

<<法庭科学DNA证据的解释>>

图书基本信息

书名：<<法庭科学DNA证据的解释>>

13位ISBN编号：9787030283665

10位ISBN编号：703028366X

出版时间：2010-8

出版时间：科学出版社

作者：（亲西兰）巴克尔敦 等著，唐晖，焦章平 等译

页数：429

版权说明：本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介，请支持正版图书。

更多资源请访问：<http://www.tushu007.com>

<<法庭科学DNA证据的解释>>

前言

自1986年DNA检验技术在英国首次应用于刑事案件调查以来，DNA检验技术经历了从多位点DNA指纹图到单位点可变数目串联重复（VNTR）直至今天在法庭科学DNA检验领域广泛使用的短串联重复（STR）三个阶段。

目前DNA检测技术已经成为法医实验室日常采用的支柱技术，DNA证据不仅被公安机关应用于案件侦查阶段，同时也是案件起诉和审理阶段使用的一类重要证据。

但是，在我国无论是从事DNA检验的技术人员，还是使用DNA证据的侦查人员、检察官、律师或法官等，对DNA证据的理解和认识都很不全面。

对于广大DNA证据使用者来说，一部好的参考书无疑可以为他们提供这方面的帮助。

在这种情况下，我们筛选了近年来国际上出版的DNA证据解释方面的书籍，以期找到内容的深度和广度适宜，且与目前国内开展的DNA检验工作密切相关的教材或专著。

本书正好符合我们的要求。

这本书最大的特点是密切联系实际，适应不同人群的需要，包括从事DNA检验技术人员，公安机关、检察机关、法院系统的工作人员，律师以及非专业人士等；内容广泛而系统，使读者阅读后对不同类型的DNA证据能够有全面的了解和认识；图文并茂，应用大量的实例解释晦涩难懂的统计学问题，使得内容易于理解。

这本书将有助于提高我国司法领域对：DNA证据的正确理解程度。

虽然目前国内部分：DNA检测从业人员已经逐渐认识到DNA证据解释的重要性，并开展了对该领域的研究工作，我们仍认为将本书翻译成中文无疑将使更多读者受益，并能对国内DNA证据解释的研究起到一定的推动作用。

本书在翻译和出版过程中，承蒙科学出版社大力支持和帮助，谨此致谢。

由于时间和水平所限，错误和疏漏在所难免，敬请读者批评指正。

<<法庭科学DNA证据的解释>>

内容概要

本疏系统阐述了DNA证据的生物学、群体遗传学、统计学等基础理论；对目前DNA证据涉及的个体识别、亲子鉴定、疑难检材检验、数据库比对等问题进行了分别讨论。

每个章节都附有案例说明、计算公式及公式推导过程。

本书内容丰富、结构合理，既可以作为法官、检察官、律师、公安工作者了解DNA证据相关知识的平台，也可以作为广大DNA工作者进一步深入研究法庭科学DNA证据相关问题的重要参考。

<<法庭科学DNA证据的解释>>

作者简介

作者：（新西兰）约翰·巴克伦敦（John Buckleton）（新西兰）克里斯托弗·M.特里格斯（Christopher.M.Triggs）（澳大利亚）西蒙·J.沃尔什（Simon.J.Walsh）译者：唐晖 焦章平等在土新西兰的奥克兰，John Buckleton是ESR的首席科学家。

他在新西兰、英国和美国等国家的案例工作和作证方面拥有超过20年的经验，他曾经在法医工作领域受雇于许多政府机构。

Buckleton博士在法医学领域拥有的合著出版物超过100种，是一个多产的科学家，他还拥有4项专利，并曾经在英国、美国、澳大利亚、新西兰和亚洲国家教授DNA培训课程。

他曾经在全球做过大量演讲，同时也获得过大量奖项。

Christophe.M.Triggs是新西兰奥克兰大学统计学系的教授。

他从业23年，是一位令人尊敬的统计学家，自从20世纪80年代开始就专攻法医统计学。

Triggs博士在许多科学领域都有建树，发表的论文数量超过100篇，拥有三项专利。

他的研究兴趣包括群体遗传学以及统计方法在许多科学领域特别是法医科学领域的应用。

在澳大利亚，他在这些主题上做过大量报告，并经常在法医学领域被邀请作仲裁者，他还是两个主要的法医组织的顾问。

Simon J.Walsh是澳大利亚悉尼技术大学法医生物学中心讲师。

在加盟该大学之前，作为一个实验法医学家，他在澳大利亚和新西兰的法医学实验室工作了8年。

Simon发行过的出版物超过15种并因此而享有盛誉。

他的研究兴趣包括DNA数据库的使用、非常染色体DNA遗传标记、法医统计学、群体遗传学以及基于数据库的法医案件数据的使用。

当前他的博士研究课题集中在评估法医DNA检测技术对刑事司法系统的作用和影响上。

<<法庭科学DNA证据的解释>>

书籍目录

译者序前言致谢作者简介贡献者1 DNA证据的生物学基础 1.1 历史和生物学背景 1.2 理解STR图谱 1.3 小结2 证据解释 2.1 频率论法 2.2 逻辑法 2.3 贝叶斯充分判决方法 2.4 可能的解决方案 2.5 不同方法之间的比较 2.6 法庭上的证据解释 2.7 小结3 群体遗传学模型 3.1 引言 3.2 乘积法则 3.3 模拟真测试 3.4 乘积法则和子种群模型的讨论 3.5 一个复杂的案例——DNA证据和Orenthal James Simpson4 相关性 4.1 引言 4.2 条件概率 4.3 联合概率 4.4 统一公式5 数据库验证 5.1 引言 5.2 哪种种群才是相关性种群 5.3 种群数据库 5.4 种群基因模型的验证 5.5 参数 θ 的评估 5.6 梯皮特测试 5.7 数据库的描述性统计 附录6 抽样效果 6.1 引言 6.2 边界和 α -Levels 6.3 采样不确定性的评估方法 6.4 最小等位基因概率 6.5 采样不确定性估计方法的适用性讨论——Buckleton7 混合物 7.1 引言 7.2 频率论方法 7.3 贝叶斯方法 7.4 混合物的统计评估8 低拷贝数 8.1 引言 8.2 LCN图谱形态学改变 8.3 LCN基因图谱的解释9 非常染色体法医学标记 9.1 引言 9.2 法医学线粒体DNA的鉴定 9.3 Y染色体的法医学分析 9.4 X染色体的法医学分析 9.5 一个著名的案例——罗曼诺夫王朝10 亲权鉴定 10.1 引言 10.2 证据的评估 10.3 非常染色体DNA标记 10.4 子种群模型的应用 10.5 父权关系案件中的相关性 10.6 多个孩子 10.7 基因突变 10.8 孟德尔遗传模式中的不一致性 10.9 “排除”(exclusions) 11 灾难遇难者鉴别、失踪人员鉴别以及移民案例 11.1 引言 11.2 线粒体DNA或者细胞核DNA 11.3 人类遗骸——从尸体遗骸获得基因图谱 11.4 比较 11.5 复杂因素 11.6 大型灾难12 DNA博报数据库 12.1 简史 12.2 功能性层面 12.3 立法 12.4 法医学重要性层面 12.5 社会和伦理考虑 12.6 对与数据库有关的问题进行解释 12.7 小结词汇表参考文献

<<法庭科学DNA证据的解释>>

章节摘录

插图：

<<法庭科学DNA证据的解释>>

编辑推荐

《法庭科学DNA证据的解释》由科学出版社出版的。

<<法庭科学DNA证据的解释>>

版权说明

本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介，请支持正版图书。

更多资源请访问:<http://www.tushu007.com>