

## 法医生物斑迹留存时间推断的研究进展

赵星天<sup>1</sup> 综述 姚军<sup>2</sup> 审校

(<sup>1</sup>中国医科大学第二临床学院;<sup>2</sup>中国医科大学法医学院,沈阳 110122)

**摘要** 生物斑迹在法医学、生态学、考古学等领域的应用广泛,且法医生物斑迹中蕴含着丰富的犯罪信息。在犯罪现场调查中,准确推断生物斑迹的留存时间对排查犯罪嫌疑人、缩小侦查范围至关重要,对执法机构起诉犯罪行为具有重要价值,已成为现代法医学中的一个热点课题。斑迹的留存时间受多种因素影响,包括环境条件、生物斑迹的类型、外部污染物等。既往研究主要集中在 DNA 降解机制的探索、不同生物体斑迹的保留特性以及各种物理化学方法的应用上。随着分子生物学、化学分析技术的进步,尽管生物斑迹留存时间的推断已越来越精准,取得了很多成果,但这些方法尚未成为标准程序的一部分,也没有统一的分析方法。对目前研究在提高推断准确性方面的成果进行总结、分析挑战并对未来研究方法提出展望将有助于其在司法实践中更好地应用。

**关键词** 法医学;生物斑迹;留存时间;案件分析;司法鉴定

中图分类号:R89 文献标识码:B 文章编号:1000-9760(2025)08-364-05

### Research advances in estimating the deposition time of forensic biological stains

ZHAO Xingtian<sup>1</sup>, YAO Jun<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>The Second Clinical School, <sup>2</sup>School of Forensic Medicine, China Medical University, Shenyang 110122, China)

**Abstract:** Biological traces stains are increasingly applied in fields such as forensic science, ecology, and archaeology. Biological stains in forensic medicine contain rich criminal information. In criminal scene investigations, accurately determining the persistence time of biological stains is crucial for investigating and identifying the suspect, and narrowing down investigation scopes. It has significant value for law enforcement agencies in prosecuting criminal behavior. And that makes it a key topic in modern forensic medicine. The time since deposition of biological traces is influenced by various factors, including environmental conditions (such as temperature, humidity and light), the type of biological stains, and external contaminants. Past research has mainly focused on exploring DNA degradation mechanisms, the retention characteristics of traces from different organisms, and the application of various physicochemical methods. With advancements in molecular biology and chemical analysis techniques, although the inference of the persistence time has become increasingly accurate and many achievements have been made, these methods have remain absent from standard protocols and lack a unified analytical methodology. Summarizing and analyzing the current research achievements in improving the accuracy of inference, while addressing the challenges, and providing prospects for future research methods, will help enhance their application in judicial practice.

**Keywords:** Forensic medicine; Biological stains; Persistence time; Case analysis; Judicial identification

生物斑迹(biological stains)是指在犯罪现场、事故现场

或法医学鉴定中经常被发现并用于推断事发时间、经过的生物源性痕迹,如血液(斑)、唾液(斑)、汗液(斑)、精液(斑)、尿液(斑)和阴道分泌物等样本。生物斑迹留存时间(time since deposition, TsD)推断是法医学中一项极具技术挑战性和实践意义的研究内容。首先,它有助于重构案件时间线,还原案件发生顺序,锁定关键事实。其次,它可以关联嫌疑人与现场。再次,它能辅助分析案件性质,判断是否为第一现场。最后,它还可以增加证据链的完整性,与

[基金项目]2025 年中国医科大学大学生创新创业训练计划(X202510159059);2024 年宁夏回族自治区重点研发计划项目(2024BEG03013);中国刑事警察学院重点攻关项目(D2025003)

[通信作者]姚军, E-mail: yaojun198717@163.com

DNA 检测、致伤物判定等共同组成完整的证据链,为法医学鉴定提供科学依据。

对于案件的调查、侦破和诉讼过程,准确推断生物斑迹的 TsD 具有重要意义<sup>[1]</sup>。本综述旨在总结当前关于生物斑迹留存时间推断的研究进展,探讨现有的研究方法及其挑战,并展望未来的发展方向。

## 1 生物斑迹 TsD 推断

在进行生物斑迹 TsD 推断之前,准确识别体液种类至关重要<sup>[2]</sup>。这是因为不同体液的微生物组成存在差异,并且随着个体遗传和生活方式的变化而变化,这些差异可以用于确定体液的来源、推断出血部位、个体识别以及 TsD 的判定。

### 1.1 唾液斑 TsD 的推断

使用 16S rRNA 基因分型和高通量筛选 (high throughput screening, HTS) 技术对 20 d 内的唾液斑进行分析,在不同时间点之间可观察到微生物组成的显著差异,通过测序结果可识别 TsD 依赖的细菌指标,并回归出一个广义随机森林模型,平均绝对偏差 (mean absolute deviation, MAD) 为 1.41 d<sup>[1]</sup>。通过定量 PCR 开发的简化 TsD 预测模型, MAD 为 1.32 d。通过使用模拟样本进行法医实践评估, MAD 为 3.53 d。基于 PacBio 测序平台的单分子实时测序技术对 140 d 内的唾液斑样本进行 16S rRNA 全长测序,可识别出与 TsD 相关的细菌属作为 TsD 依赖性标记物,最终可构建一个新的简化 TsD 模型<sup>[3]</sup>。该模型性能通过人工唾液斑进行评估,包括烟蒂、一次性杯子和人体胸部皮肤上的唾液斑,效果良好<sup>[3]</sup>。Jin 等<sup>[4]</sup>通过 16S rRNA 测序 (V3-V4 区域) 研究唾液样本中微生物组成的时间变化,发现 4 个细菌属 (*Brucella*, *Prevotella*, *Pseudomonas* 和 *Fusobacterium*) 显示出良好的时间依赖性。以上实验均显示出分子生物学技术和微生物组学技术在生物斑迹 TsD 推断方面的应用潜力。

将唾液斑暴露于室内环境长达 1 年,在室内和室外环境中的不同载体 (棉、无菌吸收棉签、羊毛、涤纶) 上暴露 1 个月,使用高通量测序进行分析,可发现唾液微生物群落,特别是与微生物污染相关的链球菌 (*Streptococcus*),在短时间内保持稳定<sup>[5]</sup>。但长时间暴露后,由于环境细菌如假单胞菌 (*Pseudomonas*) 和无色杆菌 (*Achromobacter*) 的侵入,导致显著差异。说明室外环境中唾液微生物群落的组成受到随机过程的显著影响。可见,测序技术的进步使得分析整个微生物群落成为可能,并极大促进了法医微生物学的发展<sup>[6]</sup>。目前微生物群落检测已成为生物斑迹 TsD 判定的主流。

### 1.2 血斑 TsD 的推断

**1.2.1 化学分析技术推断血斑 TsD** 基于液相色谱-质谱的蛋白质组学方法,研究干燥血迹蛋白质组的时间和储存依赖性变化,可确定血迹的 TsD<sup>[7]</sup>。在多变量分析中,样本在主成分分析和偏最小二乘判别分析中显示出明显的聚

类。该实验证实了某些肽和氨基酸修饰在 TsD 中的适用性。杨志超等<sup>[8]</sup>对指尖血液样本进行拉曼光谱分析,探测血液样本中的成分变化并建立了基于拉曼光谱数据的模型,显示出化学分析适合于血斑 TsD 推断。

**1.2.2 分子生物学检验技术推断血斑 TsD** Wei 等<sup>[9]</sup>研究了 6 种血特异性 mRNA 标记物 (GYPA、CD93、ALAS2、SPTB、HBB、HBA)、3 种在人外周血中高表达的 circRNAs (hsa\_circ\_0001445、hsa\_circ\_0000972、hsa\_circ\_0000095) 以及 3 个参考基因 (18 S、ACTB 和 U6) 在多个沉积时间点的表达水平。circRNAs 和 mRNAs 显示出独特的降解特性,在整个 4 个月的储存间隔期间持续线性降解,而 U6 比其他参考基因标记更稳定。利用 mRNA 在干燥血迹中的降解来判定血迹的 TsD,可观察到 mRNA 转录本的 5' 端比 3' 端降解得更快,这一差异性降解模式可以通过定量 PCR 分析来检测<sup>[10]</sup>。使用 Snakemake 工作流程 dna-seq-gatk-variant-calling 对 120 d 内血液样本进行全基因组测序,可识别新鲜样本与陈旧样本之间变化的点<sup>[11]</sup>,大多数变化发生在鸟嘌呤和胞嘧啶处,可能是脱嘌呤通过水解攻击消耗鸟嘌呤,而脱氨基导致胞嘧啶到胸腺嘧啶的变异,这些变化的点可以提供适合判定短期 TsD 的候选标记。

郭顺天等<sup>[12]</sup>通过 geNorm 和 NormFinder 算法对 14 个候选内参基因进行稳定性评估,定量 PCR 检测显示 miRNA 在血迹离体后 90 d 内表现出较强的稳定性;多基因组合内参方案的三次方程模型能更准确推断血液斑迹的离体时间。在进一步的研究中<sup>[13]</sup>,又以 let-7g-5p 作为内参基因,利用 RT-PCR 技术检测血痕 RNA 生物标志物的相对表达丰度,确认 PPIA、ACTB、GAPDH、ALAS2、B2M、HBA、18S rRNA 和 HBB 这 8 个 RNA 生物标志物与血痕形成时间具有相关性。张瑾等<sup>[14]</sup>证实了 0~168 d 内离体血液样本转录组变化的时间相关性,并进一步证实相同离体时间段内,不同吸烟习惯和不同性别供体来源的血液样本转录本具有显著差异,提示某些转录本可以作为供体吸烟习惯的判别标志。Zhang 等<sup>[15]</sup>调查了血液转录组随时间的变化,发现在 4℃ 条件下血迹的降解可以分为 4 个阶段:0~2 d、4~14 d、21~56 d 和 84~168 d,该方法具有非常高的准确率。

**1.2.3 物理分析技术推断血斑 TsD** 将被动滴落的血迹样本存储在微量离心管或 FTA 卡片上,将 DNA 浓度和血红蛋白可见吸收度指标通过主成分分析整合到一个模型中,并考虑供体的随机效应、存储方法和温度对模型的影响,可发现温度对于 FTA 卡片和微量离心管样本的响应变量有不同的对应关系,表明载体具有特定效应<sup>[16]</sup>。Giroux 等<sup>[17]</sup>分析了 15 mL 干燥血迹表面和内部形态的差别。进一步研究了各层之间的差异。扫描电镜显示表面和内部的形态不同,表明细胞沉降依赖于密度;X 射线光电子能谱揭示出铁元素不在血迹表面而在红细胞沉积的内部,且铁的氧化态从 Fe<sup>2+</sup> 转变为 Fe<sup>3+</sup>,符合血红蛋白体外降解的预期。在血-空气界面,随着时间的推移,酰胺皂化发生,血斑表面包含

更多的核酸、脂质和糖蛋白,而内部主要由蛋白质组成。Elliott 等<sup>[18]</sup>通过荧光光谱技术分析了长达 23 个月的血迹洗脱液,发现色氨酸的荧光随时间减少,Boruta 特征选择与随机森林回归结合的模型判定 TsD 表现最佳。所以我们可以将 TsD 评估整合到常规法医 DNA 分析中。

**1.2.4 其他检验技术推断血斑 TsD** Vale 等<sup>[19]</sup>使用非破坏性光学轮廓测量法来分析不同体积(4、11 和 20  $\mu\text{L}$ )血迹在沉积后 4 周内的表面形态变化,分析了 6 种表面特征,包括表面平均粗糙度、峰度、偏斜度、最大高度、裂纹和凹坑的数量以及从血迹中获得的形态扫描的高度分布,发现表面特性的大部分变化发生在血迹沉积后的前 35 min 内。Li 等<sup>[20]</sup>提出了一个基于深度学习的实用方法(BloodNet),用于从宏观视角进行高效、准确和无成本的血迹沉积时间的推理。Li 等<sup>[20]</sup>建立了一个包含约 50 000 张不同 TsD 血迹照片的基准数据库,采用注意力机制,从相对高分辨率的输入图像中学习局部细节特征,这些特征在不同 TsD 时期之间具有很高的辨别力。BloodNet 显著优于一般深度网络架构和现有的 TsD 推理方法。Li 等还使用拉曼光谱数据和基于贝叶斯优化的机器学习方法进行了微观分析。尽管这种新的微观水平方法在技术上大大优于现有技术,但其推理准确率明显低于 BloodNet。与传统的基于显微镜的方法相比,BloodNet 不依赖于高端仪器和严格实验室条件,具有更高的实用性和便捷性,在实际法医鉴定等场景中可大大提高工作效率和准确性,进一步证明了深度学习技术在具有挑战性的血迹 TsD 推理任务中的有效性,为法医生物信息学领域提供了新的研究方向。

### 1.3 精斑 TsD 的推断

Schneider 等<sup>[21]</sup>使用液相色谱-高分辨率质谱技术对体液斑点(血液、精液、唾液和尿液)进行了代谢组分析,提出了基于分子特征的定性和定量评估的 TsD 分类策略,其中二肽苯丙氨酸-丙氨酸是 TsD 预测的有前景的候选物。

将精液样本滴到 5 种不同的织物材料上,可模拟犯罪现场的真实精液痕迹<sup>[22]</sup>。通过在 17 个不同的时间点获取衰减全反射傅里叶变换红外光谱测量数据,判定精液痕迹的 TsD。取得了高  $R^2$  值和低均方根误差,表明这些模型在区分不同织物上的精液痕迹和估计精液痕迹 TsD 方面具有较高的准确性和可用性,可以根据时间依赖的光谱变化对不同织物类型的精液痕迹进行 TsD 评估,判定的时间范围可达到 8 周。

利用猪阴道模拟尸体内部环境,取新鲜精液分别留存于体内外,可观察 0 至 168 h 内精液的变化;应用傅里叶变换红外光谱技术和化学计量学方法可鉴定尸体内外精液(斑)的 TsD,说明傅里叶变换红外光谱技术检测精斑 TsD 的准确性不仅取决于仪器性能,还与样品处理、光谱采集参数、环境条件等因素有关<sup>[23]</sup>。

### 1.4 其他生物斑迹 TsD 的推断

将血液、月经血、唾液、精液和阴道分泌物样本暴露在

室内(黑暗、室温)和室外(暴露于阳光、风等但不受雨水影响)条件下,在长达 1.5 年的陈旧样本中能够检测到 RNA 降解模式<sup>[24]</sup>。室内样本在 6 个月显示 RNA 完整性的显著下降,而室外样本难以解释,因此被排除在部分分析之外。在 4 周的时间里,室内样本显示出比室外样本更稳定、降解更少的转录本,更容易判定。Ye 等<sup>[25]</sup>使用高通量测序技术对暴露 30 d 和 240 d 的阴道液样本进行了分析,发现即使在长期暴露后可能受到环境微生物的污染,阴道微生物群仍然以乳酸菌属(Lactobacillus)为主导;每种体液都有独特的主导细菌属,能够以 98.75% 的准确率区分暴露的阴道液样本和其他体液(精液、唾液、粪便)。

利用荧光光谱法分析外周血和月经血在沉积后 24 h 的荧光特性变化,可发现在沉积后的前 9 h 内稳态荧光光谱会发生显著变化,这些变化可能涉及色氨酸、烟酰胺腺嘌呤二核苷酸和黄素等荧光团的动力学转变<sup>[26]</sup>。Weber 等<sup>[27]</sup>进一步检测了月经血迹的拉曼光谱,通过检测血红蛋白的变化来分析月经血的 TsD。血红蛋白在体外会经历从氧合血红蛋白到高铁血红蛋白再到血红素的转变,这些变化可以通过光谱方法检测到。月经血迹的荧光背景随时间的增加比外周血迹更为显著,这表明月经血迹和外周血迹的老化过程存在生化组成上的差异。预处理后的拉曼光谱与外周血相似但某些峰值相对强度不同。

生物斑迹 TsD 推断常用方法的比较见表 1。实际应用中,常需结合多种技术交叉验证,以降低单一方法的局限性,提高生物斑迹 TsD 推断的可靠性。

## 2 生物斑迹 TsD 判定的影响因素

生物斑迹的特点主要体现在其化学成分和衰变速率的差异,不同类型的生物斑迹对环境条件的敏感性各异。生物斑迹的 TsD 判定受多种因素的影响<sup>[15]</sup>,主要包括:1) 环境温度与湿度。温度和湿度是影响生物斑迹降解速率的两个关键因素,其影响结果是协同且非线性的。高温和高湿环境通常会加速斑迹中有机物的分解。相反,低温和干燥环境则有助于延缓降解过程。实际法医鉴定中,需结合具体环境参数和斑迹类型,通过实验数据或模型(如 BloodNet 等)综合推断降解程度。2) 阳光照射。阳光中的紫外线对生物斑迹的降解有直接作用。紫外线能够破坏斑迹中的有机分子,导致其颜色、结构和组成发生变化。因此,斑迹暴露于阳光下的时间越长,其降解程度越高。3) 微生物作用。微生物,尤其是细菌和真菌,在生物斑迹的降解过程中起到重要作用。血迹、汗渍等斑迹中的有机物质常常成为微生物的营养来源,微生物的活动加速了斑迹的腐败和降解。4) 生物成分的化学稳定性。不同生物斑迹化学成分稳定性的差异,导致它们的降解速度不同。例如,血液中的血红蛋白、酶等物质较易分解,而汗液中的盐类成分则相对稳定。5) 外部污染物的影响。污染物的介入会影响到生物斑迹的很多参数进而影响 TsD 的判定,比如氧化剂的存在也会加

表 1 生物斑迹 TsD 推断常用方法的比较

方法类别	优势	缺点	适用情形
化学分析技术	操作相对简便、检测速度快,对设备要求较低,成本可控	易受环境因素影响,稳定性较差;特异性较低,可能与其他物质产生交叉反应	短时间留存(数小时至数天)的生物斑迹 TsD 推断
分子生物学检验技术	特异性高,可直接提示生物斑迹的生物学来源;稳定性较强	操作复杂,耗时较长;对样本保存条件要求高,极端环境可能导致核酸快速降解,影响结果准确性	较长时间(数周至数月)的推断,尤其适合于需要同时进行个体识别的案件
物理分析技术	非破坏性检测,可保留样本用于后续其他检验;对新鲜斑迹(数小时内)的推断精度较高	受环境因素影响显著(如湿度);仅能反映表面物理状态,难以推断较长时间(超过数天)的留存情况	现场快速判断斑迹新鲜程度,或短时间内(数小时至数天)的形态学时间推断
微生物组学技术	环境适应性强,微生物演替相对稳定	检测周期长、成本高,需高通量测序平台;微生物群落可能受现场原始微生物种类影响,不同环境的演替模式存在差异,标准化难度大	中长时间(数天至数月)的斑迹推断,尤其适用于复杂环境下的样本

速生物斑迹的降解过程。6)载体材料的影响。载体材料会通过影响生物斑迹的水分保持、氧气接触、微生物繁殖等条件,间接改变其降解速率,进而对 TsD 推断产生显著影响。

### 3 生物斑迹 TsD 推断研究的挑战与展望

尽管生物斑迹 TsD 推断技术已经取得了不少进展,但仍然面临一些挑战:1)环境因素的复杂性。不同环境条件下,生物斑迹的降解速率可能会受到多种因素的共同作用,这使得推断 TsD 变得复杂。目前的研究仍难以覆盖所有环境条件。2)数据的多样性。生物斑迹的种类繁多,每种斑迹的降解过程都有独特之处,这要求研究人员必须结合多种技术手段进行综合分析。3)个体差异和同一个体的不同状态也会影响到生物斑迹 TsD 的推断,建议具体到个案应结合实际情况综合考虑。4)标准化的缺乏。目前,生物斑迹 TsD 的推断尚未形成统一的标准,缺乏对不同类斑迹的规范化研究。尽管各种技术方法不断取得进展,但缺乏统一的标准和规范,导致不同研究结果间的可比性差。5)数据量的不足。尽管现代技术能够提供较为精准的分析,但在实际应用中,关于生物斑迹降解过程的大规模数据仍然稀缺,需要研究更多的样本和更密集的时间点。未来,随着大数据和人工智能技术的迅猛发展,基于机器学习的推断方法将逐渐被应用于生物斑迹 TsD 的研究。从数据采集、模型构建到验证应用形成闭环,构建“降解标志物”数据库,借助光谱技术和色谱-质谱联用,识别降解过程中产生的特征小分子(如卟啉衍生物、氨基酸代谢物),建立“时间-化学信号”关联曲线。搭建多因素耦合的预测模型,整合多源数据,通过训练算法对不同环境条件下斑迹的降解特征进行分析,机器学习模型可以识别出潜在的降解模式,并进行更为精准的 TsD 预测。随着分析技术的进步以及数据模型的完善,生物斑迹 TsD 推断将变得更加精准和可靠。多学科融合能突破单一学科的局限,最终实现从“经验推

断”到“数据驱动”的精准化,进一步提高推断的准确性和可操作性,为法医鉴定提供更可靠的时间线索,从而更好地服务于司法鉴定和犯罪侦查工作。

利益冲突:所有作者均申明不存在利益冲突。

### 参考文献:

- [1] Wang J, Cheng X, Zhang J, et al. Estimating the time since deposition (TsD) in saliva stains using temporal changes in microbial markers[J]. *Forensic Sci Int Genet*, 2022, 60: 102747. DOI: 10.1016/j.fsigen. 2022. 102747.
- [2] Zhang J, Yu D, Wang T, et al. Body fluids should be identified before estimating the time since deposition (TsD) in microbiome-based stain analyses for forensics[J]. *Microbiol Spectr*, 2024, 12(4): e0248023. DOI: 10.1128/spectrum. 02480-23.
- [3] Dou S, Ma G, Liang Y, et al. Construction of the time since deposition (TsD) model in saliva stains with 16S rRNA full-length sequencing technology and microbial markers[J]. *Int J Legal Med*, 2025, 139(3): 1019-1030. DOI: 10.1007/s00414-024-03383-0.
- [4] Jin X, Tian S, Zhang H, et al. Succession changes of microbial community for inferring the time since deposition of saliva[J]. *Electrophoresis*, 2024, 45(17-18): 1644-1653. DOI: 10.1002/elps. 202300267.
- [5] Huang L, Liang X, Xiao G, et al. Response of salivary microbiome to temporal, environmental, and surface characteristics under in vitro exposure[J]. *Forensic Sci Int Genet*, 2024, 70: 103020. DOI: 10.1016/j.fsigen. 2024. 103020.
- [6] 宁浩冉, 代昌海, 种法国, 等. 不同 16S rRNA 引物在溺死组织气单胞菌检测中的性能评估[J]. *济宁医学院学报*, 2025, 48(1): 8-11. DOI: 10.3969/j.issn.1000-9760. 2025. 01. 002.
- [7] Schneider TD, Roschitzki B, Grossmann J, et al. Determination of the time since deposition of blood traces utilizing a liquid chromatography-mass spectrometry-based proteomics approach[J]. *Anal Chem*, 2022, 94(30): 10695-10704. DOI: 10.1021/acs.anal-

- chem. 2c01009.
- [8] 杨志超,赵森,蔡竞,等.基于拉曼光谱的血液遗留时间与模型预测[J].中国法医学杂志,2022,37(1):61-64. DOI: 10.13618/j.issn.1001-5728.2022.01.013.
- [9] Wei Y, Wang J, Wang Q, et al. The estimation of bloodstain age utilizing circRNAs and mRNAs biomarkers[J]. *Forensic Sci Int*, 2022, 338:111408. DOI:10.1016/j.forsciint.2022.111408.
- [10] Hånggi NV, Blekø, Haas C, et al. Quantitative PCR analysis of bloodstains of different ages [J]. *Forensic Sci Int*, 2023, 350: 111785. DOI:10.1016/j.forsciint.2023.111785.
- [11] Schulze Johann K, Bauer H, Wiegand P, et al. Whole-genome sequencing of artificial single-nucleotide variants induced by DNA degradation in biological crime scene traces[J]. *Int J Legal Med*, 2023, 137(1):33-45. DOI:10.1007/s00414-022-02911-0.
- [12] 郭顺天,郑刘霞,孙启凡,等.不同种类 RNA 作为 TSD 推断内参基因的研究筛选和评估[J].中国法医学杂志,2023,38(4):413-419,424. DOI:10.13618/j.issn.1001-5728.2023.04.015.
- [13] 郭顺天,郑刘霞,孙启凡,等.基于 RNA 生物标志物的血痕形成时间推断模型构建与验证[J].中国法医学杂志,2023,38(5):530-536. DOI:10.13618/j.issn.1001-5728.2023.05.009.
- [14] 张瑾,刘开会,张颖,等.转录组分析在血液样本时间和供体特征刻画中的应用研究[J].遗传,2023,45(1):52-66. DOI:10.16288/j.ycz.22-293.
- [15] Zhang J, Liu K, Wang R, et al. Transcriptomic changes and prediction of time since deposition of blood stains [J]. *Forensic Sci Int*, 2024, 355:111930. DOI:10.1016/j.forsciint.2024.111930.
- [16] Cossette ML, Stotesbury T, Shafer A. Quantifying visible absorbance changes and DNA degradation in aging bloodstains under extreme temperatures [J]. *Forensic Sci Int*, 2021, 318: 110627. DOI:10.1016/j.forsciint.2020.110627.
- [17] Giroux E, Ebralidze II, Stotesbury TE. Elemental and molecular characterization of degrading blood pools [J]. *Analyst*, 2023, 148(18):4300-4309. DOI:10.1039/d3an01094e.
- [18] Elliott CI, Simmons D, Stotesbury T. Integrating time since deposition estimation of bloodstains into a DNA profiling workflow: A novel approach using fluorescence spectroscopy [J]. *Talanta*, 2025, 284:127234. DOI:10.1016/j.talanta.2024.127234.
- [19] Vale B, Orr A, Elliott C, et al. Optical profilometry for forensic bloodstain imaging [J]. *Microsc Res Tech*, 2023, 86(10):1401-1408. DOI:10.1002/jemt.24338
- [20] Li H, Shen C, Wang G, et al. BloodNet: an attention-based deep network for accurate, efficient, and costless bloodstain time since deposition inference [J]. *Brief Bioinform*, 2023, 24(1):bbac557.
- [21] Schneider TD, Kraemer T, Steuer AE. Untargeted metabolomics profiling for determination of the time since deposition of biofluids in a forensic context: a proof-of-concept for urine, saliva, and semen in addition to blood [J]. *Anal Chem*, 2023, 95(45):16575-16584. DOI:10.1021/acs.analchem.3c02707.
- [22] Wei X, Yu K, Wu D, et al. Species identification of semen stains by ATR-FTIR spectroscopy [J]. *Int J Legal Med*, 2021, 135(1):73-80. DOI:10.1007/s00414-020-02367-0.
- [23] 狄谱旭,李旭鹏,张润,等.应用 FTIR 技术对尸体内外精液留存时间的研究[J].中国法医学杂志,2023,38(6):677-682. DOI:10.13618/j.issn.1001-5728.2023.06.014.
- [24] Salzman AP, Arora N, Russo G, et al. Assessing time dependent changes in microbial composition of biological crime scene traces using microbial RNA markers [J]. *Forensic Sci Int Genet*, 2021, 53:102537. DOI:10.1016/j.fsigen.2021.102537.
- [25] Ye L, Liao L, Lan J, et al. Temporal dynamics changes in the vaginal fluid microbiome: Implications for body fluid identification and estimating time since deposition (TsD) for forensics [J]. *Forensic Sci Int*, 2024, 364: 112219. DOI:10.1016/j.forsciint.2024.112219.
- [26] Weber A, Wójtowicz A, Lednev IK. Post deposition aging of bloodstains probed by steady-state fluorescence spectroscopy [J]. *J Photochem Photobiol B*, 2021, 221: 112251. DOI:10.1016/j.jphotobiol.2021.112251.
- [27] Weber A, Wójtowicz A, Wietecha-Postuszny R, et al. Raman spectroscopy for the time since deposition estimation of a menstrual bloodstain [J]. *Sensors (Basel)*, 2024, 24(11):3262. DOI:10.3390/s24113262.

(收稿日期 2025-02-21)

(本文编辑:石俊强)