

# 盜伐案中的 臺灣檜木DNA鑑定

撰文 | 黃群智  
( 臺灣大學森林環境暨資源學系博士生 )

洪瑜梅

( 法務部調查局鑑識科學處研究助理 )

涂裕青

( 法務部調查局鑑識科學處研究助理 )

趙齊相

( 法務部調查局簡任督察 )

文圖 | 陳啟聰

( 法務部調查局鑑識科學處調查專員 / 通訊作者 )

## 科學偵辦 刻不容緩

臺灣檜木是臺灣扁柏 [*Chamaecyparis obtusa* var. *formosana* (Hayata) Rheder] 與紅檜 (*Chamaecyparis formosensis* Matsum.) 之合稱，兩者均為臺灣特有樹種，分布於中高海拔雲霧區針闊葉混交林帶。其材質堅硬、樹瘤奇特、散發特殊香味，深受民眾喜愛，是極珍貴之木材，列入臺灣針五木（臺灣扁柏、紅檜、臺灣杉、香杉、肖楠）之首。

臺灣伐木業的全盛時期在19世紀末至20世紀中，檜木外銷成為重要的經濟命脈。隨著經濟水平提升及環保意識抬頭，政府自1992年起全面禁伐天然林，但是國人對檜木的喜愛並未減弱，仍有層出不窮的盜

伐事件。近年來，甚至有許多失聯移工加入「山老鼠」集團，使山林保育工作面臨更大的挑戰。查緝單位雖時有破獲盜伐案件，由於缺乏相關鑑定技術，法庭舉證不易，無法達到有效嚇阻。

臺灣宜蘭地方檢察署於2013年破獲森林警察勾結山老鼠集團盜伐檜木案件，時任檢察長的呂文忠先生（現任調查局局長）深感科技辦案的重要性，遂提請法務部調查局鑑識科學處開始臺灣檜木DNA鑑定的技術研發。

## 扁柏屬樹種的地理分布及演化

全球扁柏屬 (*Chamaecyparis* Spach) 樹木，共細分為六個物種以及柏科拿加遜



全球扁柏屬樹木遷移演化的可能路徑 (Wang et al., 2003; Little, 2006)

扁柏：分布在臺灣[臺灣扁柏與紅檜]；日本 [花柏 *C. pisifera* (Siebold & Zucc.) Endl.與日本扁柏*C. obtusa*]；北美洲東部 [尖葉扁柏*C. thyoides* (L.) Britten, Stern & Poggenb.]、西部 [羅生氏扁柏*C. lawsoniana* (A. Murray) Parl.] 等溼冷、多雨的氣候區 (Li et al., 2003；Wang et al., 2003, Liu et al., 2009；Liao et al., 2010)，此不連續地理分布是研究北半球植物地理學最重要的議題。

化石證據顯示，扁柏屬植物在古新世 (Paleogene, 約5,600~6,550萬年前) 廣泛分布於北半球高緯度地帶，是第三紀潮濕富饒的北方森林主要成員。生物地理分子親緣研究顯示 (如圖所示，箭頭方向表示遷移演化的可能路徑)，其共同祖先可

能原本分布在北美地區，有部分族群逐漸往西北方向擴張，隨著冰河時期的來臨，海平面下降，海底裸露後形成陸橋，有部分族群越過陸橋往亞洲地區移動，再南下遷移至日本、臺灣等地區，後來地球暖化、冰河消退，海平面上升，日本、臺灣成為島嶼，於是島上的扁柏屬植物繼續往高山遷移，逐漸演化成現今的樣貌，其中臺灣扁柏、日本扁柏與羅生氏扁柏歸類為親緣關係較近之分類群；紅檜、花柏與尖葉扁柏則是親緣關係較近的另一群。多數扁柏屬植物自第三紀以來隨地球氣候劇烈變遷而逐漸滅絕，因此扁柏屬在北半球破碎的間斷分布實為地球氣候變遷的最佳見證；臺灣得天獨厚的地理位置、地形、氣候所蘊育的檜木林實為古新世森林子遺的避難所之一，是扁柏屬植物分布緯度最低

的地區，其重要性不言可喻。

## 扁柏紅檜 難分難辨

有關臺灣扁柏與紅檜之分布與特徵比較（陳盈如等人，2017）略以表圖彙整如下：

木蘭詩有云：「雄兔腳撲朔，雌兔眼迷離；雙兔傍地走，安能辨我是雄雌？」，意即，雖然雄兔、雌兔各有其特徵，但是當雄雌兩兔並排走在一起，卻常常無法分辨其性別。同樣地，臺灣扁柏與紅檜雖然有其典型的外型特徵，但更多的是中間型別，甚至連專家也常常將臺灣扁柏與紅檜

		臺灣扁柏	紅檜
別稱（臺語）		厚殼仔、黃檜、扁柏	薄皮仔、松梧、松羅
日文名		Hinoki Falsecypress	Meniki
英文名		Taiwan Cypress、Taiwan Hinoki Falsecypress	Formosan Cypress、Taiwan Red Falsecypress
分布	海拔高度	1,000 ~ 2,800 公尺	600 ~ 2,600 公尺
	區域	臺灣北部至中部	全臺（陽明山及恆春半島除外）
	生育環境	山稜中、上部，近稜線	山稜中、下部，近山谷
更新		可林下天然更新，亦可為崩塌地、火災更新或倒樹行二次更新	林下無法天然更新，需崩塌地、火災更新或倒樹行二代木更新
樹型		尖塔形、樹頂枝梢翠綠，主幹顯著不分枝，上下幾乎等樣粗細	直筒形，樹頂枝梢常枯乾，主幹常不顯著多分枝，由樹幹基部向上漸縮
樹幹		常實心	常中空
樹幹基部		直筒	斜坡上延生有板根狀後座
樹皮	顏色	灰褐色	常紅褐色
	厚薄	長條厚層	細短薄片
枝條		密實，全年翠綠	稀疏，冬天紅褐色
鱗葉		鈍而向內，葉背凹溝邊被白粉	銳而向外、葉背凹溝無白粉
毬果	形狀	球形	橢圓形
	大小	徑 10—11 mm	長 8—9 mm
	果鱗數	8—10	10—16
種子		幾無翅	具環翅
出生苗		先為針狀葉（約 10 片），後變鱗葉	多為針狀葉（約 100 片）



①

② | ③

① 扁柏與紅檜樹形：圖中左 1、右 2 較密實之植株為臺灣扁柏，中間較為稀疏之植株為紅檜。  
 ② 扁柏與紅檜的葉形：左為臺灣扁柏葉片，右為紅檜葉片。  
 ③ 扁柏與紅檜的毬果：左為臺灣扁柏毬果，右為紅檜毬果。

搞錯，尤其是樹幹經過裁切加工後，更難分辨。以致必須開發更精確的DNA鑑定方法加以鑑別樹種及來源地區。

### 盜林舉證難

為了提供偵辦單位最有用的鑑定報告，刑事鑑定技術研發必須扣緊法辦要件。以下探討盜獵保育類動物（如石虎、帝雉等）與盜伐林木（如檜木）所觸犯的法辦要件之區別。

盜獵案主要觸犯野生動物保育法第41

條：「獵捕、宰殺保育類野生動物者，處六月以上五年以下有期徒刑，得併科新臺幣二十萬元以上一百萬元以下罰金。」

盜伐案則觸犯森林法第50條：「竊取森林主、副產物，收受、搬運、寄藏、故買或媒介贓物者，處六月以上五年以下有期徒刑，併科新臺幣三十萬元以上三百萬元以下罰金。」

兩者在刑期與罰金上差異不大，但在DNA鑑定上的難易程度卻有天壤之別。對於盜獵案而言，不需要追溯贓物來源，只

要查扣贓物被鑑定為保育類野生動物，即達到法辦要件，目前動物類的物種鑑定技術非常成熟，檢驗程序相對容易很多。

臺灣檜木為依森林法第52條第4項公告之貴重木，具有高經濟價值，違法竊取者應加重處罰，在民間擁有早期標售之合法檜木的情形也很普遍。若查扣贓木僅僅鑑定物種為臺灣檜木，並不構成法辦要件，因此盜伐案件依據森林法第50條以「竊盜罪」偵辦，既然是竊盜罪，舉證贓物的來源才是主要的法辦要件。換言之，對於查扣的贓木僅鑑定其樹種並不夠，還必須進一步證明是從哪一處國有林地的哪一棵被害木砍伐，也就是進行個體化鑑定，才能達到舉證的要求。

## 臺灣檜木DNA的研究與發展

為了達到上述個體化鑑定的要求，調查局在研發檜木鑑定技術時面臨許多難題。

首先，臺灣檜木是臺灣特有種，國內外相關DNA鑑定的基礎研究很少，雖然日本學者Matsumoto等人曾於2006年發表15組DNA分子標記（具有多型性的DNA序列，可作為鑑別不同個體的指標）可進行日本扁柏個體化分析，但研究團隊經過測試後發現該系統並不適用於臺灣檜木。因此，研發工作幾乎從零開始。且經過初步檢測臺灣檜木的基因體大小，發現約為人類基

因體的7倍大，更增加篩選的困難度。我們知道人類基因體解序計畫是全球各國投入無數的人力、經費、歷經十餘年才完成的工程，已經完全解序了，可以提供篩選人類DNA分子標記的基礎。但是臺灣檜木基因組那麼龐大且尚未解序，想要篩選出有用之屬於檜木特異性DNA分子標記，猶如大海撈針。

所幸拜現代生物科技——次世代定序（Next Generation Sequencing）加上大數據生物資訊分析技術進展之賜，為篩選工作提供有利的工具。調查局為加速研究進度，尋求與中央研究院生物多樣性中心、臺灣大學森林環境暨資源學系等學術單位交流合作研究。

再者遇到的難題是採樣不易，由於臺灣檜木是分布於中高海拔人煙罕至的天然林，採集的合法性、危險性及困難度均需顧慮。於是，調查局於2017年6月27日與林務局簽署合作備忘錄，邀請林務局巡山人員協助採集檜木樣本，讓研究團隊爭取更多的時間投入實驗室研發工作。

## DNA鑑定技術的效度

檜木DNA鑑識研發工作主要在於找出個體間具有多型性（Polymorphism）的DNA序列，作為分子標記。在生物基因體中，有一種特殊的DNA序列，稱為微衛

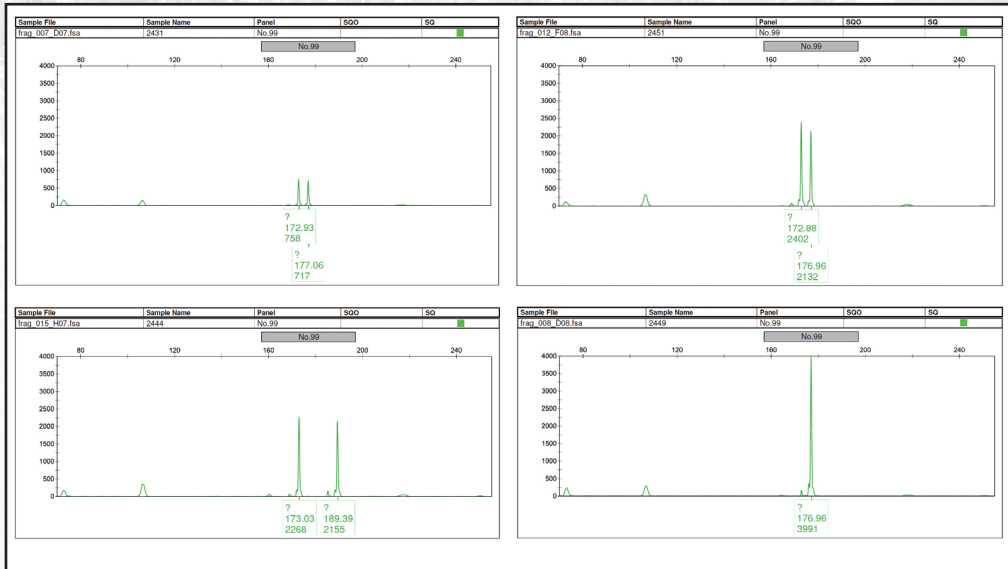
星 (Microsatellite, 也稱為簡單序列重複 Simple Sequence Repeat, SSR) , 是具有 2~7 個鹼基對重複數次排列所組成的序列片段如 (AAGT)<sub>m</sub>, m 為重複次數, 在不同個體中可能 m 值不同, 故具有高度多型性, 可成為良好的 DNA 分子標記, 普遍運用於個體鑑定。

目前已開發臺灣扁柏與紅檜各數十餘組 SSR 基因分子標記可用來做個體鑑定, 也建立各分子標記對偶基因 (Allele) 資料庫作為換算基因頻率的基礎。

為了深入探討 DNA 分子標記如何運用於案件鑑定, 首先簡單介紹「隨機相符率」的概念。當我們分析比對「被害木」與「扣案贓木」多組分子標記後, 發現兩者的 DNA 型別均一致時, 是否可以判定兩者是來自同一株樹木? 或者只是兩株樹木湊巧相符而已? 要回答這樣的問題, 就必須運用生物統計學的原理加以計算。如果是「湊巧相符」, 其機率就稱為「隨機相符率」, 當「隨機相符率」愈低, 那麼來自同一株樹木的可能性就愈高。舉人類血型為例, 假設在犯罪現場採集的血跡經分析其血型為 B 型, 如果嫌疑人的血型為 A 型, 那麼我們可以認定該血跡不可能來自該嫌疑人; 但如果嫌疑人的血型也為 B 型, 那麼是否可以認定現場血跡來自該嫌疑人? 相信沒人敢這樣認定。畢竟, 在臺灣地區人群中 B 型的比率約佔 20%,

這 20% 就是「隨機相符率」。血型可以當成是一種鑑別的標記, 如果只分析一種標記, 往往「隨機相符率」還是很高, 但是隨著分析標記的種類增多, 將各項「隨機相符率」相乘所得的「累積隨機相符率」就會不斷下降, 好比兩人同擲骰子, 每次「湊巧相符」的機率為 1/6, 那麼投擲 10 次都要相符的機率 (累積隨機相符率), 就是  $(1/6)^{10} = 1.65 \times 10^{-8}$  (大約為億分之 1.65)。

同理, 由於檜木細胞具有雙套染色體, 每組 DNA 分子標記會有兩個對偶基因型別, 或為同型合子 (Homozygous, 以 AA 表示, 若 A 在族群中出現的頻率為 p, 則隨機相符率為  $p^2$ ), 或為異型合子 (Heterozygous, 以 Aa 表示, 若 a 在族群中出現的頻率為 q, 則隨機相符率為  $2pq$ ), 若同時分析多組分子標記, 將每組的隨機相符率相乘, 就稱為「累積隨機相符率」, 至於「累積隨機相符率」要低到什麼程度才能判定極有可能來自同一株樹木, 則要看該樹種的族群大小。如果換算的「累積隨機相符率」為百萬分之一, 但是族群數目有一千萬株, 代表在野外可能有十株個體與扣案贓木型別相同, 那麼就很難判定「扣案贓木」來自該株「被害木」; 但是如果族群數目只有十萬株, 代表野外不到一株 (僅 0.1 株) 與「扣案贓木」隨機相符, 那麼就有很高的信心判定「扣案贓木」來自該株「被害木」。



(A) (B) 以臺灣扁柏分子標記coTW99來分析4件樣品之基因型別圖譜（綠色）  
 (C) (D) ①樣品1 ②樣品2 ③樣品3 ④樣品4

## DNA鑑定實例

有了上述的概念後，我們以圖例做實案說明。

由於檜木細胞有雙套染色體，每件樣品之分子標記圖譜或出現雙波峰（異型合子 Heterozygous，如樣品1、2、3）或出現單波峰（同型合子 Homozygous，如樣品4），波峰出現之水平線位置代表該基因型別的片段長度（長度差異在1bp以內視為同一型別）。當比對不同的樣品，如果型別不同（如樣品1、3、4），就會出現在水平線上的不同位置，於是排除來自同一棵植株的可能性；但是如果分子標記的型別均相同（如樣品1、2），就要換算累

計隨機相符率，調查局目前已開發完成臺灣扁柏與紅檜分別計有47組及38組DNA SSR分子標記，可以用來建立資料庫進行基因比對，累積隨機相符率可達 $1 \times 10^{-13}$ 以下。依據林務局第4次全國森林資源調查的資料換算臺灣扁柏與紅檜的族群分別約為700萬、3,000萬株，意即在野外檜木族群隨機採樣，找不到兩株檜木的DNA型別能全部相符，因此，調查局檜木鑑定系統之個化鑑別力（信心水準）可達99.99%以上。

## 如何避免DNA誤判

DNA鑑定的理論基礎在於同一個體之不同部位的DNA基因型別均相同，在此前

提下，扣案贓木應與被害木之DNA型別相同，但是如果篩選出來的分子標記座落在高度突變區就很容易造成誤判。因此必須針對篩選出來的分子標記進行突變率測試，當調查局分析數十餘株檜木樣品（每株同時採集樹葉及樹皮進行比對）時意外發現有少數來自同一株的樹葉與樹皮，其DNA型別並不相同，甚至有一株其葉子檢出為臺灣扁柏，樹皮卻檢出為紅檜，這樣的結果排除體細胞突變的可能性，反而強化臺灣檜木有所謂的「多株合抱」現象，也就是兩株以上的檜木幼苗生長位置很靠近，當逐漸長大、樹幹變粗就合併生長融合成為一株，或者有小苗在另一株檜木頂端生長，最後亦融合成為一株。

我們在實際案件的檢驗上就曾發現有贓木與某一株被害木的樹幹DNA型別均相同，卻與該被害木的樹根型別不同，經實地訪查該被害木確實有多株合抱、融合生長的情形，這種情形有可能導致鑑定上的誤判，假設當時偵查單位只採集被害木樹根（卻沒有採集樹幹），就會被判定該贓木不是來自該被害木，為了避免這種情形，建議偵查單位在採集被害木樣品時，應採集最接近被砍伐的部位。

## 更多DNA調查結果

調查局進行資料庫建檔時，發現阿里山森林遊樂區有日本扁柏的族群，甚至有臺

灣扁柏與日本扁柏的雜交種，從這些雜交種的年齡大約百餘年，推測有可能是日治初期，由日本引入阿里山國家森林遊樂區種植的日本扁柏與當地臺灣扁柏發生雜交而產生下一代，至於是否會對臺灣扁柏基因庫造成污染則有待相關單位或有興趣的學者進一步的追蹤研究。

調查局已完成臺灣扁柏與紅檜分別計有47組及38組DNA SSR分子標記的開發，通過3案盜伐案件共約30件檢體之實案測試結果，證明檜木研究成果運用於實案鑑定的可行性，可提供打擊盜伐的科學檢驗證據。為了進一步強化「防範盜伐」的成效，調查局更比照國內暴力犯建檔的模式，針對林務局各林區管理處轄區內盜伐熱點之珍貴檜木採樣建檔，建立約600筆資料庫。爾後，對於案件查扣的贓木可透過掃描該資料庫以比對是否來自建檔之檜木樣品，提升破案率，達到嚇阻之目的。此外，對於林務局標售之漂流木，為了防範得標廠商以合法掩護非法，建議將標售之漂流木採樣建檔，以提供合法來源的憑證。🌲

（參考文獻請逕洽通訊作者）

## — 誌謝 —

本研究承蒙法務部科技計畫109-1301-05-17-02提供所有研究經費，以及行政院農業委員會林務局與各林區管理處協助採集，始能順利完成，謹此誌謝。