mixed body fluids using methylation-sensitive high-resolution melting analysis of the DACT1 gene	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Legal Medicine	6. 最初と最後の頁 101806 ~ 101806
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.legalmed.2020.101806	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Hamano Yuya, Watanabe Ken, Toyomane Kochi, Morimoto Chie, Tamaki Keiji, Akutsu Tomoko	4. 巻 27
2. 論文標題 Validation study of Bekaert's age estimation model based on DNA methylation rate and development of novel models using Japanese blood samples	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Japanese Journal of Forensic Science and Technology	6. 最初と最後の頁 27 ~ 38
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3408/jafst.820	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Manabe Sho, Tamaki Keiji	4. 巻 25
2. 論文標題 DNA mixture interpretation based on the continuous model	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Japanese Journal of Forensic Science and Technology	6. 最初と最後の頁 1 ~ 14
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3408/jafst.r021	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計11件 (うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 玉木敬二, 曲 敏潔, 桜井健祥, 川合千裕, 宮尾 昌, 眞鍋 翔.
2. 発表標題 Incest caseにおける尤度比利用の留意点について.
3. 学会等名 第106次日本法医学会学術全国集会.
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 森本千恵, 眞鍋 翔, 川合千裕, 濱保英樹, 宮尾 昌, 玉木敬二.
2. 発表標題 不完全なSTR型に対応した血縁鑑定ソフトウェアの開発.
3. 学会等名 日本DNA多型学会第31回学術集会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 眞鍋 翔, 深川貴志, 藤井宏治, 水野なつ子, 関口和正, 玉木敬二, 大林将弘, 榎本祐子, 松本智寛, 橋谷田真樹, 赤根 敦
2. 発表標題 GlobalFiler kit に対応した混合試料解析ソフトウェアの検証
3. 学会等名 第105次日本法医学会学術全国集会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 竹森杏梨, 眞鍋翔, 橋谷田真樹, 大内司, 関雪亭(但し左に「女」へんがつく), 舟山真人, 赤根敦
2. 発表標題 74マイクロハプロタイプマーカーを用いた日本人における多型解析
3. 学会等名 日本DNA多型学会第30回学術集会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 桜井健祥, 曲敏潔, 花村天斗, 西岡春, 玉木敬二
2. 発表標題 High Resolution Melt 解析による爪由来DNA のメチル化率を指標とした年齢推定法の検討
3. 学会等名 日本DNA多型学会第30回学術集会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 曲敏潔, 桜井健祥, 花村天斗, 西岡春, 玉木敬二
2. 発表標題 劣化DNA 試料を用いた血縁鑑定における不検出SNPs のインピュテーション効果の検討
3. 学会等名 日本DNA多型学会第30回学術集会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 桜井健祥, 曲 敏潔, 花村天斗, 西岡 春, 川合千裕, 宮尾 昌, 玉木敬二
2. 発表標題 新旧PCRキットによる身元確認のための血縁鑑定結果の分析
3. 学会等名 第68回日本法医学会学術近畿地方集会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 眞鍋 翔, 深川貴志, 藤井宏治, 井上花菜, 水野なつ子, 関口和正, 赤根 敦, 玉木敬二.
2. 発表標題 法医鑑識領域のDNA検査に対応したDNA混合資料解析ソフトウェアの開発.
3. 学会等名 日本DNA多型学会第29回学術集会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 井上花菜, 眞鍋 翔, 桜井健祥, 曲 敏潔, 花村天斗, 川合千裕, 玉木敬二
2. 発表標題 GlobalFiler Kitを用いた 3500 Genetic analyzerにおけるピークの判定閾値の検討.
3. 学会等名 日本法科学技術学会第26回学術集会.
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 大内 司, Guan Xueting, 平井瑛里子, 眞鍋 翔, 大林将弘, 橋谷田真樹, 赤根 敦, 安達 登, 玉木敬二, 舟山真人.
2. 発表標題 Precision ID GlobalFiler NGS STR Panel v2による日本人データベースの構築(第1報).
3. 学会等名 第104次日本法医学会学術全国集会.
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 藤本駿太郎, 眞鍋 翔, 平井瑛里子, 玉木敬二.
2. 発表標題 microRNAを用いた確率的体液識別法の検討.
3. 学会等名 京都大学メディカルイノベーション卓越大学院プログラム 医薬系研究交流サロン.
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

DNA多型の法医学応用と法数学的解釈 http://www.fp.med.kyoto-u.ac.jp/about#re01

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	眞鍋 翔 (Manabe Sho) (00794661)	関西医科大学・医学部・助教 (34417)	

6. 研究組織（つづき）

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	橋谷田 真樹 (Hashiyada Masaki) (40374938)	関西医科大学・医学部・准教授 (34417)	
研究分担者	山田 亮 (Yamada Ryo) (50301106)	京都大学・医学研究科・教授 (14301)	令和4年3月31日付けで退職し、応募資格を喪失

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関