ABSTRACT BOOK

THE 50TH KOREAN SOCIETY OF FORENSIC SCIENCE FALL CONFERENCE



제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회

50번째 만남, **법과학**의 새로운 전환

일시 2026. 11. 20.(금) 09:00 – 15:30

장소 국립과학수사연구원 본관동 · 법의학동 (강원특별자치도 원주시 입춘로 10)

주최 · 후원

한국법과학회 KOREAN SOCIETY OF FORENSIC SCIENCES

국립과학수사연구원 National Forensic Service

CONTENTS

목차

01 모시는 글 3

02 이사진 4

03 행사개요 5

04 프로그램 6

05 행사장 안내 7

06 기조강연 8

07 구연 발표 리스트 10

08 포스터 발표 리스트 12

09 구연 발표 16

10 포스터 발표 56

11 협찬업체 소개 133

GREETINGS

모시는 글



존경하는 한국법과학회 회원 여러분,
그리고 학술대회에 참석해 주신 법과학 및 관련 분야 전문가, 미래 법과학자 여러분!

안녕하십니까. 사단법인 한국법과학회 회장 최상길입니다.

매년 봄과 가을, 한 해 두 차례씩 이어 온 우리 학회의 학술대회가 어느덧 쉰 번째를 맞이하였습니다. 오랜 기간 동안 현장과 실험실에서 묵묵히 진실을 탐구해 오신 회원 여러분의 헌신이 있었기에 오늘의 학회가 있을 수 있었습니다.

이에 이번 추계학술대회는 "50번째 만남, 법과학의 새로운 전환"이라는 주제로, 쉰 번의 만남으로 쌓아 온 길을 되돌아보고 앞으로의 50년을 향한 새로운 출발점을 함께 모색하고자 합니다.

지금 우리의 형사사법 환경은 큰 전환기를 맞고 있습니다. 지난 10월부터 시행된 제도적 변화로, 수사 과정에서 확보되는 과학적 증거의 독립성과 신뢰성을 그 어느 때보다 엄정하게 검증해야 하는 상황이 되었습니다. 동시에 AI와 디지털 기술의 급속한 발전은 증거 분석의 속도와 범위를 크게 넓히고 있지만, 분석 결과를 어떻게 해석하고 법정에서 어떻게 설명할 것인가라는 새로운 과제도 함께 던지고 있습니다.

이제 법과학은 정확한 분석을 넘어, 그 과정과 근거를 투명하게 입증할 수 있는 학문으로 한 단계 더 나아가야 할 시점에 서 있습니다. 이러한 취지로 이번 학술대회에서는 한국형사·법무정책연구원 윤지영 사법개혁·AI전략연구본부장님께서 AI 시대 과학수사의 미래를 바탕으로, 형사사법의 대전환기에 법과학이 감당해야 할 역할과 과제를 짚어 주실 것입니다.

이번 학술대회에서는 총 7개 세션에서 구연 및 포스터의 다양한 연구 성과가 발표됩니다. 전국의 연구원과 학생 여러분이 실험실에서 연구에 매진하여 도출한 값진 결실들입니다. 이 연구들이 변화하는 사법환경 속에서 법과학의 신뢰를 한층 굳건히 하고, 새로운 50년을 여는 실제적인 밑거름이 되기를 기대합니다.

참석하신 회원 및 전문가 여러분께서도 이번 학술대회를 통해 법과학의 새로운 방향을 깊이 있게 논의하시고, 활발한 학술 교류 속에서 의미 있는 성과를 거두시기를 바랍니다.

감사합니다.

(사)한국법과학회 회장 **최 상 길**

BOARD OF DIRECTORS

이사진

직책	성명	소속
회장	최상길	국립과학수사연구원
부회장	정태연	해양경찰청
	임시근	성균관대
	한은영	덕성여대
	우종성	국방부조사본부
감사	김유나	대전과학수사연구소
	박미정	국립과학수사연구원
총무이사	최혜영	국립과학수사연구원
학술이사	김기범	성균관대 과학수사학과
	김용강	공주대 소프트웨어학과
	유승진	경찰대 미래치안과학융합학과
	이기종	연세대 보건과학대학원
	이환영	서울대 법의유전학교실
	신강일	경찰대 경찰학과
	박종택	대구과학수사연구소
	박소형	국립과학수사연구원
산학협력이사	김훈배	한국가스안전공사
	이장우	한국가스감정연구원
대외협력이사	김동환	국방부조사본부
	김만건	e+에너지화재연구소
	김용환	경찰청 사이버수사국
	서문수철	의왕경찰서
	이근수	해양경찰청 수사국 과학수사팀
	이재일	부산지방중대범죄수사청
편집위원장	변준석	국립과학수사연구원
재무이사	전우정	국립과학수사연구원
	신상철	국립과학수사연구원
	박우용	국립과학수사연구원
	남정우	국립과학수사연구원
국제협력이사	김형기	한국화학융합시험연구원
	양승철	법무법인 해담
	이재신	국립과학수사연구원
	임세혁	특허법인 대한
법제협력이사	우양태	법무법인 선우
	박수연	법무법인 반우
	김형석	법률사무소 태두
	조민행	법률사무소 민행
	박종진	국립과학수사연구원
	김영선	여성변호사 김영선법률사무소

OVERVIEW

행사개요

행사명	제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회
일시	2026. 11. 20.(금) 09:00 ~ 15:30
장소	국립과학수사연구원 본관동 및 법의학동 (26460) 강원특별자치도 원주시 입춘로 10(반곡동)
주제	50번째 만남, 법과학의 새로운 전환
주최	한국법과학회
후원	국립과학수사연구원
협찬	써모피셔사이언티픽, 퀴아젠코리아, 구정이엔티, 인터페이스정보기술, 프로메가코리아, 한국애질런트테크놀로지, 오엠에이이엔지, 동아참메드, 이노시뮬레이션
문의	한국법과학회 사무국 Web www.ksfs.org · E-mail ksfs@ksfs.org · Tel 033-902-5960

50th	7	33	70
학술대회	구연 세션	구연 발표	포스터 발표

연회비 및 참가등록

구분	학회 연회비	학술대회 참가비
정회원	100,000원	100,000원
학생회원	50,000원	대학원생 30,000원 / 학부생 10,000원
비회원	–	130,000원

참가비 납부계좌 **우리은행 1005-702-785628** (예금주 한국법과학회)

∗ 한국법과학회 정회원 및 학생회원은 학회 참석을 위해 학회 연회비 및 학술대회 참가비를 납부하시고 등록하셔야 합니다.

∗ 비회원은 학술대회 참가비 납부 후 학회 참석이 가능하며, 회원등록을 원하시는 분은 학회로 연락주시기 바랍니다.

PROGRAM

프로그램

2026. 11. 20. (금)

시간	프로그램	장소
09:00 – 10:00	**등록**	본관 1층 로비
10:00 – 11:30	**구연 세션 (7개 세션 동시 진행)**	세션별 발표장
11:30 – 12:30	**점심식사 · 런천 세미나** 런천 세미나: 써모피셔 사이언티픽 (11:30–12:20) 연자: Beatrice Goh, Ph.D., Global Product Manager	점심식사(도시락): 구내식당 및 세션장소 런천 세미나: 법의학동 3층 메인홀
12:30 – 13:30	**전시 및 포스터 발표**	본관 1층 복도
13:30 – 13:50	**식전공연**	법의학동 3층 메인홀
13:50 – 14:10	**개회식 (개회사 및 축사)**	법의학동 3층 메인홀
14:10 – 15:00	**기조강연 · 윤지영 선임연구위원(한국형사·법무정책연구원)**	법의학동 3층 메인홀
15:00 – 15:30	**시상식 및 폐회식**	법의학동 3층 메인홀

구연 세션 (10:00 – 11:30)

세션	분과	장소	좌장
S1	**DNA & Bio**	법의학동 3층 메인홀	임시근 교수(성균관대학교)
S2	**중독**	본관 1층 포렌식마당	장문희 과장(국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 독성마약과)
S3	**화학**	본관 1층 법과학실습실	정진미 과장(국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 화학분석과)
S4	**안전**	본관 1층 과학수사학당	지홍근 연구관(국립과학수사연구원 부산과학수사연구소 이공학과)
S5	**모빌리티**	본관 1층 구내식당	조건우 연구관(국립과학수사연구원 교통과)
S6	**디지털**	본관 1층 다목적체육실	이건영 교수(강원대학교)
S7	**심리**	법의학동 2층 상황실	지형기 연구관(국립과학수사연구원 법의검사과)

※ 구연 발표 시간은 15~20분(발표 10~15분, 질의 5분)으로 진행될 예정이며, 세부 일정은 변경될 수 있습니다.

VENUE MAP

행사장 안내



개·폐회식 및 7개 세션: 국립과학수사연구원 본관동 및 법의학동 | 포스터 전시 및 협력사 부스: 본관 1층 복도

오시는 길: (26460) 강원특별자치도 원주시 입춘로 10(반곡동) 국립과학수사연구원 본원 · 대표전화 033-902-5000

KEYNOTE SPEECH

기조강연

일시 2026년 11월 20일(금) 14:10 – 15:00

장소 국립과학수사연구원 법의학동 3층 메인홀

형사사법의 대전환, 법과학의 역할과 과제

— 수사·기소 분리와 AI 시대 과학수사의 미래 —

윤지영 법학박사

- 한국형사·법무정책연구원 선임연구위원
- 사법개혁·AI전략연구본부장
- AI 법무정책 중점연구단장



KEYNOTE

형사사법의 대전환, 법과학의 역할과 과제

— 수사·기소 분리와 AI 시대 과학수사의 미래 —

윤지영

한국형사·법무정책연구원 사법개혁·AI전략연구본부장

수사·기소 분리에 따른 형사사법체계의 개편과 인공지능을 비롯한 첨단기술의 발전은 과학수사의 방식과 증거의 활용에 중요한 변화를 가져오고 있다. 이러한 상황에서도 사건의 진상을 규명하고 오판의 시정에 기여하는 법과학의 역할은 변함이 없다. 다만 제도 개편과 기술 발전에 대응하여 증거의 수집·관리, 감정 결과의 해석과 검증에 관한 법적·제도적 과제를 검토할 필요가 있다.

수사기관과 공소기관의 분리는 과학적 증거의 관리와 활용에 관한 기관 간 협력의 중요성을 높이고 있다. 이에 본 강연에서는 공소청의 법과학 기능과 중대범죄수사청의 과학수사 기능을 살펴보고, 증거물의 인계·관리, 형사사법정보시스템의 연계, 감정 결과의 검토 및 보완수사요구에 관한 쟁점을 고찰한다. 특히 기관 간 기능 분리가 증거관리의 단절로 이어지지 않도록 증거의 동일성과 무결성을 확보하고, 감정의 전문성과 법적 판단의 책임을 명확히 구분해야 한다는 점을 강조한다.

인공지능 기술의 발전은 증거의 생성과 분석, 해석에도 영향을 미치고 있다. 생성형 AI를 이용한 자료 조작과 딥페이크의 진정성 판단, 자율주행자동차 등 피지컬 AI의 사고 원인 분석, 에이전트 AI를 활용한 증거 분석, 디지털 트윈과 3차원 재구성 기술의 활용 등을 검토한다. 이러한 기술은 사실관계의 규명에 기여하는 한편, 분석 결과에 대한 과도한 신뢰나 기술적 판단과 법적 평가의 혼동을 초래할 수 있다. 따라서 분석 과정을 추적하고 사후에 검토할 수 있는 체계를 마련하는 한편, 감정 결과가 증명하는 사실의 범위와 한계를 명확히 하는 방안을 논의한다.

아울러 법과학의 신뢰성을 확보하기 위한 과제로 AI 감정도구의 성능 검증과 사용 이력 관리, 영업비밀 보호와 피고인의 방어권 보장, 감정 결과에 대한 법률가의 해석 책임, 재감정과 증거개시, 감정 결과에 의문이 제기되었을 때의 처리 절차 등을 다룬다. 이러한 논의를 종합하여 법과학의 발전을 위한 세 가지 과제로 연속성, 설명 가능성, 검증 가능성을 제시한다. 과학적 증거가 적법하게 수집·관리되고, 그 의미와 한계가 정확하게 설명되며, 독립적인 검증이 보장될 때 형사사법절차에 대한 국민적 신뢰가 높아질 수 있을 것이다.

주제어: 법과학, 수사·기소 분리, 과학적 증거, 인공지능, 증거의 신뢰성, 설명 가능성, 검증 가능성

ORAL PRESENTATIONS

구연 발표 리스트

구연 S1 DNA & Bio

좌장 : 임시근 교수(성균관대학교) | 법의학동 3층 메인홀 (10:00–11:30)

S-DNA&Bio-1	나노포어 시퀀싱을 사용한 미토콘드리아 과변이 지역의 혼합형 분리	김민희	국립과학수사연구원 유전자과	17
S-DNA&Bio-2	Intra-individual Genetic Variation in Postmortem Forensic DNA Analysis: Mosaic Loss of the Y-Chromosome and STR Allelic Discordance	서동범	국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 유전자분석과	18
S-DNA&Bio-3	Comparison of STRmix™ and EuroForMix for DNA Mixture Interpretation Using Powerplex® 35GY in a Korean Population	김주영	성균관대학교 과학수사학과	19
S-DNA&Bio-4	법과학 증거 해석에 관한 국제표준 ISO 21043-4의 필요성과 국내 도입 과제	임우섭	경찰대학 실증법학연구센터	20
S-DNA&Bio-5	Targeted Capture Panels for Forensic DNA Phenotyping Using DNA Methylation and SNP Markers	이환영	서울대학교 의과대학 법의학교실	21

구연 S2 중독

좌장 : 장문희 과장(국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 독성마약과) | 본관 1층 포렌식마당 (10:00–11:30)

S-중독-1	Cerebrospinal Fluid-to-Blood Drug Concentration Ratios as a Forensic Clue to Unexpected Drug Exposure: Case Studies Following Medical Procedures	김지현	국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 독성마약과	23
S-중독-2	Forensic Analytical Strategies for Emerging Phenethylamines: Isomer- and Metabolite-Resolved Simultaneous Analysis	정수진	국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 독성마약과	24
S-중독-3	Rethinking the Dose: Women, Drugs and Society	정희선	성균관대학교 과학수사학과	25
S-중독-4	Houston Forensic Science Center (HFSC) Toxicology and Our Role in Sexual Assault Cases	Dayong Lee	Houston Forensic Science Center Toxicology	26

구연 S3 화학

좌장 : 정진미 과장(국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 화학분석과) | 본관 1층 법과학실습실 (10:00–11:30)

S-화학-1	한·미·일 실험실 간 비교를 통한 골 콜라겐 탄소·질소 안정동위원소 분석의 재현성 검증과 전사자 유해 지리적 기원 추정	송병열	국립과학수사연구원 화학과	28
S-화학-2	Tracing the Past: Advances in Isotope Analysis and New Perspectives on Past Lifeways	신지영	국립문화유산연구원 보존과학연구실	29
S-화학-3	실시간 직접 분석 질량분석법(DART-MS)의 법과학적 적용을 위한 기초 성능 평가	윤소희	한국표준과학연구원 나노바이오측정그룹	30
S-화학-4	음주측정방해죄 시행에 따른 혈중알코올농도 역산기준의 재검토	이창용	경찰청 경찰인재개발원 112지역경찰교육센터	31

구연 S4 안전

좌장 : 지홍근 연구관(국립과학수사연구원 부산과학수사연구소 이공학과) | 본관 1층 과학수사학당 (10:00–11:30)

S-안전-1	Forensic interpretation of hose damage patterns: Focusing on internal pressure-inducde rupture and tool-induced damage	박정헌	국립과학수사연구원 안전과	33
S-안전-2	Development of BloodFlare-Based Paper Platform for Blood Detection and Its Potential Forensic Applications	남궁비	성균관대학교 과학수사학과	34
S-안전-3	Polycam 및 3D Gaussian Splatting을 활용한 화재 현장 내 연속 이동·근접 관찰이 가능한 가상현실 구현	정기우	국립과학수사연구원 대구과학수사연구소 이공학과	35
S-안전-4	3상 4선식 중성선 결상으로 인한 과전압 유입 사고의 기기별 PCB 소자 파손 특성 분석 및 원인 추정 연구	임규영	국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 이공학과	36
S-안전-5	에어컨 화재 사례 분석을 통한 화학적 발화 요인에 관한 고찰	진창완	국립과학수사연구원 부산과학수사연구소 이공학과	37
S-안전-6	리튬이온배터리에 의한 물류시설 화재 감식 기법	천수영	국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 이공학과	38

구연 S5 모빌리티

좌장 : 조건우 연구관(국립과학수사연구원 교통과) | 본관 1층 구내식당 (10:00–11:30)

S-모빌리티-1	하이브리드 및 전기차량의 제동특성에 관한 연구	이창인	국립과학수사연구원 교통과	40
S-모빌리티-2	EDR 기록이 없는 보행자 충격 사고에서 블랙박스 엔진음과 재현실험을 이용한 페달 조작 규명	김송희	국립과학수사연구원 교통과	41
S-모빌리티-3	사고기록장치(EDR)에 대한 사회적 신뢰 확보를 위한 공개 실차 충돌 시험 — K-CRASH 2026 사례	이재형	국립과학수사연구원 교통과	42
S-모빌리티-4	Development and Validation of a Forward Collision-Avoidance Assist System for Junction Turning (FCA-JT) at Unprotected Intersections	양진호	현대모비스 자율주행SW개발실	43
S-모빌리티-5	교통사고 감정업무의 AX를 위한 AI 기반 분석기술 개발 및 적용 연구	오원택	국립과학수사연구원 교통과	44

구연 S6 디지털

좌장 : 이건영 교수(강원대학교) | 본관 1층 다목적체육실 (10:00–11:30)

S-디지털-1	디지털 포렌식 환경을 위한 로컬 LLM 기반 대화 검색 시스템 설계 및 구현	박송희	국립과학수사연구원 디지털과	46
S-디지털-2	A Forensic Speaker Comparison System Using Deep Speaker Embeddings and Likelihood-Ratio Calibration	이충식	국방부조사본부 과학수사연구소 영상문서지문과	47
S-디지털-3	초소형·변종 불법촬영 기기의 디지털포렌식 분석에 관한 사례 연구	이정환	국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 이공학과	48
S-디지털-4	잠금 상태 스마트폰에서 추출된 BFU 데이터에서 유의미한 증거 식별 및 분석 사례	이지우	국립과학수사연구원 디지털과	49
S-디지털-5	수·발신 운영체제와 전송 화질에 따른 카카오톡 전송 JPEG의 구조적 특징과 법과학적 활용	조수연	국립과학수사연구원 디지털과	50

구연 S7 심리

좌장 : 지형기 연구관(국립과학수사연구원 법의검사과) | 법의학동 2층 상황실 (10:00–11:30)

S-심리-1	Comparison of Prefrontal Oxygenated Hemoglobin Responses Associated with Mental Countermeasure Use	김기평	국립과학수사연구원 법의검사과	52
S-심리-2	오버킬(Overkill)의 개념 고찰 및 국내 적용성에 관한 연구	전소현	순천향대학교 대학원 법과학과	53
S-심리-3	Analysis of Psychophysiological Response Directionality by Question Type in the Utah Four-Question Test: A Comparison with the Utah Three-Question Test	김태호	국립과학수사연구원 법의검사과	54
S-심리-4	PPG-Based Phasic and Tonic Cardiovascular Indicators in the Concealed Information Test: Feasibility, Optimal Analysis Window, and Incremental Validity	홍현기	국립과학수사연구원 법의검사과	55

POSTER PRESENTATIONS

포스터 발표 리스트

전시 및 포스터 발표(e-Poster) · 12:30 – 13:30 · 본관 1층 복도

포스터 DNA & Bio

P-DNA&Bio-1	토양 마이크로바이옴 분석과 머신러닝을 이용한 토양 환경유형 추정	박지혜	국립과학수사연구원 부산과학수사연구소 유전자분석과	57
P-DNA&Bio-2	Development and Analytical Evaluation of an Isothermal Multiplex miRNA Detection Platform for Alcohol-Associated Forensic Bloodstain Profiling	김지유	성균관대학교 과학수사학과	58
P-DNA&Bio-3	CRISPR/Cas13a-Triggered Hybridization Chain Reaction for Amplification-Free RPS4Y1 RNA Detection in Forensic Body Fluids	조은혜	성균관대학교 과학수사학과	59
P-DNA&Bio-4	Evaluation of a Novel NFS Dilution Buffer for Improving the Reliability of PCR Product Dilution in Forensic STR Analysis	정주연	국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 유전자분석과	60
P-DNA&Bio-5	Phosphorothioate Modification and SSB Enable Low-Temperature LAMP for One-Pot CRISPR/Cas12a Detection	전혜린	성균관대학교 과학수사학과	61
P-DNA&Bio-6	Photoactivated λ-Exonuclease–Coupled CRISPR-Cas12a Logic Gates for Dual DNA Input Sensing	이예진	성균관대학교 과학수사학과	62
P-DNA&Bio-7	CLASP: steric blockade of CRISPR-Cas13a collateral cleavage for rapid, amplification-free protein detection	조비람	성균관대학교 과학수사학과	63
P-DNA&Bio-8	Nucleic Acid Detection by Phosphorothioate DNA-Switched CRISPR-Cas12a Coupled with Isothermal Exponential Amplification	나은선	성균관대학교 과학수사학과	64
P-DNA&Bio-9	한국인 칩 SNP 마이크로어레이 분석을 활용한 2촌 관계 판정법의 실제 감정에의 적용	안으리	국립과학수사연구원 유전자과	65
P-DNA&Bio-10	Forensic Evaluation of Lac Dye for Blood Fingermark Enhancement: DNA Analysis and AFIS-Based Quality Assessment	박강희	부산가톨릭대학원 법과학부 과학수사학과	66
P-DNA&Bio-11	Evaluation of Bloodstain Changes and Detection Characteristics Across Fabric Types Under Soil Burial Conditions	황신이	부산가톨릭대학원 법과학부 과학수사학과	67
P-DNA&Bio-12	Forensic DNA analysis of human skeletal remains recovered from the flooded Chosei undersea coal mine, 84 years after the 1942 disaster	박현철	국립과학수사연구원 유전자과	68
P-DNA&Bio-13	Comparison of DNA Quantification and STR Analysis Results between Silica Column-Based and Magnetic Bead-Based Extraction Methods in Human Bone Samples	박선화	국립과학수사연구원 유전자과	69
P-DNA&Bio-14	Forensic Interpretation of Tissue-Specific mtDNA Variations in Maternal Lineage Comparisons: A Case Study	선설희	국립과학수사연구원 유전자과	70
P-DNA&Bio-15	Development of Pentaplex qPCR Assay for the Detection of *Streptococcus salivarius* and *Lactobacillus* species in Saliva and Vaginal Fluid	이연우	성균관대학교 과학수사학과	71
P-DNA&Bio-16	Case report: Deconvolving Complex Familial DNA Mixtures Using X-STRs and Peak Height Imbalance (PHI) Analysis	김은혜	국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 유전자분석과	72
P-DNA&Bio-17	DNA Analysis of Used Syringes in Drug Cases: Presumptive blood test, DNA Profile Recovery, and the Value of the DNA Database	오영희	국립과학수사연구원 유전자과	73
P-DNA&Bio-18	Development of a Multiplex real-time PCR assay for Forensic Age Estimation Using Salivary Microbiome markers	이소은	성균관대학교 과학수사학과	74
P-DNA&Bio-19	Development of a One-Step Colorimetric Sensor for Presumptive Semen Detection Based on BCIP/NBT	정미강	성균관대학교 과학수사학과	75
P-DNA&Bio-20	SNP-Based Kinship Inference Using the FORCE Panel for Forensic Human Identification	진현우	국립과학수사연구원 유전자과	76

포스터 DNA & Bio (계속)

P-DNA&Bio-21	Evaluation of Surface-Applied Buffers for Touch DNA Preservation Using qPCR and STR Profiling	양나겸	부산가톨릭대학교 과학수사학과	77
P-DNA&Bio-22	Blood Fingermark Enhancement and DNA Recovery Using Two Amido Black Formulations After Exposure to Household Cleaning Agents	박지호	부산가톨릭대학교 법과학부 과학수사학과	78
P-DNA&Bio-23	추락 변사 사례에서 추락 높이와 수평거리의 상관관계 및 분포 분석	양지유	경기남부경찰청 과학수사과 과학수사대 검시조사팀	79
P-DNA&Bio-24	질 필러 시술 후 발생한 비혈전성 폐색전증 사망 사례	양지유	경기남부경찰청 과학수사과 과학수사대 검시조사팀	80

포스터 중독

P-중독-1	Sudden Death Associated with Coronary Artery Atherosclerosis and Medetomidine Inhalation via E-cigarette: A Case Report	이승호	국립과학수사연구원 광주과학수사연구소 독성화학과	82
P-중독-2	Fatal Intoxication Following Caffeine Tablet Overdose: A Case Report and Retrospective Review of Caffeine-Related Deaths (2020–2025)	안현민	국립과학수사연구원 독성학과	83
P-중독-3	3-Methoxy-2-oxo-PCP의 생체 내 대사체 분석	조병석	국립과학수사연구원 대전과학수사연구소 독성화학과	84
P-중독-4	Identification of Nandrolone Decanoate in a Syringe Seized in a Racehorse Doping Case by GC-MS: A Case Report	박동은	국립과학수사연구원 제주분원	85
P-중독-5	A New Class-Specific LC-MS/MS Method for the Simultaneous Quantification of Amphetamines, Cathinones, and Cannabinoids in hair	구원희	덕성여자대학교 약학과	86
P-중독-6	Development of Class-Specific Simultaneous Methods for the Determination of Drugs in Urine by LC-MS/MS	현수현	덕성여자대학교 약학과	87
P-중독-7	Correlation Between Ketamine Immunoassay Screening Values and Gas Chromatography-Mass Spectrometry Confirmation in Urine	강서진	국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 독성마약과	88
P-중독-8	Death after Overdose of Theobromine, Doxofylline and Erdosteine: A Case Report	이희상	국립과학수사연구원 부산과학수사연구소 독성화학과	89
P-중독-9	Forensic Toxicological Evaluation of Dichlorvos Ingestion: Detection of Dichlorvos and Metabolites in Blood	김민진	국립과학수사연구원 부산과학수사연구소 독성화학과	90
P-중독-10	Non-targeted LC-QTOF/MS profiling for the assessment of whisky authenticity	김형주	국립과학수사연구원 독성학과	91

포스터 화학

P-화학-1	Four Years of Research on Forensic Carbon Monoxide Analysis in Postmortem Spleen Tissue: Analytical Challenges and Methodological Advances	이미연	국립과학수사연구원 대전과학수사연구소 독성화학과	93
P-화학-2	Blood–Vitreous Ethanol Relationships and Distribution of V/B Ratios in Korean Autopsy Cases	김유정	국립과학수사연구원 대구과학수사연구소 독성화학과	94
P-화학-3	Automated detection of condom-derived starch granules in vaginal smears using polarized slide imaging for sexual assault investigations	박상환	국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 화학분석과	95
P-화학-4	Comparison of Latent Fingermark Development Techniques on Coated Papers with Different Surface Gloss Levels	안나림	부산경찰청 과학수사과	96
P-화학-5	Combinations of ethyl glucuronide, ethyl sulfate, n-propanol and n-butanol in postmortem peripheral blood: interpretive lessons from 26 autopsy cases	조영훈	국립과학수사연구원 화학과	97
P-화학-6	UV-A LED(365nm) 광원이 CA경화 AGING에 미치는 영향 (베이직옐로우40(BG40), 로다민6G(R6G) 중심)	이가영	경상남도경찰청 진주경찰서	98
P-화학-7	변사자 의복의 안정동위원소 분석을 통한 지리적기원 추정	정선경	국립과학수사연구원 화학과	99
P-화학-8	GC-MS를 이용한 겨울용 경유의 경질 탄화수소 분포 특성 및 일반 경유·등유와의 비교 분석	조상훈	국립과학수사연구원 화학과	100
P-화학-9	LA-ICP/MS를 이용한 종이 속 잉크의 다원소 분석을 통한 동일성 판별	이유란	국립과학수사연구원 화학과	101
P-화학-10	Chemical Profiling of Commercial Fabric Softeners Using GC/MS and Py-GC/MS: Implications for Forensic Interpretation	공보경	국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 화학분석팀	102
P-화학-11	미세증거물 분석의 현재와 미래: 법과학적 분석, 통계적 평가 및 신기술에 대한 비판적 고찰	안성희	국립과학수사연구원 화학과	103

포스터 안전

P-안전-1	실화재 데이터 기반 AI 영상분석의 화재 감식 활용성	김진수	국립과학수사연구원 안전과	105
P-안전-2	Development of an Attention U-Net-Based Algorithm for Fingerprint Ridge Segmentation from Complex Backgrounds	김언종	중부대학교 과학수사학과	106
P-안전-3	A Proposed Approach to Quantitative Bloodstain Morphology Analysis and Classification of Formation Mechanisms Using Explainable Artificial Intelligence (XAI)	이경민	중부대학교 과학수사연구소	107
P-안전-4	Development and Evaluation of an EfficientNetV2-L Model for Bloodstain Image Classification	정진아	중부대학교 휴먼텍대학원 과학수사학과	108
P-안전-5	Development and Evaluation of a ResNet-50-Based Fingerprint Pattern Classification Model	최민서	중부대학교 대학원 과학수사학과	109
P-안전-6	Refinement of an Anatomical Oral Model-Based Expirated Bloodstain Generation Device and Quantitative Analysis of Bloodstain Characteristics	서장권	중부대학교 휴먼텍대학원 과학수사학과	110
P-안전-7	LC/MS를 이용한 총기 화약 잔사 첨가물의 분석 기법	방지현	국립과학수사연구원 안전과	111
P-안전-8	차량 배터리 보조용 슈퍼커패시터 전압 안정기의 화재 발생 사례	이승민	국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 이공학과	112
P-안전-9	위조 자동차 등록번호판: 사례 중심으로	육심엽	국립과학수사연구원 안전과	113

포스터 모빌리티

P-모빌리티-1	사고 재현실험을 위한 선회 특성 분석 프로그램의 개발 및 적용	최원호	국립과학수사연구원 교통과	115
P-모빌리티-2	From Forensic Evidence to Accident Prevention: Characteristics and Scenarios of Pedal Misapplication Crashes from a Standstill	김종혁	국립과학수사연구원 교통과	116

포스터 디지털

P-디지털-1	Class-Specific Error Analysis of AI-Generated Image Detectors under Post-Processing	안병선	상명대학교 지능정보공학과	118
P-디지털-2	광학적, 열화 환경에서의 물체 동일성 감정 고찰	임재성	국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 이공학과	119
P-디지털-3	삼성 음성 녹음 앱 파일의 편집 판별 기준에 대한 특이사례: 녹음 중 촬영·북마크	원윤구	국립과학수사연구원 디지털과	120
P-디지털-4	인페인팅 탐지를 위한 주요 공개 데이터셋 서베이	윤재홍	국립과학수사연구원 디지털과	121
P-디지털-5	Implementation and Field Applicability Evaluation of a Digitalized Henssge Nomogram Model for Death Investigation	안나림	부산경찰청 과학수사과	122
P-디지털-6	법과학 감정기관 시설 모니터링 에이전트 시스템의 구현과 정전 감지 실증	전성준	국립과학수사연구원 기획전략과	123
P-디지털-7	법과학 정보시스템 장애 대응을 위한 언어모델 에이전트의 운영 조건별 비교 연구	전성준	국립과학수사연구원 기획전략과	124
P-디지털-8	워크플로우 오케스트레이션 기반 법과학 감정정보시스템 에이전트 프로토타입 설계	임성호	국립과학수사연구원 기획전략과	125
P-디지털-9	LLM을 이용한 보이스피싱 범죄자 음성 DB의 중복 제거	박찬규	국립과학수사연구원 디지털과	126
P-디지털-10	AI 에이전트 기반 망분리 환경의 네트워크 보안취약점 탐지 및 보안정책 분석 방안	장유희	국립과학수사연구원 기획전략과	127

포스터 심리

P-심리-1	응급실에 내원한 여성 폭력 피해자의 비치명적 목조름: 기록 공백과 치명적 폭력 위험 신호의 법과학적 함의	김수정	인하대학교 간호학과	129
P-심리-2	Heart rate from the photoplethysmograph in the Comparison Question Test: discriminative validity and the choice of reference	홍현기	국립과학수사연구원 법의검사과	130
P-심리-3	Judicial Perceptions of Polygraph Testing in Criminal Court Decisions : A Full-Text Analysis of Korean Case Law (1973–2025)	문정원	국립과학수사연구원 법의검사과	131
P-심리-4	Improving Photoplethysmographic Pulse Amplitude Analysis in the Psychophysiological Detection of Deception: Effects of Unidirectional Signal Clipping and Response Latency	김태호	국립과학수사연구원 법의검사과	132

ORAL

제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회

구연 S1

DNA & Bio

10:00 – 11:30 | 법의학동 3층 메인홀

좌장 : 임시근 교수(성균관대학교)

S-DNA&Bio-1	**나노포어 시퀀싱을 사용한 미토콘드리아 과변이 지역의 혼합형 분리** 김민희 · 국립과학수사연구원 유전자과	17
S-DNA&Bio-2	**Intra-individual Genetic Variation in Postmortem Forensic DNA Analysis: Mosaic Loss of the Y-Chromosome and STR Allelic Discordance** 서동범 · 국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 유전자분석과	18
S-DNA&Bio-3	**Comparison of STRmix™ and EuroForMix for DNA Mixture Interpretation Using Powerplex® 35GY in a Korean Population** 김주영 · 성균관대학교 과학수사학과	19
S-DNA&Bio-4	**법과학 증거 해석에 관한 국제표준 ISO 21043-4의 필요성과 국내 도입 과제** 임우섭 · 경찰대학 실증법학연구센터	20
S-DNA&Bio-5	**Targeted Capture Panels for Forensic DNA Phenotyping Using DNA Methylation and SNP Markers** 이환영 · 서울대학교 의과대학 법의학교실	21

S-DNA&Bio-1

나노포어 시퀀싱을 사용한 미토콘드리아 과변이 지역의 혼합형 분리

김민희, 김현재, 진현우, 박선화, 선설희, 박현철★

국립과학수사연구원 유전자과

롱리드 시퀀싱이 가능한 나노포어를 활용하여 혼합된 디엔에이에서 미토콘드리아 과변이 지역의 단일 하플로타입 분리가 가능한지 여부를 확인하고자 한다. 미토콘드리아의 과변이 지역 1과 과변이 지역 2를 포함한 약 1 kb의 PCR 증폭산물을 목표로 하여 변사자 늑연골을 사용한 단일시료, 혼합시료를 나노포어로 분석하였다. 나노포어에서 생산된 데이터는 혼합된 하플로타입에서 단일 하플로타입을 분리하는 분석과 혼합 하플로타입에서 단일 하플로타입을 조회하는 분석법을 사용하였다. 혼합시료는 2인 혼합, 3인 혼합, 4인 혼합을 시험하였고, 특별히 한국인 집단에 많은 D 하플로그룹에 대하여 다시 2인, 3인, 4인 혼합 실험을 진행하였다. 실험결과 단일시료에서 분석된 나노포어는 sanger 분석법과 같은 결과가 확인하였다. 혼합시료 분석에선 2인 혼합된 시료 9개를 실험하여 8개에서 2인을 분리하였고, 1개의 시료에서 단일 하플로타입만을 분리하였다. 3인 혼합시료 5개를 실험하여 4개의 시료에서 3인을 1개의 시료에서 2인을 분리하였다. 4인 혼합시료 1개에서 4인을 분리하였다. 하지만 변이가 비슷한 하플로그룹 내에서 분리는 보다 어려웠는데 한국인 집단에서 많은 D 그룹을 대상으로 2인 혼합 시료를 6개 실험한 결과 4개의 혼합시료에서 2인을 분리하였으나 2개의 혼합시료에서 단일한 하플로타입을 검출하였다. 3인 혼합시료 1개에서 3인을 분리하였고 4인 혼합시료에서 3인 만을 분리하였다. 1:1, 1:2, 1:4, 1:19, 1:29, 1:99 비율로 혼합한 시료에서 1:1과 1:2의 비율만이 혼합된 2인을 분리할 수 있었고 이외의 비율에서 모두 혼합형을 구분하지 못한 단일 하플로타입을 분리하였다. 이러한 결과는 나노포어 데이터의 분석 방법에 한계로 생각되는데, 알고 있는 하플로타입을 검출된 혼합시료에서 검색하는 분석 방법을 사용하였을 때 2인 혼합 8개에서 모두 2인의 하플로타입을 확인할 수 있었고, 3인 혼합 5개 시료, 4인 혼합 1개 시료에서 각각의 하플로타입이 모두 검출됨을 확인하였다. D 그룹 내에서 2인 시료 6개에서 각각의 하플로타입이 포함된 것을 확인하였으나 3인 혼합시료 4개 중 1개에서 2인의 하플로타입 만을 찾고, 나머지 3개에서 각각 하플로타입이 확인되었으며, 4인 혼합에서 4인의 하플로타입 모두 확인하였다. 또한 이전과 같은 혼합비율에서 모두 2명의 하플로타입이 검출됨을 확인할 수 있었다. 이러한 결과는 미토콘드리아 혼합형에서 하플로타입을 분리하여 개인을 특정하거나 미토콘드리아 하플로타입을 알고 있는 개인이 혼합 디엔에이에 포함되어 있는지 여부를 확인할 수 있는 가능성을 제시하였고 향후 혼합 디엔에이에서 유전자형을 분리하여 분석할 수 있는 응용 가능성을 보여주었다.

S-DNA&Bio-2

Intra-individual Genetic Variation in Postmortem Forensic DNA Analysis: Mosaic Loss of the Y-Chromosome and STR Allelic Discordance

Dongbeom Seo[1], Yeonghee Oh[2], Minsun Park[1], Eunhye Kim[1], Hye Jin Kim[1], Byeong Ju Youn[1], Myung Jin Park[1], Sang Ok Moon[1], Ju Yeon Jung[1,★]

[1]DNA Analysis Divison, National Forensic Service Seoul Institute, Seoul, Republic of Korea
[2]Forensic DNA Division, National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea

Intra-individual genetic variation can produce differences in DNA profiles across tissue types, potentially complicating forensic interpretation. Three cases involving Y-Chromosome loss or autosomal STR discordance were identified during routine postmortem DNA analysis.

One case involved mosaic loss of the Y-Chromosome (mLOY) in an elderly male decedent. Y-targeted DNA quantification and comparison of amelogenin and DYS391 peak heights indicated reduced Y-DNA proportions in blood, skin, and buccal swabs, with markedly lower proportions in blood and skin swabs than in buccal swabs.

The other two cases involved autosomal STR discordance. At SE33, cardiac blood from a female decedent showed a tri-allelic pattern (19/20/21), whereas a vaginal swab showed a 19/21 genotype. The relative height of the additional peak exceeded the stutter threshold, and the discordance was reproduced using an alternative primer set, supporting somatic mosaicism. In contrast, cardiac blood from a male decedent showed apparent homozygosity at D22S1045, whereas skin and buccal swabs showed balanced 15/17 profiles. Reanalysis using an alternative amplification kit restored the 15/17 profile in blood, indicating primer-dependent allele dropout.

Comparisons across tissue types and analyses using alternative amplification systems helped characterize these variations, highlighting the importance of considering their potential occurrence in forensic DNA interpretation, particularly in circumstances requiring careful evaluation, such as those involving low-template crime-scene samples or DNA mixtures.

S-DNA&Bio-3

Comparison of STRmix™ and EuroForMix for DNA Mixture Interpretation Using Powerplex® 35GY in a Korean Population

JooYoung Kim[1], Un Na Koh[2], Ah Leum Kim[1], Si-Keun Lim[1,2,3,★]

[1]Deparment of Forensic Sceince, Sungkyunkwan University, Suwon, Republic of Korea
[2]Convergence Bio Forensic Institute (CBFI), Biomedical Institute for Convergence at Sungkyunkwan University (BICS), Suwon, Republic of Korea
[3]ID-Cell Forensics Co., Suwon, Republic of Korea

Probabilistic genotyping software, which evaluates DNA mixtures by calculating a likelihood ratio (LR), is widely used in forensic laboratories abroad. For example, STRmix™ (PHF Science, New Zealand) has been reported to be used by more than 120 organizations worldwide, including about 100 in the United States such as the FBI, and to have produced results in more than 700,000 criminal cases, while EuroForMix is freely available as open-source software. In Korea, however, such software has not yet been introduced. Because these software differ in their statistical models and in how they estimate parameters, it is unclear whether the LRs they report are consistent with one another. In this study, we applied STRmix™ and EuroForMix with matching propositions to laboratory-prepared three-person mixtures with known contributor ratios. We compared the resulting LRs and examined the conditions under which the two programs agree or differ.

DNA from one female and two males was mixed at 11 different ratios (1:1:1, 2:1:1, 2:2:1, 5:1:1, 5:5:1, 10:1:1, 10:2:1, 10:5:1, 20:1:1, 20:5:1, 20:10:1) and amplified with the PowerPlex® 35GY System (Promega, USA). Samples were analyzed with STRmix™ and EuroForMix using Korean allele frequencies. In both software, Hp (the proposition that the female contributed to the mixture) was the female plus two unknown contributors, and Hd (the alternative proposition that the female did not) was three unknown contributors, with no conditioning on reference profiles. The LR is the probability of the evidence under Hp divided by its probability under Hd; values above 1 support Hp and values below 1 support Hd, and LRs are reported as $\log_{10}$LR.

Both software showed an LR for the female that increased with her share of the mixture, approaching a ceiling at the highest female ratios ($\log_{10}$LR ≈ 22 on 20 loci). On the shared loci, the two software agreed within about one order of magnitude in 9 of 11 mixtures. The largest divergence occurred at 1:1:1, where STRmix™ gave $\log_{10}$LR 1.7 with a 98% HPD interval that included LR=1, whereas EuroForMix gave $\log_{10}$LR 7.0. These results suggest that STRmix™ and EuroForMix give broadly consistent LRs when the contributor is well represented, whereas the differences are mainly in low-information mixtures.

In conclusion, the choice of software appeared to matter mainly when information on a contributor was limited, such as when two of the three contributors were present in similar proportions. Because these software have not yet been introduced in Korea, the present results provide preliminary data for their validation and for discussion of their future implementation in Korean forensic casework.

S-DNA&Bio-4

법과학 증거 해석에 관한 국제표준 ISO 21043-4의 필요성과 국내 도입 과제

임우섭(Wooseob Lim)[1], 김면기(Myeonki Kim)[2★]

[1]경찰대학(Korean National Police University), 아산(Asan), 대한민국(Republic of Korea)
[2]경찰대학(Korean National Police University), 아산(Asan), 대한민국(Republic of Korea)

현대 형사사법 체계에서 법과학은 실체적 진실을 규명하는 핵심적인 수단으로 자리 잡았으나, 과학적 증거에 대한 맹목적인 신뢰는 엄격한 증명을 요구하는 형사소송의 증명법칙을 훼손하고 오판을 야기할 수 있다. 이에 국내 수사기관 및 감정기관은 증거물 수집부터 분석에 이르는 과정에서 국제표준에 따라 그 신뢰성을 제고하기 위해 노력하고 있으나, 분석 결과에 대한 '해석' 단계에는 기존 표준의 요구사항이 미치지 않아 여전히 감정인의 경험과 판단에 맡겨져 있다.

실제로 1988년 '화성 8차 살인사건'에서 검증되지 않은 분석법과 충분한 근거 없이 산출된 수치에 기반한 체모 감정결과가 유죄 오판에 영향을 미친 바 있으며, 최근 확정판결이 선고된 '영월 농민회 간사 살인사건'에서는 족적 감정의 오류 가능성이 검증되지 않았다는 등의 이유로 그 증명력이 제한되면서 1심의 유죄판결이 항소심에서 무죄로 뒤집혔다. 두 사건은 감정결과에서 관찰된 특징이 다른 사람이나 물건과 우연히 일치할 가능성을 충분한 검증 없이 극히 낮은 확률로 제시하였다는 공통점을 지닌다. 이는 법과학 해석에 대한 기준의 부재가 사법적 판단에 영향을 미칠 수 있음을 보여준다.

2025년 ISO/TC 272가 발행한 ISO 21043-4(Interpretation)는 이러한 법과학 해석상의 문제를 다루는 국제표준이다. 이 표준은 대립하는 가설을 설정하고, 관찰된 특징이 감정 대상 외의 사람이나 물건에서도 나타날 가능성을 고려하여 증거가치를 평가하도록 하는 등 감정결과의 설명가능성을 확보하기 위한 요구사항을 명시하고 있다. 본 연구에서는 실제 사례와 기존 표준·지침의 한계로부터 ISO 21043-4의 필요성을 규명하고, 그 구조와 주요 내용을 살펴보고자 한다.

ISO 21043-4는 실험실 감정결과뿐만 아니라 범죄 현장에서 이루어지는 해석에도 적용된다. 즉, 국립과학수사연구원 등 감정기관과 현장감식을 담당하는 경찰 모두 이 표준의 도입 주체가 될 수 있다. 다만, ISO 21043-4는 그 자체로 인증이 가능한 표준이 아니므로, 국내 도입을 위해서는 별도의 적합성 평가 체계가 마련되어야 한다. 이에 본 발표에서는 이 표준의 도입 주체가 될 수 있는 기관의 실정을 고려하여 국내 도입을 위한 적합성 평가 방식을 함께 논의하고자 한다.

S-DNA&Bio-5

Targeted Capture Panels for Forensic DNA Phenotyping Using DNA Methylation and SNP Markers

Leejae Cho[1], Moon Hyun So[1], Hwan Young Lee[1,2★]

[1] Department of Forensic Medicine, Seoul National University College of Medicine, Seoul, the Republic of Korea
[2] Institute of Forensic and Anthropological Science, Seoul National University College of Medicine, Seoul, the Republic of Korea

While STR profiling remains the primary tool for forensic identification, it is limited when no reference sample is available. In such cases, predicting demographic characteristics—including biogeographic ancestry, age, and externally visible traits—from crime scene DNA can provide valuable investigative leads. However, obtaining multiple types of information from a single limited sample remains challenging, as each characteristic typically requires separate marker sets and sufficient DNA input. To address this, we developed two targeted capture panels—one for 893 CpG methylation markers and one for 601 SNPs using Twist hybrid capture approach.

The methylation panel includes markers for body fluid identification, tissue identification, age estimation, and lifestyle prediction using both published and in-house models. The SNP panel includes ancestry- and phenotype-informative markers from ForenSeq, Precision ID, Snipper, HirisPlex-S, and the VISAGE Enhanced Tool. Both panels were evaluated through MiSeq sequencing of 96 samples across eleven body fluid and tissue types (using 200 ng gDNA input for the methylation panel), and 101 blood DNA samples from 18 population groups (using 50 ng gDNA input for the SNP panel). Analysis of additional methylation samples is ongoing.

The methylation capture panel achieved a mean coverage of 323.8×, with 887 of 893 targets covered at ≥10×. Body fluid and tissue identification were accurate across most sample types. Age estimation was performed using tissue-appropriate models. Though array- and SBE-based models demonstrated high correlations, MPS-based models consistently achieved the best performance with the lowest MAEs (2.27–2.56 years in blood, n=15, $r \geq 0.97$; 2.34–2.87 years in semen, n=12, $r \geq 0.97$). Lifestyle prediction achieved 86.7–93.3% accuracy for smoking and BMI classification (n=15).

The SNP capture panel covered 600 of 601 targeted markers with a mean coverage of 474×, and locus and heterozygous balance were both close to 1.0. Ancestry analysis across multiple platforms (Snipper, ForenSeq, Precision ID, VISAGE, and SNU platform) clearly separated major continental populations, although some overlap was observed near population boundaries. HirisPlex-S phenotype predictions for hair and eye color were largely consistent with the expected phenotypic distributions of each population group, whereas skin color predictions showed broader distributions, especially in East and Southwest Asian populations, suggesting the need for identification of more population-specific markers.

Both panels showed stable performance across diverse body fluids and tissues, with high coverage and consistent results. Targeted capture–based workflows offer an efficient means of generating leads from unidentified samples. As forensic casework becomes more diverse, these panels would strengthen DNA-based investigative support.

ORAL

제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회

구연 S2

중독

10:00 – 11:30 | 본관 1층 포렌식마당

좌장 : 장문희 과장(국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 독성마약과)

S-중독-1	**Cerebrospinal Fluid-to-Blood Drug Concentration Ratios as a Forensic Clue to Unexpected Drug Exposure: Case Studies Following Medical Procedures** 김지현 · 국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 독성마약과	23
S-중독-2	**Forensic Analytical Strategies for Emerging Phenethylamines: Isomer- and Metabolite-Resolved Simultaneous Analysis** 정수진 · 국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 독성마약과	24
S-중독-3	**Rethinking the Dose: Women, Drugs and Society** 정희선 · 성균관대학교 과학수사학과	25
S-중독-4	**Houston Forensic Science Center (HFSC) Toxicology and Our Role in Sexual Assault Cases** Dayong Lee · Houston Forensic Science Center Toxicology	26

S-중독-1

Cerebrospinal Fluid-to-Blood Drug Concentration Ratios as a Forensic Clue to Unexpected Drug Exposure: Case Studies Following Medical Procedures

Jihyun Kim★

Forensic Toxicology & Narcotics Div., Seoul Institute, National Forensic Service, Seoul, Republic of Korea

Cerebrospinal fluid (CSF) analysis may provide complementary information to blood toxicology in deaths following medical procedures, particularly when unexpected drug exposure is suspected. However, the interpretation of CSF-to-blood drug concentration relationships remains challenging because drug-specific distribution, administration route, sampling conditions, and postmortem factors may influence the observed concentrations. This study presents four fatal cases following medical procedures to explore the forensic value and limitations of paired CSF and blood drug concentration analysis. Toxicological findings were evaluated in conjunction with available clinical information, medication records, and reported procedural findings.

In Case 1, CSF concentrations of tranexamic acid (TXA) and iohexol were markedly higher than those in cardiac blood, raising concern for disproportionate central nervous system exposure and prompting further consideration of the circumstances of drug administration. TXA is associated with severe neurotoxicity, including seizures and cardiac complications, following inadvertent intrathecal administration. Although CSF concentrations after intravenous TXA administration have been reported to be lower than plasma concentrations, this relationship cannot be directly applied as a postmortem reference range or used to determine the route of administration. In the other three cases, lidocaine concentrations in CSF were not disproportionately elevated relative to cardiac blood. These contrasting findings illustrate that CSF-to-blood concentration relationships may vary among cases and drugs. The present case series suggests that paired CSF and blood analysis may provide a useful investigative clue when interpreted alongside drug-specific properties and contextual evidence. Nevertheless, concentration differences alone cannot establish the route of administration or determine the cause of death.

S-중독-2

Forensic Analytical Strategies for Emerging Phenethylamines: Isomer- and Metabolite-Resolved Simultaneous Analysis

Sujin Jeong

Toxicology and Narcotics Division, Seoul Institute, National Forensic Service, Seoul, Republic of Korea

New psychoactive substances (NPS) continue to diversify. According to the UNODC World Drug Report 2026, 755 NPS were reported worldwide in 2024, including 118 reported for the first time. By the end of 2025, a cumulative total of 181 synthetic cathinones had been notified to the EU Early Warning System. Phenethylamine-related NPS pose analytical challenges because positional isomers can share exact masses and product ions, reference standards for metabolites are scarce, and some compounds are unstable in biological matrices. Reliable identification therefore requires analytical strategies that address both structural similarity and metabolism.

This presentation integrates an established urine analysis workflow with strategies informed by published studies for positional isomer discrimination, metabolite characterization, and interpretation of analytical findings. We used GC-MS with pentafluoropropionyl derivatization to analyze cathinones in seized materials and automated solid-phase extraction followed by LC-MS/MS for 13 newly controlled phenethylamine-related compounds. Positional isomers present a particular challenge because accurate mass measurements and shared multiple reaction monitoring transitions alone cannot establish aromatic substitution positions. We propose comparing C18, biphenyl, pentafluorophenyl, and polysaccharide-based chiral stationary phases using individual and mixed reference standards. Chromatographic selectivity should be assessed for each target isomer group. Identification should be based on retention times, diagnostic product ions, and ion ratios, with an independent confirmatory method used when necessary. Metabolite research complements isomer analysis by improving detection in specimens with low parent drug concentrations. Studies using high-resolution mass spectrometry (HRMS) can identify candidate metabolites and pathways, including O-demethylation, hydroxylation, N-debenzylation, and conjugation, depending on the parent drug structure. Proposed metabolite structures should be confirmed using reference standards, and the metabolites should be verified in authentic biological specimens. Metabolites may themselves be positional isomers, may be formed from different parent drugs, or may also be consumed as drugs in their own right.

This integrated strategy combines simultaneous analysis, chromatographic separation of isomers, and metabolite-informed screening. By distinguishing confirmed from tentative identifications, it supports reliable detection and interpretation of phenethylamine-related NPS in forensic casework.

S-중독-3

Rethinking the Dose: Women, Drugs and Society

Heesun Chung[1*], Dayong Lee[2], Yeji Jung[1], Sora An[1] and Sangki Lee[1]

Department of Forensic Science, Sungkyunkwan University
Houston Forensic Science Center, USA

For decades, drug research and clinical practice have largely followed a one-size-fits-all approach, often overlooking biological sex and gender-related differences. The historical underrepresentation of women in clinical research created a persistent knowledge gap affecting drug safety, public health, and forensic interpretation.

This keynote traces the evolution of drug research, highlighting major milestones, including the FDA's 2013 recommendation of lower initial zolpidem doses for women and the NIH's 2015 policy on considering sex as a biological variable.

The presentation examines how sex-related differences in pharmacokinetics and pharmacodynamics influence drug exposure and responses. It also explores how biological, psychological, and sociocultural factors shape women's patterns of prescription medication use, illicit drug exposure, and substance use disorders.

Particular attention is given to forensic toxicology, where identical drug concentrations do not necessarily indicate equivalent impairment or toxicity. Examples involving drug-related impairment, postmortem toxicology, and drug-facilitated crimes demonstrate the importance of considering individual circumstances when interpreting forensic evidence.

Ultimately, rethinking the dose requires moving beyond uniform assumptions toward individualized, sex- and gender-informed approaches. Integrating biological evidence with social context can improve drug safety, strengthen forensic decision-making, and promote more equitable healthcare and public health policies.

Keywords: Sex and gender differences; Drug response; Women and drugs; Forensic toxicology; Substance use disorders

S-중독-4

Houston Forensic Science Center (HFSC) Toxicology and Our Role in Sexual Assault Cases

Dayong Lee

Houston Forensic Science Center, 500 Jefferson St., 13th Floor, Houston, TX, USA

Drug facilitated sexual assault (DFSA) investigations frequently involve questions regarding intoxication, impairment, memory loss, and the inability to provide consent. The Houston Forensic Science Center (HFSC) Toxicology Section plays a critical role in supporting these investigations through the analysis and interpretation of alcohol and drug findings in biological specimens collected during sexual assault examinations. HFSC, an independent forensic laboratory serving the City of Houston, provides comprehensive toxicological testing using headspace gas chromatography, immunoassay screening, gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS), and liquid chromatography-tandem mass spectrometry (LC-MS/MS).

From 2019 through 2024, more than 29,000 toxicology cases were submitted to HFSC, including approximately 1,400 sexual assault cases, representing about 5% of the laboratory's total workload. Analysis of these cases revealed that alcohol is the most commonly encountered impairing substance. Approximately 15-25% of cases involved detectable alcohol, while drug-positive findings alone were relatively uncommon. Nearly 78% of sexual assault cases yielded no detectable drugs. Among positive findings, the most frequently identified drug classes included amphetamines, benzodiazepines, opioids, cocaine/metabolites, PCP, antihistamines, and antidepressants.

The presentation examines the role of toxicology in DFSA investigations and addresses common misconceptions regarding DFSA. Case examples are used to illustrate the toxicological and legal significance of intoxication, including the distinction between consciousness and awareness and their impact on an individual's capacity to consent. The presentation also highlights evolving legal considerations, including recent Texas legislation addressing intoxication and consent. Overall, forensic toxicology provides essential scientific evidence for evaluating impairment in sexual assault cases.

ORAL

제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회

구연 S3

화학

10:00 – 11:30 | 본관 1층 법과학실습실

좌장 : 정진미 과장(국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 화학분석과)

S-화학-1	**한·미·일 실험실 간 비교를 통한 골 콜라겐 탄소·질소 안정동위원소 분석의 재현성 검증과 전사자 유해 지리적 기원 추정** 송병열 · 국립과학수사연구원 화학과	28
S-화학-2	**Tracing the Past: Advances in Isotope Analysis and New Perspectives on Past Lifeways** 신지영 · 국립문화유산연구원 보존과학연구실	29
S-화학-3	**실시간 직접 분석 질량분석법(DART-MS)의 법과학적 적용을 위한 기초 성능 평가** 윤소희 · 한국표준과학연구원 나노바이오측정그룹	30
S-화학-4	**음주측정방해죄 시행에 따른 혈중알코올농도 역산기준의 재검토** 이창용 · 경찰청 경찰인재개발원 112지역경찰교육센터	31

S-화학-1

한·미·일 실험실 간 비교를 통한 골 콜라겐 탄소·질소 안정동위원소 분석의 재현성 검증과 전사자 유해 지리적 기원 추정

송병열, 이유란, 정선경, 박우용

국립과학수사연구원 화학과, 강원특별자치도. 대한민국

골 콜라겐의 탄소($\delta^{13}C$)·질소($\delta^{15}N$) 안정동위원소비는 식이 단백질의 조성을 반영하여 신원 미상 유해의 기원 집단 추정에 활용되어 왔다. 그러나 기관 간 자료를 통합하여 법과학적 근거로 쓰려면 전처리와 측정을 포함한 분석 전 과정의 재현성 검증이 선행되어야 한다. 본 연구에서는 한국(NFS), 미국(DPAA), 일본 세 기관이 태평양 전쟁포로 전사자 유해(공유시료)로 실험실 간 비교 시험을 수행하고, 검증된 자료를 기원 추정 모델에 적용하여 판별 능력을 검토하였다.

골 분말(0.5 g)을 탈회·알칼리 처리, 젤라틴화, 한외여과(>30 kDa)하여 콜라겐을 회수하고 EA-IRMS로 분석하였다. $\delta^{13}C_{VPDB}$와 $\delta^{15}N_{AIR}$은 USGS40, USGS41a, USGS88, USGS89로 보정하였고, USGS89로 매 분석 회차의 변동(drift)과 정확도를 확인하였다.

공유 시료 19점은 모두 원자비 C/N은 3.1-3.3으로 양호한 콜라겐 기준을 충족하였으며, 탄소안정동위원소비는 −20.9 ~ -17.5‰, 질소안정동위원소비는 9.2 ~ 13.9‰의 C3 기반 식이 양상을 보였다. 기관 간 평균 절대차는 탄소가 0.18-0.30‰, 질소가 0.22-0.28‰로 높은 재현성을 나타냈다. 검증된 자료를 선형판별분석 기반 도구인 웹기반 IsoLocate에 적용한 결과, 대부분의 시료는 C4 식물 유래 탄소의 기여가 큰 미국 및 유럽 집단과 뚜렷이 구분되었으나, 일본, 동북아시아, 동남아시아를 포함한 아시아 집단 간에는 분포가 겹쳐 국가 단위 판별이 모호하였다. 이는 쌀 중심의 C3 식이로 아시아 집단 간 차이가 분석 불확도 수준으로 작고, 대량 식량(군보급)에 의해 식이가 균질화될 수 있기 때문으로 추정된다.

결론적으로, 실험실 간 검증된 콜라겐 탄소·질소 안정동위원소비 자료는 아시아 집단과 서구 집단의 구분에는 신뢰성 있게 활용될 수 있으나, 아시아 내부의 기원 추정에는 본질적인 한계가 있다. 이를 보완할 지표로서, 치아·뼈 탄산염(생체인회석)의 산소 안정동위원소비($\delta^{18}O$)는 위도·고도·강수 기원에 따른 음용수 특성을, 스트론튬 동위원소비($^{87}Sr/^{86}Sr$)는 기반암의 지질 특성을 반영한다. 특히 속성변화(diagenetic alteration)에 강하고 유년기에 형성되는 치아 법랑질은 출생지 정보를 보존하므로, 콜라겐 자료와 결합한 다중 동위원소 접근이 아시아 내 기원 판별의 유력한 대안이 될 것이다.

S-화학-2

Tracing the Past: Advances in Isotope Analysis and New Perspectives on Past Lifeways

Ji Young Shin★, Ji A Yu, Ji Sun Choi, Min-Ji Jung

Conservation Science Division, National Research Institute of Cultural Heritage, Daejeon, Republic of Korea

Over recent decades, isotope analysis has become an integral part of archaeological science. It provides insights into palaeodiet, subsistence strategies, mobility, chronology, and individual life histories. Recent methodological advances have expanded the range of archaeological materials and isotopes available for investigation, with an emphasis on integrating multiple lines of evidence. Stable carbon ($\delta^{13}C$) and nitrogen ($\delta^{15}N$) isotope analysis of human and animal remains has been widely used to reconstruct palaeodiet, subsistence strategies, animal husbandry practices, dietary differences associated with social status, nutrition and health. Multi-isotope and multi-tissue approaches can be used to investigate dietary practices and mobility across the life course, extending beyond conventional bulk carbon and nitrogen stable isotope analysis. Compound-specific isotope analysis (CSIA) of amino acids provides further insights into dietary sources and trophic relationships, while CSIA of fatty acids helps distinguish between potential sources of lipid residues preserved in archaeological materials. The integration of molecular and compound-specific isotope analyses of organic residues provides complementary evidence for identifying foodstuffs processed in pottery and understanding past resource use and vessel function.

Accelerator mass spectrometry (AMS) enables radiocarbon dating of a wide range of carbon-containing archaeological materials. Recent advances in sample pretreatment and compound-specific radiocarbon dating of hydroxyproline open up new possibilities for minimizing the effects of contamination, while minimally destructive sampling methods can help reduce damage to valuable archaeological remains. To refine estimates of the timing of past events, radiocarbon dates can be integrated with stratigraphic information and other archaeological evidence using Bayesian chronological modelling. In addition, strontium isotope ratios ($^{87}Sr/^{86}Sr$) are increasingly used to investigate past human mobility, with interpretations supported by regional bioavailable strontium isotope baselines. Oxygen isotope ($\delta^{18}O$) analysis provides valuable insights into palaeoclimate and palaeoenvironment.

However, isotopic signatures may be influenced not only by dietary factors but also by environmental, physiological, and post-depositional processes. Reliable archaeological interpretations therefore require careful consideration of sample preservation, contamination and diagenesis, appropriate isotopic baselines, and analytical and interpretative uncertainties. Further advances in research lie in question-driven, multi-proxy approaches that integrate complementary analytical methods with archaeological evidence and context.

S-화학-3

실시간 직접 분석 질량분석법(DART-MS)의 법과학적 적용을 위한 기초 성능 평가

송지영[1,2], 백지인[1,3], 윤소희[1★]

[1]나노바이오측정그룹, 한국표준과학연구원, 대전광역시, 대한민국
[2]과학기술연합대학원대학(UST) 첨단바이오융합과, 대전광역시, 대한민국
[3]충남대학교 응용화학공학과, 대전광역시, 대한민국

실시간 직접 분석 질량분석법(Direct Analysis in Real Time Mass Spectrometry, DART-MS)은 대기압 환경에서 시료를 이온화하여 질량스펙트럼을 신속하게 얻는 기술이다. 고체·액체 등 다양한 형태의 시료를 복잡한 전처리나 크로마토그래피 분리 없이 신속하게 측정할 수 있어, 법과학적 시료의 초기 선별에 활용 가능성이 있다. 미국 국립표준기술연구소(NIST)는 신속한 측정 결과의 해석을 지원하기 위해 DART-MS 전용 스펙트럼 라이브러리, 데이터 해석 도구 및 분석법 검증 자료를 제공하고 있다. 본 발표에서는 이러한 연구 동향을 배경으로 DART-MS의 원리와 측정 흐름을 소개하고, 장비 데모 경험을 바탕으로 법과학적 분석에 적용할 때의 장점과 한계를 검토한다.

DART-MS 측정에서는 먼저 전기분무 이온화원을 사용하여 표준 화합물의 이온 및 생성 이온 정보를 확보하여 측정 조건을 설정하였다. 이후 DART 이온화원으로 전환해 온도와 전압 등 조건을 조절하면서 신호 변화를 확인하였다. 동위원소표지 내부표준물질을 이용한 검정곡선 작성하여 직선성을 평가하였고, 반복 측정을 통하여 DART-MS 결과의 재현성을 검토하였다. 이를 통해 간단한 시료 도입과 빠른 신호 획득에 대한 장점을 파악하였고, 이를 극대화하기 위해서는 이온화원 조건의 최적화와 측정 조건의 일관성 유지가 중요함을 확인하였다. 이 결과는 표준 화합물을 이용한 초기 장비 운용 결과로 분석법 검증의 완료나 실제 현장 시료에서의 성능 평가를 의미하지는 않으나, 향후 DART-MS 측정에서 표준기법 설정에 가이드를 제시할 수 있다.

마지막으로 실제 법과학 시료에 적용하기 전에 검토할 과제를 논의한다. 크로마토그래피 분리없이 얻은 혼합물 스펙트럼에서는 여러 성분의 신호를 해석해야 하며, 구조가 유사한 화합물의 구별에도 주의가 필요하다. DART-MS 기반 선행 연구와 검증 항목을 바탕으로, 이러한 해석상의 과제화 후속 평가의 필요성을 제시하고자 한다.

S-화학-4

음주측정방해죄 시행에 따른 혈중알코올농도 역산기준의 재검토

이창용[1], 조영훈[2]

[1]경찰인재개발원, 아산 충남, 대한민국
[2]국립과학수사연구원, 원주 강원, 대한민국

2025년 6월 음주측정방해행위에 관한 도로교통법 규정이 시행되면서 운전 후 추가 음주가 이루어진 사건에서 운전 당시의 주취상태를 객관적으로 판단하는 문제가 중요해졌다. 특히 음주측정방해죄는 운전 당시 혈중알코올농도가 반드시 법정 음주운전 기준 이상임을 직접 요구하기보다 '술에 취한 상태에 있다고 인정할 만한 상당한 이유'가 있는 사람이 측정을 곤란하게 할 목적으로 추가 음주 등을 한 경우를 규율한다는 점에서 혈중알코올농도 역산결과의 역할과 증명력을 재검토할 필요가 있다.

본 연구는 관련 도로교통법 규정과 위드마크 공식에 관한 대법원 판례, 국내외 선행연구 및 국립과학수사연구원의 현행 혈중알코올농도 계산 지침을 검토하고 기존 역산방식과 새로운 산정방식을 비교하였다.

검토 결과 기존 위드마크 공식은 운전 당시 혈중알코올농도를 추정하는 유용한 방법이지만, 개인별 알코올 흡수·분해의 차이, 평균값의 기계적 적용 및 약동학적 단계에 따른 오차 가능성이 한계로 지적되었다. 반면 국립과학수사연구원 산정방식은 감소율의 적용범위 조정, 총체수분량을 반영한 개인별 위드마크 상수의 산정, 평형구간과 저농도 구간의 적용 제한, 추가 음주의 별도 계산 등을 통해 이러한 불확실성을 줄이려는 특징을 가진다.

다만 수정된 산정방식에서도 실제 측정값과 차이가 발생할 수 있으므로 그 결과를 범죄 성립을 독립적으로 결정하는 기준으로 사용하기보다는 다른 객관적 정황자료와 결합된 과학적 보조자료로 활용하는 것이 타당하다. 따라서 음주측정방해 사건에서는 음주량과 음주시각, 신장과 체중 등 기초자료를 객관적으로 확보하고 산정에 사용된 변수와 계산과정을 명확히 기록하는 것이 중요하다.

또한 본 연구는 수사결과보고서 작성 시 기존 위드마크 방식과 국립과학수사연구원 방식에 따른 산정결과를 함께 제시하는 방안을 제안한다. 이를 통해 산정과정의 투명성과 검증가능성을 높일 수 있으며, 자유심증주의에 따른 증거평가 과정에서 두 산정결과를 비교함으로써 피의자의 권익 보호와 범죄사실 판단의 객관성을 함께 확보하는 데 기여할 수 있다.

ORAL

제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회

구연 S4

안전

10:00 – 11:30 | 본관 1층 과학수사학당

좌장 : 지홍근 연구관(국립과학수사연구원 부산과학수사연구소 이공학과)

S-안전-1	**Forensic interpretation of hose damage patterns: Focusing on internal pressure-inducde rupture and tool-induced damage** 박정헌 · 국립과학수사연구원 안전과	33
S-안전-2	**Development of BloodFlare-Based Paper Platform for Blood Detection and Its Potential Forensic Applications** 남궁비 · 성균관대학교 과학수사학과	34
S-안전-3	**Polycam 및 3D Gaussian Splatting을 활용한 화재 현장 내 연속 이동·근접 관찰이 가능한 가상현실 구현** 정기우 · 국립과학수사연구원 대구과학수사연구소 이공학과	35
S-안전-4	**3상 4선식 중성선 결상으로 인한 과전압 유입 사고의 기기별 PCB 소자 파손 특성 분석 및 원인 추정 연구** 임규영 · 국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 이공학과	36
S-안전-5	**에어컨 화재 사례 분석을 통한 화학적 발화 요인에 관한 고찰** 진창완 · 국립과학수사연구원 부산과학수사연구소 이공학과	37
S-안전-6	**리튬이온배터리에 의한 물류시설 화재 감식 기법** 천수영 · 국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 이공학과	38

S-안전-1

Forensic interpretation of hose damage patterns: Focusing on internal pressure-inducde rupture and tool-induced damage

Jeongheon Park, Jehyun Lee

Firearm and Trace Unit, National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea

Hoses are widely used in automotive and industrial systems, and their failure may require forensic forensic examination to determine the cause of damage or assess the possibility of intentional damage. Hose failures can result from various mechanisms, including internal pressure-induced rupture, fatigue associated with repeated , and external tool application. However, identifying the cause of failure based solely on external appearance can be challenging. This presentation examines damage patterns in various types of hoses, including automotive brake hoses, fuel oil hoses, and high-pressure hoses, focusing on morphological characteristics relevant to forensic interpretation.

Key examination features include the location and orientation of rupture, damage continuity across rubber and fiber-reinforced layers, interlayer delamination, and the presence of toolmarks such as striations. Building on a previous micro-computed tomography (micro-CT) study comparing fatigue-related and tool-induced damage in automotive brake hoses, this presentation also discusses the use of non-destructive imaging to identify internal damage and guide subsequent sectioning while minimizing the risk of evidence loss. Since damage morphology may vary depending on hose construction and service conditions, forensic interpretation requires a comprehensive assessment of multiple morphological findings. Through representative hose damage cases, this presentation highlights key considerations in forensic failure analysis and the potential value of integrating visual inspection, microscopic examination, and non-destructive imaging techniques.

S-안전-2

Development of BloodFlare-Based Paper Platform for Blood Detection and Its Potential Forensic Applications

Bi Namkung[1], MiKang Jung[1], Gahng Yun[1], Minyoung Lee[1], Si-Keun Lim[1,2,3,★]

[1]Department of Forensic Sciences, Sungkyunkwan University, Suwon, Republic of Korea
[2]ID-Cell Forensics Co., Suwon, Republic of Korea
[3]Convergence Bio Forensic Institute (CBFI), Biomedical Institute for Convergence at Sungk yunkwan University (BICS), Suwon, Republic of Korea

Blood is important biological evidence in criminal investigations, providing valuable information for personal identification and crime scene reconstruction. However, blood stains may be difficult to identify due to environmental conditions. Therefore, various presumptive blood tests are used, including luminol, phenolphthalein, and leucomalachite green. These methods may involve direct spraying of reagents or sequential reagent application. In this study, BloodFlare, a modified luminol-based reagent, was applied to a paper-based platform to develop a blood detection system that can be used directly on suspected samples without additional reagent application.

To prepare the platform, cumene hydroperoxide (CHP) was added to BloodFlare. Different solvent compositions and CHP concentrations were tested to determine the optimal conditions. The optimized reagent was applied to chromatography paper and dried. Sensitivity was evaluated using serially diluted blood samples, and specificity was tested against various biological fluids. DNA recovery and integrity were also assessed before and after reagent treatment. The platform detected blood at dilutions of up to 1:10,000. No luminescence was observed with other biological fluids, indicating specificity for blood under the tested conditions. DNA recovery and integrity showed minimal effects compared with the control, suggesting that subsequent DNA analysis may be feasible.

The paper-based BloodFlare platform allows direct and convenient testing of suspected blood samples. Its solid format may also reduce reagent dispersion and surrounding contamination associated with liquid reagent spraying, offering potential benefits for field application and workplace safety. The platform may serve as a presumptive blood testing tool compatible with subsequent DNA analysis. Further studies will assess its detection performance and stability under various environmental conditions, including aquatic environments.

S-안전-3

Polycam 및 3D Gaussian Splatting을 활용한 화재 현장 내 연속 이동·근접 관찰이 가능한 가상현실 구현

정기우[1], 김진수[1] 송재용[1], 김선재[1]★

[1]국립과학수사연구원 감정관, 대한민국

화재 감정에 있어서 현장에 대한 면밀한 검사와 분석은 화재 원인을 밝히는 데 있어서 필수적인 요소이지만, 피해 복구, 철거, 2차 사고 예방 및 환경 오염 방지를 위해 장기간 화재 현장을 보존하고 감정을 하기는 어렵다. 이러한 시간적·공간적 제약을 해결하고자 현재는 사진 촬영을 이용하여 화재 현장을 기록하고 사후에도 활용하고 있다.

사진 촬영 방식은 짧은 시간에 현장의 상황을 이미지화할 수 있다는 장점이 있지만, 연소 형상이나 각 공간 및 구조물 등을 입체적으로 파악하는 데에는 한계가 있다. 이러한 문제를 해결하고자, 화재 현장의 3차원 공간정보를 정밀하게 기록할 수 있는 3D 스캐너가 도입 및 적용되고 있으나, 전용 장비의 구입, 운용 및 취득 데이터의 후처리 등이 요구되어, 화재 조사에 있어 일상적으로 활용하기에는 제약이 존재한다.

현재 이러한 한계를 보완 하기 위해 360° 카메라로 취득한 파노라마 이미지를 이용한 Portal 방식의 가상현실(Virtual Reality) 기록 방법이 개발 및 적용되고 있으나, 관찰 위치가 촬영 위치에 한정되는 문제가 있어서, 현장 내부를 연속적으로 이동하거나 관심 부위에 근접하여 관찰하기 어렵고, 파노라마 이미지의 투영 특성상, 시각적 왜곡이 발생할 수 있다는 문제점이 존재한다. 본 연구에서는 스마트폰과 360° 카메라를 이용하여, 이러한 한계를 개선한 화재 현장 3차원 기록 방법을 구현하고 그 적용 가능성을 검토하였다.

첫 번째로는 iPhone에 탑재된 카메라와 LiDAR 센서를 활용하는 Polycam 앱을 이용하여 화재 현장의 3차원 모델을 생성하였다. 두 번째로는 360° 카메라로 촬영한 동영상에서 파노라마 이미지를 추출하고, 이미지 간 중첩 영역의 특징점을 이용하여 각 이미지의 촬영 위치와 방향을 추정한 후, 3D Gaussian Splatting(3DGS)을 적용하여 3차원 공간을 재구성하였다. 위 두 가지 방법으로 재구성한 화재 현장을 PC 및 VR 환경에서 시각화하여, 화재 현장을 사후에도 연속적으로 이동하면서 전체적인 연소 형상을 분석하고, 좁은 범위의 영역에 대한 집중적인 관찰이 가능하게 하였다.

실제 화재 현장을 Polycam과 3DGS 방식으로 각각 3차원 재구성하고, 실제 현장과 재구성 결과의 시각적 표현을 비교하였다. 또한 각 방식에 따른 시각적 표현의 차이, 연속적인 이동 및 근접 관찰 가능 여부 등을 비교하였으며, 기존의 Portal 방식과의 비교를 통해 관찰 위치의 제한이 개선되는지 확인하고, 파노라마 이미지 투영에 따른 시각적 영향의 변화를 검토하였다.

본 연구를 통해 일선 화재 감정관이나 조사관이 비교적 쉽게 접근할 수 있는 스마트폰과 360° 카메라를 이용하여, 화재 현장을 3차원으로 재구성하고, 기존 사진 촬영과 360° 파노라마 이미지 기반의 기록에서는 제한되었던 연속적인 이동과 근접 관찰이 가능한 화재 현장 기록법을 제시하였다. 이러한 연구는 기존의 화재 현장 기록 방법을 보완하고, 현장이 소실 또는 철거된 이후에도 사후 검토 및 감정에 활용할 수 있는 수단으로 적용 가능성이 있을 것으로 판단된다.

S-안전-4

3상 4선식 중성선 결상으로 인한 과전압 유입 사고의 기기별 PCB 소자 파손 특성 분석 및 원인 추정 연구

임규영★, 이승민, 천수영, 사승훈

서울과학수사연구소 이공학과, 서울, 대한민국

3상 4선식 계통의 중성선(N상) 결상으로 인한 과전압 유입 사고는 발생 직후 감정이 이루어지기보다, 수개월이 지난 후 피해 보상이나 책임 소재 규명을 위해 분석이 의뢰되는 경우가 많다. 이로 인해 현장 보존 상태가 미흡하고 직접적인 전기적 흔적이 상당 부분 소실되거나 교체되어 사고 원인을 규명하는 데 많은 어려움이 존재한다.

본 연구에서는 이러한 현실적 한계를 극복하고자, 중성선 결상으로 단상 220V 라인에 선간전압 수준의 과전압(380V)이 유입된 후 장기간 방치·수거된 주요 가전제품(냉장고, 에어컨 실외기, 프린터)을 회수하여 소자 단위의 정밀 파손 특성을 조사·분석하였다.

검사 결과, 사고 발생 후 수개월이 경과한 시점에서도 전원 계통에 위치한 퓨즈의 용단, 바리스터의 폭발 흔적, 평활 콘덴서의 팽창·터짐 현상, 파워 모스펫의 단락, 브릿지다이오드의 단락 등 과전압에 특화된 물리적·전기적 흔적이 명확히 잔존함을 확인하였다. 이를 통해 기기별 내부 회로의 차동적 소자 손상 패턴을 정립하였으며, 시간적 경과로 현장 증거가 부족한 상황에서도 기판 내부 소자의 손상 형태 분석을 통해 중성선 결상에 의한 이상전압 유입을 역추정할 수 있는 객관적인 전기화재 및 사고 감정 기법을 제시하였다.

S-안전-5

에어컨 화재 사례 분석을 통한 화학적 발화 요인에 관한 고찰

Changwan Jin[1], Hongkeun Ji[1,★], Youngjin Cho[1] Jung-A Go[2], KiWoong An[2], Dong-Kyei Lee[2]

[1]Physical Engineering Division, Busan Institute, National Forensic Service, Republic of Korea
[2]Chemistry Division, Busan Institute, National Forensic Service, Republic of Korea

최근 소방청 화재통계에 따르면 2020년부터 2024년까지 에어컨 화재는 연간 221건에서 387건으로 증가하고 있으며, 발화 원인으로는 전기적 요인이 약 79%를 차지하는 것으로 보고되어 있다. 그러나 일부 사례에서는 전기적 요인이 완전히 배제된 상태에서 화재가 발생하였으며, 에어컨 냉매 배관에서 연기와 불꽃이 발생하는 특이현상이 관찰되었다. 이에 본 연구에서는 특이현상이 발생한 에어컨 화재 사례를 분석하고, 에어컨 화재 감정 시 추가적으로 고려해야 할 발화 요인을 제시하고자 한다.

본 연구에서는 고장난 스탠드형 에어컨의 철거 과정에서 발생한 화재 사례와 사용하지 않은 벽걸이형 에어컨에서 발생한 화재 사례를 분석 대상으로 선정하였다. 두 사례의 공통점은 에어컨의 전원이 공급되지 않은 상태이고, 냉매 배관은 구리와 알루미늄이 연결된 구조이다. 첫 번째 사례에서는 배관 내부의 흑색 및 백색 계열 잔류물을 수거하고, 두 번째 사례에서는 배관 내부에 잔류한 냉매가스를 포집하여 성분을 분석하였다. 분석 결과 배관 내부 잔류물에서는 알루미늄(Al), 산소(O), 염소(Cl) 등의 원소가 검출되고, 냉매 가스에서는 클로로디플루오로메탄(R22)과 클로로메탄(R40) 성분 등이 검출됨을 확인하였다. 특히 R40은 알루미늄과 반응하여 트리메틸알루미늄 등의 반응성 유기알루미늄 화합물을 생성할 수 있으며, 생성된 화합물은 공기 중에서 산화되며 스스로 발화하는 자연발화성 물질로 보고되고 있다. 이는 R40이 혼입된 냉매와 알루미늄 배관이 반응하여 생성된 자연발화성 물질이 공기 중으로 누출되는 경우 발화될 수 있음을 의미한다. 최근 R40이 혼입된 가짜 냉매가 제조 및 유통되고 있다고 언론에 보고되고 있으며, 본 연구에서 분석한 사례 외에도 R40이 혼입된 가짜 냉매를 사용한 에어컨에서 화재가 발생할 수 있음을 시사한다. 따라서 에어컨 화재 감정 시 전기적·기계적·인적 요인 외에 화학적 요인으로 인한 발화 가능성도 함께 고려해야 할 것으로 사료된다.

S-안전-6

리튬이온배터리에 의한 물류시설 화재 감식 기법

천수영★, 임규영, 이승민, 사승훈

국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 이공학과

최근 물류창고 내 리튬이온배터리를 탑재한 전자기기, 에너지저장장치(ESS) 및 물류 자동화 설비의 보급이 급증함에 따라, 배터리 관련 대형 화재 위험이 핵심 현안으로 대두되고 있다. 본 연구는 지난 2026년 7월 발생한 쿠팡 물류센터 화재 사례를 바탕으로, 리튬이온배터리의 전기적·열적 결함에 따른 발화원 추정 과정을 법과학적 관점에서 정밀 분석하였다.

현장 감식 데이터, 연소 잔해 수거물과 동종 대조품의 비교 분석 및 CCTV 영상 분석 결과, 리튬이온배터리 셀 자체 결함에 의한 화재 가능성을 고려해 볼 수 있었다. 현장에 적재된 제품은 소비자에게 판매되기 이전, 즉 사용 빈도가 거의 없는 배터리에서의 화재로, 사용 과정에서 충전과 방전을 반복하지 않은 배터리인바, 리튬이온배터리 셀 내부의 단락, 배터리 관리 시스템(BMS) 또는 보호회로(PCM)의 오작동 등에 기인하여 배터리 셀이 절연파괴되는 과정에서 발화되었을 가능성을 고려해 볼 수 있었다. 본 연구는 배터리 화재 감식을 위한 잔해 X선/CT 비파괴 분석 기법, BMS 및 PCM의 회로 기능 이상 여부 분석 기법 및 원거리에서 촬영되어 왜곡된 CCTV 영상의 분석 기법 등을 제시하여, 유사 배터리 화재 조사 시 과학적 원인 규명률을 높이고 화재 안전 기준 강화를 위한 기술적 토대를 제공하고자 한다.

ORAL

제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회

구연 S5
모빌리티

10:00 – 11:30 | 본관 1층 구내식당

좌장 : 조건우 연구관(국립과학수사연구원 교통과)

S-모빌리티-1	**하이브리드 및 전기차량의 제동특성에 관한 연구** 이창인 · 국립과학수사연구원 교통과	40
S-모빌리티-2	**EDR 기록이 없는 보행자 충격 사고에서 블랙박스 엔진음과 재현실험을 이용한 페달 조작 규명** 김송희 · 국립과학수사연구원 교통과	41
S-모빌리티-3	**사고기록장치(EDR)에 대한 사회적 신뢰 확보를 위한 공개 실차 충돌 시험 — K-CRASH 2026 사례** 이재형 · 국립과학수사연구원 교통과	42
S-모빌리티-4	**Development and Validation of a Forward Collision-Avoidance Assist System for Junction Turning (FCA-JT) at Unprotected Intersections** 양진호 · 현대모비스 자율주행SW개발실	43
S-모빌리티-5	**교통사고 감정업무의 AX를 위한 AI 기반 분석기술 개발 및 적용 연구** 오원택 · 국립과학수사연구원 교통과	44

S-모빌리티-1

하이브리드 및 전기차량의 제동특성에 관한 연구

이창인[1,2], 오원택[1], 전우정[1], 이재형[1], 박정우[1], 김송희[1]

[1]국립과학수사연구원, 원주, 대한민국
[2]국민대학교 자동차공학과, 서울, 대한민국

본 연구는 하이브리드 및 전기차량의 제동 과정에서 나타나는 회생제동과 유압제동의 작동 양상을 분석하고자 하였다. 내연기관 차량을 대상으로 한 선행연구에서는 차량 속도와 마스터 실린더 압력을 이용한 제동페달 행정(PT) 추정 가능성을 제시하였다. 그러나 회생제동이 함께 작동하는 하이브리드 및 전기차량에서는 두 제동방식의 분담에 따라 압력과 PT의 관계가 달라질 수 있으므로, 기존 추정방법의 적용 가능성을 검토할 필요가 있었다. 이에 선행연구의 후속 연구로 하이브리드 및 전기차량의 제동특성을 분석하고, 이러한 특성이 PT 추정에 미치는 영향을 살펴보았다.

제동 과정에서는 유압제동 중심, 회생제동 중심, 유압·회생제동 동시 작동, 두 제동방식의 분담이 전환되는 크게 네 가지로 분류할 수 있는 특성이 나타났다. 유압제동 중심 구간에서는 높은 압력이 유지되었고, 회생제동 중심 구간에서는 낮은 압력에서도 차량이 감속하였다. 동시 작동 구간에서는 유압과 회생 토크가 함께 나타났으며, 전환 구간에서는 PT가 일정한 상태에서도 회생 토크가 증가하면서 압력이 낮아지고 저속에서 다시 상승하였다. 또한 일부 시험에서는 초기속도와 최대압력이 같아도 서로 다른 PT가 나타났다.

이상의 결과는 HEV·EV에서 회생제동과 유압제동의 분담 변화가 마스터 실린더 압력과 PT의 대응관계에 영향을 미침을 보여준다. 따라서 내연기관 차량에 적용한 속도·압력 기반 추정만으로 HEV·EV의 PT를 정량적으로 해석하는 데에는 한계가 있으며, 회생제동의 작동 상태와 제동 진행 과정을 반영하는 후속 연구가 필요하다.

S-모빌리티-2

EDR 기록이 없는 보행자 충격 사고에서 블랙박스 엔진음과 재현실험을 이용한 페달 조작 규명

김송희[1★], 이창인[1,2], 최원호[1,2], 오원택[1], 이재형[1], 박정우[1], 전우정[1]

국립과학수사연구원 교통과, 원주, 대한민국[1]
국민대학교 자동차공학과, 서울, 대한민국[2]

본 연구에서는 정차 중이던 차량이 급출발하여 횡단보도의 보행자를 충격한 사고에서 운전자의 페달 조작을 규명하였다. 사고 차량에서 추출한 EDR 데이터는 사고 상황과 일치하지 않아 활용할 수 없었다. 사고 차량의 블랙박스 영상 음향을 스펙트로그램으로 분석하여 엔진 회전음을 추출하였고, 실차에 페달 답력 센서를 설치하고 가속-제동 페달 작동량별 재현실험을 수행하여 사고 영상의 음향과 비교하였다.

분석 결과, 사고 당시 엔진 회전 주파수는 공회전 상태(약 24Hz)에서 2.3초만에 약 96Hz까지 상승하였으며, 이는 가속 페달을 100% 작동시킨 실험 결과와 일치하였다. 충격 직전에 제동 등이 점등되었으나, 음향 변화 양상은 제동 페달을 밟지 않은 조건과 유사하여, 유의미한 제동은 없었던 것으로 판단되었다. 또한 사고 영상에서 출발부터 충격까지의 시간(약 2.96초)이 음향상 회전수 상승 구간(약 3초)과 일치하여 출발과 동시에 최대 가속이 이루어졌음을 확인하였다. 이는 EDR 데이터가 없는 경우에도 블랙박스 음향 분석과 재현실험을 통해 운전자의 페달 조작으로 정량적으로 추정할 수 있음을 보여준다.

S-모빌리티-3

사고기록장치(EDR)에 대한 사회적 신뢰 확보를 위한 공개 실차 충돌 시험 — K-CRASH 2026 사례

Jaehyeong Lee[1,★], Changin Lee[2], Jungwoo Park[1], Songhui Kim[1], Wontaek Oh[1], Woojung Jeon[1]

[1]Traffic Accident Analysis Division, National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea
[2]Department of Automotive Engineering, Kookmin University, Seoul, Republic of Korea

사고기록장치(EDR)는 교통사고 감정에서 충돌 직전 운전자 조작과 차량 거동을 확인하는 핵심 증거로 자리 잡았으나, 일반 국민의 신뢰는 여전히 충분하지 않다. 특히 급발진이 주장되는 사고에서 EDR에 가속페달 조작과 제동 미작동이 기록된 경우, 기록 자체의 신뢰성이 문제로 제기되는 사례가 반복되고 있다. EDR이 법과학적 증거로서 그 기록을 신뢰하지 않는 사람들에게까지 사회적 수용성을 갖추려면, 그 기록이 실제 차량 상태를 얼마나 충실히 반영하는지를 누구나 확인할 수 있는 방식으로 검증할 필요가 있다.

본 연구는 이러한 문제의식에서, 대중과 언론에 공개된 실차 충돌 시험을 통해 EDR 기록의 충실성을 검증하고자 하였다. 시험은 실사고 재현, 사고기록 추출, 원인 분석 과정을 공개적으로 연결한 실차 충돌 시연 행사인 K-CRASH 2026(한국자동차모빌리티안전학회, 2026년 10월, KIAPI 대구주행시험장)에서 수행하였다. 충돌 차량(기아 셀토스 SP3)은 급차로변경, 교차로 유턴, 가속, 전방 정차 차량 회피를 위한 급조향을 거쳐, 교차로에 가로로 정지한 피충돌 차량(KG모빌리티 액티언 하이브리드)을 발견한 뒤 가속·제동 페달을 동시에 조작하여 브레이크 오버라이드 작동을 유도하고, 운전석 앞 바퀴에 약 30 km/h로 충돌하였다.

분석에서는 충돌 전 20초간 0.1초 간격으로 기록된 EDR 데이터(차속, 가속페달 개도, 제동 작동, 조향각 등)를 세 가지 기준과 대조한다. 첫째, 사전에 설계된 시나리오에 따라 운전자가 실제 수행한 조작 순서와 시점, 둘째, 동일 구간의 CAN 버스 신호, 셋째, PC-Crash로 재구성한 충돌 전 궤적과 충돌 속도·ΔV이다. 특히 급발진 논란의 핵심인 가속·제동 페달 기록이 실제 조작과 일치하는지, 페달 동시 조작과 브레이크 오버라이드 작동이 EDR에서 어떻게 기록되는지를 중점적으로 확인한다.

본 발표에서는 이 비교 결과를 바탕으로 EDR 기록의 충실성과 그 범위를 제시하고, 공개 실차 시험이 EDR에 대한 사회적 불신을 과학적 검증으로 해소하는 수단이 될 수 있는지 논의한다.

S-모빌리티-4

Development and Validation of a Forward Collision-Avoidance Assist System for Junction Turning (FCA-JT) at Unprotected Intersections

Jinho Yang[1,★]

[1]*Division of Autonomous Driving SW Development, Hyundai Mobis Corporation, Yong-in, Republic of Korea*

Unprotected turning maneuvers at intersections present a significant collision risk because the paths of turning and oncoming vehicles intersect under limited visibility and rapidly changing traffic conditions. This paper describes the development and validation framework of a Forward Collision-Avoidance Assist for Junction Turning (FCA-JT) system designed to mitigate such conflicts through automated emergency braking. The perception algorithm identifies relevant oncoming vehicles, estimates their relative positions and velocities, and maintains target continuity as the ego vehicle enters the intersection. Based on these estimates, the decision algorithm predicts potential trajectory overlap, evaluates the temporal proximity of the vehicles to the conflict region, and determines whether braking intervention is warranted. Particular attention is given to balancing timely intervention against unnecessary braking under uncertainty in target motion and ego-vehicle turning behavior. System limitations are examined across representative challenging conditions, including partial sensor occlusion, target misassociation, abrupt speed changes, low relative speeds, and variations in intersection geometry and turning paths. A scenario-based verification procedure is outlined using simulation and vehicle-level testing to assess object recognition consistency, collision-risk classification, intervention timing, and collision avoidance or impact-speed reduction. Boundary cases and false-positive interventions are also considered to identify operational constraints and guide further calibration. The study provides a systematic basis for evaluating FCA-JT functionality and its robustness in safety-critical intersection scenarios.

S-모빌리티-5

교통사고 감정업무의 AX를 위한 AI 기반 분석기술 개발 및 적용 연구

오원택[1], 한현서[1], 박정우[1], 최영수[2], 전우정[1]

[1]국립과학수사연구원 교통과, 원주, 대한민국
[2]대전과학수사연구소 이공학과, 대전, 대한민국

교통사고 감정업무는 사고 영상 및 차량 데이터의 반복적인 확인, 사고시점 특정, 차량 거동 분석, 속력 산출 등 다양한 분석 절차로 구성되며, 상당 부분이 감정인의 수작업에 의존하고 있다. 특히 감정의뢰 건수 및 분석 대상 데이터의 증가로 업무 효율성 향상과 분석 절차의 표준화가 요구되고 있다. 본 연구에서는 교통사고 감정업무의 인공지능 전환(Artificial Intelligence Transformation, AX)을 위한 AI 기반 분석기술을 개발하고, 실제 감정업무에 적용할 수 있는 자동화 체계를 구축하였다.

이를 위해 OCR(Optical Character Recognition) 기반 데이터 자동 추출 기술과 AI 비전 기반 차량 거동 분석 기술을 개발하였다. OCR 기반 시스템은 사고 관련 문서, 영상 및 EDR(Event Data Recorder) 데이터에서 감정에 필요한 정보를 자동으로 추출하고 분석하도록 구현하였다. 또한 AI 영상분석 시스템은 객체 검출 및 추적 기술을 활용하여 사고차량 추적, 충돌시점 추정, 차량 속력 산출, 이동 궤적 및 선회반경 분석 등의 기능을 수행하도록 개발하였다. 개발된 시스템은 실제 교통사고 감정업무에 적용하였으며, 외부 AI 서비스와 연계하지 않는 내부망 기반 구조를 채택하여 개인정보 및 민감 감정자료의 보안성을 고려하였다.

이러한 기술은 기존 수작업 중심의 반복적인 분석 절차를 자동화하고, 감정업무의 효율성 및 분석 결과의 일관성을 향상시킬 수 있는 기반을 제공한다. 향후에는 개별 분석기술을 통합하고, 감정 적합성 판단, 차량 거동 정량화, 회피 가능성 분석 및 보고서 생성 기능을 연계하여 보험사기 및 고의교통사고 분석을 지원하는 지능형 감정 시스템으로 고도화하고자 한다.

ORAL

제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회

구연 S6
디지털

10:00 – 11:30 | 본관 1층 다목적체육실

좌장 : 이건영 교수(강원대학교)

S-디지털-1	**디지털 포렌식 환경을 위한 로컬 LLM 기반 대화 검색 시스템 설계 및 구현** 박송희 · 국립과학수사연구원 디지털과	46
S-디지털-2	**A Forensic Speaker Comparison System Using Deep Speaker Embeddings and Likelihood-Ratio Calibration** 이충식 · 국방부조사본부 과학수사연구소 영상문서지문과	47
S-디지털-3	**초소형·변종 불법촬영 기기의 디지털포렌식 분석에 관한 사례 연구** 이정환 · 국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 이공학과	48
S-디지털-4	**잠금 상태 스마트폰에서 추출된 BFU 데이터에서 유의미한 증거 식별 및 분석 사례** 이지우 · 국립과학수사연구원 디지털과	49
S-디지털-5	**수·발신 운영체제와 전송 화질에 따른 카카오톡 전송 JPEG의 구조적 특징과 법과학적 활용** 조수연 · 국립과학수사연구원 디지털과	50

S-디지털-1

디지털 포렌식 환경을 위한 로컬 LLM 기반 대화 검색 시스템 설계 및 구현

박송희[1], 표영빈[1], 이지우[1], 심규선[1,★]

[1]국립과학수사연구원, 디지털과, 원주, 대한민국

모바일 메신저의 사용이 증가함에 따라 디지털 포렌식 환경에서 분석해야 하는 대화 데이터의 규모가 확대되고 있다. 수집된 데이터에는 사건과 관련성이 낮은 대화와 광고성 메시지 등이 혼재되어 있어 분석관이 모든 내용을 직접 검토하는 데 상당한 시간이 소요된다. 기존 키워드 기반 검색은 특정 단어를 포함하는 메시지를 탐색하는 데 효과적이지만 은어나 우회적인 표현이 사용되거나 여러 메시지의 맥락을 종합해야 하는 경우에는 관련 대화를 식별하는 데 한계가 있다. 대규모 언어 모델(Large Language Model, LLM)은 이러한 한계를 보완할 수 있으나 민감한 수사 데이터를 외부 서버로 전송하는 방식에는 보안 및 데이터 관리 측면의 제약이 존재한다. 이에 본 연구에서는 로컬 환경에서 대화의 의미와 맥락을 분석하여 관련 정보를 탐색할 수 있는 LLM 기반 대화 검색 시스템을 설계하고 구현하였다.

제안 시스템은 데이터 전처리, 대화 세그먼트 생성, LLM 기반 쿼리 확장, 후보 검색 및 관련성 판단 단계로 구성된다. 먼저 모바일 포렌식 데이터에서 분석 목적에 부합하지 않는 채팅방을 제외하고, 미디어 메시지 정규화, 중복 제거 및 연속 발화 병합 등의 전처리를 수행한다. 이후 대화 내용을 검색에 적합한 단위로 분할하기 위해 세그먼트를 생성한다. 메신저 대화는 시간에 따라 주제가 변화하며 하나의 대화 맥락이 여러 메시지에 걸쳐 형성될 수 있으므로 적절한 세그먼트 생성이 중요하다. 지나치게 긴 세그먼트는 검색 대상과 무관한 내용을 포함하여 관련 정보의 의미를 희석할 수 있으며 반대로 지나치게 짧은 세그먼트는 대화의 연속성을 단절시켜 맥락 파악을 어렵게 할 수 있다.

이에 본 연구에서는 검색 시스템에 적합한 세그먼트 생성 방식을 선정하기 위해 시간 간격 기반 분할을 기준으로 Perplexity(PPL) 기반 분할, Margin Sampling(MSP), 임베딩 유사도 기반 분할 및 이들의 조합을 비교하였다. 분할 성능은 수작업으로 정답 경계를 구축한 8개 채팅방의 1,079개 메시지를 대상으로 평가하였으며, 경계 일치도와 세그먼트 범위의 적절성을 확인하기 위해 Boundary F1, Pk 및 Segment Intersection over Union(IoU)을 활용하였다. 실험 결과, 시간 간격만을 이용한 방식은 Boundary F1 0.534, Pk 0.299, Segment IoU 0.657을 기록하였으며, 시간 간격과 임베딩 유사도를 결합한 방식은 각각 0.540, 0.277, 0.673으로 세 지표 모두에서 가장 우수한 성능을 보였다. 이에 따라 세 평가 지표에서 가장 우수한 성능을 보인 시간 간격과 임베딩 유사도 결합 방식을 최종 검색 시스템에 적용하였다.

제안 시스템은 LLM 기반 검색 질의 확장과 관련성 판단을 통해 대화의 의미와 맥락을 고려한 검색을 지원한다. 실제 포렌식 데이터를 활용한 평가를 통해 관련 채팅방을 누락하지 않으면서 검토 대상 채팅방을 줄일 수 있는 가능성을 확인하였다.

S-디지털-2

A Forensic Speaker Comparison System Using Deep Speaker Embeddings and Likelihood-Ratio Calibration

Choongsik Lee★

Defense Forensic Service, Criminal Investigation Command, Ministry of National Defense, Seoul, Republic of Korea

Deep speaker embeddings have greatly improved speaker recognition. However, their similarity scores are not probabilities and cannot be reported directly as strength of evidence in forensic casework. We designed and implemented a forensic speaker comparison system that converts scores from pretrained embedding models into prior-independent log10 likelihood ratios (LRs), and whose results can be validated and reproduced.

Embeddings come from ECAPA-TDNN (SpeechBrain), ResNet34-LM and CAM++ (WeSpeaker ONNX), and scores are computed with cosine, cosine-LDA or PLDA back-ends. Case and calibration audio follow the same rule: they are split into 3 s windows with a 1.5 s hop and the segment embeddings are averaged, so that both score distributions come from the same processing conditions.

We tested whether zero-padding audio of different lengths into one batch changes the embedding of the same audio. On 24 excerpts of 0.6–6 s, cosine similarity to embeddings computed one at a time was:

We propose an all-pairs calibration scheme: Speakers are split into disjoint back-end training, calibration and validation sets. All within-speaker pairs and all between-speaker combinations are used. Prior-weighted logistic regression ($\pi = 0.5$) removes the effect of the pair-count ratio.

In a synthetic test with 100 times more different-speaker than same-speaker pairs, unweighted regression biased log10 LR by about −2.1. ELUB bounds limit overstated LRs, and a 95% interval for validation Cllr is estimated by a speaker-level bootstrap.

The system is implemented as a MATLAB application with a Python inference bridge. For reproducibility it: keeps SHA-256 hashes of the original audio and an edit log; records the processing conditions (model-file hash, VAD, segmentation rule, padding policy) in the calibration file and a JSON sidecar; warns when case and calibration conditions differ, or when the case utterance duration falls outside the calibration range.

S-디지털-3

초소형·변종 불법촬영 기기의 디지털포렌식 분석에 관한 사례 연구

이정환[1★]

[1]서울과학수사연구소 이공학과 디지털분석실, 서울, 대한민국

최근 통신/센서/AI 기술의 발달로 불법 촬영 기기가 초소형화·지능화되면서, 생활 밀착형 사물로 정교하게 위장되거나 Wi-Fi 및 클라우드 기반 실시간 원격 전송 기능을 탑재하는 등 범행 수법이 고도화되고 있다. 이러한 변종 기기는 고도의 물리적 은닉성과 즉각적인 데이터 분산 특성으로 인해 육안 식별 및 기존 탐지 장비에 의한 적발을 무력화하며, 촬영물의 즉시 유포로 인한 비가역적 피해 확산 위험을 초래한다. 이에 따라 지능화된 불법촬영 범죄의 실제 운용 양태와 기기별 기술적 특성을 실증적으로 규명하고, 디지털포렌식 관점에서 체계적인 증거 수집 및 분석이 필요하다.

본 연구에서는 수동형 적외선 감지 및 클라우드 녹화 기능을 갖춘 스마트 네트워크 카메라의 로그를 대상으로 기기 식별 체계와 통신 메커니즘을 심층 분석하였다. 로그 분석을 통해 주 디바이스 ID(VUID), P2P ID, WLAN MAC 주소 및 로컬 네트워크 환경을 추출하고, 펌웨어 버전을 식별하였다. 또한 외부 통신 구조에서는 Eye4 인증 및 알람 서버, 클라우드 스토리지 엔드 포인트, 다중 하트 비트·푸시 서버와의 연동을 추적하여 대규모 업로드 트랜잭션의 동작 경로를 확인하였다.

기존까지의 불법 촬영기기들은 단순히 제품을 구매하여 설치하는 수준이였다면, 최근 변종 불법 촬영기기들은 범죄자의 필요에 따라 다르게 설계된 제품을 생활 밀착형 사물안에 네트워크와 전원을 연결한 후, 사람을 판별하는 딥러닝 기반 감지 모듈을 사용하는 지능화된 기기로 이러한 기기의 분석 사례가 많아질 것으로 예상됨.

S-디지털-4

잠금 상태 스마트폰에서 추출된 BFU 데이터에서 유의미한 증거 식별 및 분석 사례

이지우★, 원윤구, 김지훈, 표영빈, 이정환, 심규선, 변준석

국립과학수사연구원 디지털과, 원주, 대한민국

최근 스마트폰의 보안이 강화되면서 비밀번호 등으로 잠긴 기기에 저장된 사용자 데이터와 내부 자료를 분석하기 어려워졌다. 다만 일부 국외 모바일 포렌식 도구는 잠금 상태의 스마트폰에서도 제한된 데이터를 획득할 수 있는 BFU 추출 기능을 지원한다[1], [2]. 잠금 상태 스마트폰에서 추출된 BFU 데이터에는 일반적인 메신저 데이터베이스나 멀티미디어 자료 등 주요 사용자 데이터가 포함되어 있지 않다. 그러나 사용자 계정 정보와 시스템 기록을 비롯한 시스템 영역의 데이터에는 유의미한 법과학적 증거가 남아 있을 수 있다.

먼저 아이폰과 삼성 안드로이드 스마트폰에서 추출된 BFU 데이터에서 최초 사용자 계정 등록 시점, 네트워크 로그의 시작 시점 및 설치된 앱 목록 등을 종합하면 기기의 초기화 여부와 시점을 판단할 수 있다. 초기화된 스마트폰은 잠금 비밀번호를 알아내어 추가로 분석하더라도 초기화 이전에 기기 내부에 저장되어 있던 사건 관련 자료를 확보하기 어렵다. 따라서 기기가 초기화된 사실을 미리 확인하면, 초기화 이전의 자료를 얻기 위해 잠금 비밀번호 해제를 계속 시도하는 일을 피할 수 있어 수사력 낭비를 줄일 수 있다.

아이폰의 BFU 추출 데이터에서는 사용자의 키보드 입력과 관련된 기록을 분석할 수 있으며, 메시지 및 메신저 앱 등에서 작성한 문자 입력 흔적이 포함될 수 있음을 실험적으로 확인하였다. 분석 대상인 키보드 학습 기록은 사용자가 이전에 입력한 문구나 문장을 자동완성 기능에 활용하여 동일한 내용을 반복해서 입력할 필요를 줄이는 데 쓰이는 시스템 서비스이다. 실제로 잠금 비밀번호를 공개하지 않은 마약 거래 혐의자의 아이폰에서 키보드 입력 기록을 분석하여 거래 주소와 장소를 확인하였고, 해당 정보가 범죄 혐의를 입증하는 중요한 법적 증거로 채택된 사례가 있다.

삼성 안드로이드 스마트폰에서 추출된 BFU 데이터에서는 IMS 서비스[3]와 관련된 메시지 수·발신 기록과 메시지에 첨부된 파일 자료(사진, 동영상, 녹음 파일 등)를 분석할 수 있음을 확인하였다. 안드로이드 스마트폰에서는 IMS 서비스를 통한 흔적이 안드로이드 시스템 영역에서 관리되어 BFU 데이터에도 포함된 것으로 추정된다.

이 밖에도 잠금 상태 스마트폰에서 추출된 BFU 데이터에서 확인한 메모, 메시지, 사진 및 네트워크 정보 등을 바탕으로 사용자의 잠금 비밀번호에 관한 단서를 추적하여 비밀번호를 알아낸 사례가 있다.

본 연구는 이처럼 잠금 상태 스마트폰의 BFU 추출 데이터에 남은 시스템 기록과 제한적인 사용자 데이터를 분석함으로써, 기기의 초기화 여부를 판단하고 범죄 관련 단서와 유의미한 증거를 식별한 사례를 제시한다.

[1] A. Kovalyk, “iOS Forensics Advanced Logical File System Extraction and CHECKM8 for iPhones,” Cellebrite, Jan. 3, 2023. [Online]. Available: https://cellebrite.com/en/blog/ios-forensics-advanced-logical-file-system-extraction-and-checkm8/. Accessed: Nov. 6, 2026.

[2] Magnet Forensics, “How To Get the Most Out of Your Magnet GRAYKEY Extractions,” June 16, 2023. [Online]. Available: https://www.magnetforensics.com/blog/how-to-get-the-most-out-of-your-graykey-extractions/. Accessed: Nov. 6, 2026.

[3] 3GPP, IP Multimedia Subsystem (IMS); Stage 2, 3GPP TS 23.228, ver. 19.4.0, Release 19, Jan. 2026. [Online]. Available: https://www.etsi.org/deliver/etsi_ts/123200_123299/123228/19.04.00_60/ts_123228v190400p.pdf. Accessed: Nov. 6, 2026.

“이 논문은 행정안전부 주관 국립과학수사연구원 중장기과학수사감정기법연구개발(R&D)사업의 지원을 받아 수행한 연구임 (NFS2024DTB03)”

S-디지털-5

수·발신 운영체제와 전송 화질에 따른 카카오톡 전송 JPEG의 구조적 특징과 법과학적 활용

조수연[1], 전종주[1], 나기현[1]

[1]국립과학수사연구원 법공학부 디지털과, 원주시, 대한민국

모바일 메신저로 전송받은 사진은 발신 시의 압축 처리와 수신·저장 과정에 따른 데이터의 구조적 변화가 남을 수 있다. 본 연구는 카카오톡으로 전송된 JPEG의 메인 이미지와 썸네일을 분석하여, 발신 운영체제와 전송 화질 및 수신 경로를 추정하는 데 활용할 수 있는 특징을 검토하였다.

발신·수신 환경은 Android, iOS, Window 11로 구성하였다. 모바일 발신은 저용량, 일반, 원본의 세 가지 화질 설정을 대상으로 하였으며, PC 발신은 원본 전송으로 추정되는 단일 조건으로 구분하여 21개 전송 조건을 비교·분석하였다. JPEG의 양자화 테이블(DQT), 프레임 유형(SOF), 허프만 테이블(DHT), 응용 마커(APP), 재시작 간격(DRI)의 구성과 배열, 메인 이미지 및 썸네일 해상도를 분석하고 세그먼트 해시와 파일 전체 해시를 비교하였다.

모바일 저용량·일반 화질 전송에는 수신된 JPEG의 DQT와 마커 배열이 발신 운영체제에 따라 구분되었다. 이를 화질별 DQT와 함께 비교하여 발신 운영체제와 화질을 구분하였고, 두 화질의 DQT가 동일한 일부 iOS 발신본에서는 해상도를 보조 근거로 활용하였다.

원본 화질로 전송하고, Android나 Window 11로 수신 받은 경우에는 전송 전후 파일의 해시가 동일하여 원본이 유지됨을 확인하였다. 반면 iOS 수신본에서는 화질 설정과 관계없이 썸네일이 변경되거나 새로 생성되었고, 일부 APP 메타데이터도 변경되었다.

총 21개 조건 중 저용량·일반 화질로 전송한 12개의 조건에서는 발신 운영체제와 전송 화질이 무엇인지 구분할 수 있었다. 또한 iOS 수신에 해당하는 7개 조건에서는 규칙적인 썸네일 의 변화가 관찰되었다. 두 특징이 중복된 4개 조건을 제외하면 총 15개 조건에서 추정 근거를 확보하였다.

카카오톡 전송 JPEG에는 발신 측의 압축 처리와 수신 측의 저장 처리가 서로 다른 구조적 흔적으로 남는다. DQT와 마커 배열은 발신 운영체제와 저용량·일반 화질을 구분하는 단서가 되었으며, 썸네일과 메타데이터의 변화는 iOS 수신 여부를 추정하는 단서가 되었다. 따라서 수신된 JPEG에서 발신 운영체제와 전송 화질의 후보를 좁히고, iOS 수신 여부를 추정하는 판단 근거로 활용할 수 있다. 다만 이러한 특징은 본 실험에서 사용한 카카오톡 및 운영체제 버전 조건에서 확인된 결과이며, 앱과 운영체제의 업데이트에 따라 압축 및 저장 처리 방식이 달라질 수 있다. 따라서 버전 변화의 영향을 고려한 지속적인 추적 검증이 필요하다.

ORAL

제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회

구연 S7
심리

10:00 – 11:30 | 법의학동 2층 상황실

좌장 : 지형기 연구관(국립과학수사연구원 법의검사과)

S-심리-1	**Comparison of Prefrontal Oxygenated Hemoglobin Responses Associated with Mental Countermeasure Use** 김기평 · 국립과학수사연구원 법의검사과	52
S-심리-2	**오버킬(Overkill)의 개념 고찰 및 국내 적용성에 관한 연구** 전소현 · 순천향대학교 대학원 법과학과	53
S-심리-3	**Analysis of Psychophysiological Response Directionality by Question Type in the Utah Four-Question Test: A Comparison with the Utah Three-Question Test** 김태호 · 국립과학수사연구원 법의검사과	54
S-심리-4	**PPG-Based Phasic and Tonic Cardiovascular Indicators in the Concealed Information Test: Feasibility, Optimal Analysis Window, and Incremental Validity** 홍현기 · 국립과학수사연구원 법의검사과	55

S-심리-1

Comparison of Prefrontal Oxygenated Hemoglobin Responses Associated with Mental Countermeasure Use

Kipyoung Kim[1], Hyungki Ji[1], Hyeongi Hong[1]★

[1]National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea

In psychophysiological detection of deception, the use of mental countermeasures is recognized as a major factor that can reduce the accuracy of examination outcomes. In the present study, functional near-infrared spectroscopy (fNIRS) was used to analyze differences in prefrontal oxygenated hemoglobin (HbO) responses associated with the use of mental countermeasures and to identify the neurophysiological characteristics related to their use. Ninety participants were assigned to three groups of 30 each: an innocent (no deception indicated, NDI) group, a guilty (deception indicated, DI) group, and a mental countermeasure (CM) group. During the psychophysiological examination, changes in HbO were recorded from 15 prefrontal channels using an fNIRS device. A mixed-design analysis of variance was conducted to test group differences in responses to comparison questions (CQ) and relevant questions (RQ), and response characteristics of the ventrolateral prefrontal cortex (VLPFC) and of specific time windows were further analyzed. The results showed significant main effects of question type ($F(1, 87) = 4.36$, $p = .040$) and group ($F(2, 87) = 6.38$, $p = .003$) on overall prefrontal HbO responses. Post hoc comparisons revealed that the NDI group exhibited significantly lower HbO responses than both the DI and CM groups, whereas the difference between the DI and CM groups was not significant. In particular, a significant group difference was observed in the RQ condition ($F(2, 87) = 5.14$, $p = .008$), and group differences were also significant in the 7.3–14.6 s window after stimulus onset ($F(2, 87) = 6.39$, $p = .003$). These findings suggest that the mental countermeasure group may exhibit prefrontal HbO response characteristics that are distinguishable from those of the innocent group. However, given that no significant difference was found between the mental countermeasure group and the guilty group, further research is needed on the feasibility of identifying mental countermeasure use with fNIRS.

S-심리-2

오버킬(Overkill)의 개념 고찰 및 국내 적용성에 관한 연구

전소현[1], 김수연[1], 신윤지[1], 조민재[1], 김성희[2,★]

[1]순천향대학교 법과학대학원 석사과정 [2]순천향대학교 법과학대학원 교수

오버킬(overkill)은 일반적으로 피해자를 사망에 이르게 하는 데 필요한 수준을 넘어선 폭력으로 이해되지만, 구체적인 정의와 판정 기준에 대해서는 명확한 합의가 이루어지지 않았다. 본 연구는 오버킬의 기존 정의와 판정 기준을 검토하고, 국내 사례에 적용할 수 있는 평가 방향을 탐색하는 것을 목적으로 하였다. 이에 2025년 9월부터 10월까지 국내외 데이터베이스에서 검색한 문헌을 선별하고 그 과정을 PRISMA-ScR 지침에 따라 보고하는 방식으로 최종 39편을 대상으로 주제범위 문헌고찰(scoping review)을 수행하였다. 선정된 문헌에서 표준화된 서식을 이용하여 자료를 추출하고 교차 검토하였으며, 내용분석을 통해 오버킬의 정의와 판정 기준을 비교하였다. 또한 기존 손상 중증도 평가 척도의 특성과 한계를 검토하여 오버킬 평가에 대한 적용 가능성을 분석하였다.

분석 결과, 오버킬을 정량적으로 판단한 연구들은 손상 횟수를 주요 기준으로 활용하였으며, 일부 연구에서는 손상 유형과 부위를 함께 고려하였다. 그러나 문헌 간 일관되게 적용되는 정량적 기준은 확인되지 않았다. 예컨대 일부 연구에서는 오버킬을 '10회 이상의 손상'이나 '15회를 초과하는 예기손상'으로 분류한 반면, 다른 연구에서는 총상·예기손상·둔기손상 등 손상 유형에 따라 상이한 횟수 기준을 적용하였다. 이러한 차이는 연구 간 오버킬 분류 결과의 비교를 어렵게 하며, 손상 횟수만으로는 개별 손상의 중증도와 해부학적 위치를 충분히 반영하기 어렵다는 한계가 있다. 한편, 오버킬을 정성적으로 판단한 연구에서는 이를 '살해에 필요한 수준을 넘어선 과도한 폭력'으로 설명하며, 공격의 지속성이나 동기·사건 맥락을 고려할 것을 주장하였다. 그러나 '필요한 수준'과 '과도함'에 대한 구체적인 평가 기준이 제시되지 않을 경우, 판단 과정에서 주관성이 개입하여 평가자 간 일관성을 확보하기 어렵다는 문제가 있다.

손상 중증도 임상 평가에 활용되는 AIS(Abbreviated Injury Scale)는 개별 손상의 종류와 중증도를 고려하여 1점(경미한 손상)부터 6점(최대 중증도 손상)으로 평가한다. ISS(Injury Severity Score)는 각 신체 영역별로 중증도가 높은 손상을 선별해 상위 3개 영역의 점수를 부여하며, NISS(New Injury Severity Score)는 신체 영역의 구분 없이 중증도가 높은 손상 3개를 반영한다. 그러나 ISS와 NISS는 일부 중증 손상만을 산출에 반영하므로 다수의 손상이 발생한 사례에서는 전체 손상 양상을 충분히 포착하기 어렵다. 또한, 해부학적 부위와 손상 중증도를 고려하여 부위별 위험도에 가중치를 두는 AP(Anatomical Profile)와 wISS(weighted ISS)도 검토하였으나, 산출 과정이 복잡하다는 한계가 있다. 살인사건 연구에 활용된 TNI(Total Number of Injuries)는 전체 손상 수를 집계해 적용이 간편하지만, 개별 손상의 중증도를 구분하기 어렵다. HIS(Homicide Injury Scale)는 손상 중증도를 1～6점으로 분류하며 5～6점을 오버킬로 판정하지만, 손상 유형에 따른 차이를 충분히 반영하지 못할 수 있다. 선행 연구에서는 모든 손상의 AIS를 합산하는 SAIS(Sum of all AIS)와 TNI, HIS를 비교하며 활용 가능성을 검토하였으나 SAIS는 산출이 번거롭고 TNI와 HIS는 각각 손상 특성을 온전히 반영할 수 없다는 한계가 확인되었다. FISST(Forensic Injury Severity Score Template)는 사후 손상을 평가하기 위한 목적으로 개발된 법의학 특화 척도로, 신체 6개 영역에서 손상 유형과 부위에 따라 수정된 AIS 점수를 부여하고 중증도가 높은 영역을 중심으로 최대 9개의 손상을 평가한다. 이 척도는 손상 유형과 해부학적 부위를 고려한 수정 점수를 적용한다는 점에서 SAIS와 차이가 있으나 현재 예비 연구 단계로서 추가적인 타당성 검증이 필요하다.

본 연구는 오버킬을 손상 횟수만으로 판정하거나 기존 손상 중증도 척도를 그대로 적용하는 데 한계가 있음을 확인하였다. 따라서 오버킬 평가에서는 손상의 횟수뿐만 아니라 중증도·부위·분포 등 손상의 특성을 종합적으로 고려하고 피해자와 가해자의 관계, 범행 동기 및 사건의 전후 맥락을 공식적으로 검토할 필요가 있다. 이러한 점을 바탕으로 본 연구는 오버킬을 "정량적·정성적 상해 요소가 복합적으로 작용하여 사망에 필요한 물리적 수준을 현저히 초과한 폭력"으로 잠정적으로 정의하고자 한다. 향후 이러한 정의를 토대로, 일관된 판단 기준이 마련되고 검증된다면, 유사 사건의 체계적인 분류와 연구 결과 간 비교 가능성을 높이고, 과도한 폭력에 대한 법심리적 해석과 형사사법 실무의 일관성에 기여할 수 있을 것이다.

S-심리-3

Analysis of Psychophysiological Response Directionality by Question Type in the Utah Four-Question Test: A Comparison with the Utah Three-Question Test

Taeho Kim[1], Kipyoung Kim[1], Hyungki Ji[1], Hyeongi Hong[1]★

[1]National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea

The Utah four-question (4RQ) test was not included in the 2011 American Polygraph Association meta-analysis and was subsequently classified as a validated technique on the basis of two studies—a Monte Carlo simulation in which 4RQ scores were derived arithmetically from three-question (3RQ) data, and a field study of 30 confirmed cases—neither of which compared the two formats under equivalent conditions; whether the core assumption of the comparison question test (CQT) holds under the 4RQ format therefore remains untested. As a basic step toward validating this format, we examined the directionality of psychophysiological responses to comparison (C) and relevant (R) questions, channel by channel, using mock-crime data from 218 participants (3RQ, n= 147, collected in 2018 and 2024; 4RQ, n= 71, collected in 2025). For each of four scored channels—respiration line length, electrodermal amplitude, cardiograph amplitude, and pulse line length—we computed C − R, where negative values indicate relevant-question dominance, the direction expected of deceptive examinees, and positive values indicate comparison-question dominance. In the 3RQ format, C − R separated the two groups across zero in the theoretically expected direction, whereas in the 4RQ format both deceptive and truthful groups were positive on all four channels: even deceptive examinees responded more strongly to comparison questions. Two contributing mechanisms were identified. First, consecutive presentation of relevant questions produced habituation, with responses to the second relevant question declining significantly in the orienting-amplitude channels (electrodermal, p< .001; cardiograph, p= .002), whereas no comparable position effect appeared in the alternating 3RQ format. Second, when the strongest-comparison selection rule was replaced by direct adjacent C–R pairing, deceptive examinees retained relevant-question dominance irrespective of arrangement, indicating that the underlying response structure was intact. Habituation from consecutive relevant questions, combined with strongest-comparison selection scoring, thus appears to amplify comparison-question dominance in the 4RQ format and may increase the risk of false-negative errors; independent replication with field data is needed.

S-심리-4

PPG-Based Phasic and Tonic Cardiovascular Indicators in the Concealed Information Test: Feasibility, Optimal Analysis Window, and Incremental Validity

Hyeongi Hong[1★], Taeho Kim[1], Hyungki Ji[1], Kipyoung Kim[1], Jeongwon Moon[1], Seojin Lee[1]

[1]National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea

The Concealed Information Test (CIT) relies on physiological indicators to detect concealed crime-relevant knowledge. While electrocardiography (ECG) is the gold standard for heart rate (HR) measurement, many polygraph systems in applied forensic settings record only photoplethysmography (PPG). The present study examined whether PPG offers a viable alternative by testing: (1) reproduction of ECG-based group-specific HR deceleration patterns; (2) optimal post-stimulus analysis window (1–15 s vs. 11–15 s); and (3) incremental validity of PPG-derived phasic and tonic indicators over the HR deceleration index. We analyzed a large dataset of 464 participants (guilty = 195, innocent = 152, exposed innocent = 117) collected over a decade at the National Forensic Service of Korea using hierarchical logistic regression and ROC analyses. PPG-derived HR change reproduced the deceleration pattern, with significant group differences emerging from 7 s post-stimulus and peaking at 11–15 s. The 11–15 s window outperformed 1–15 s (AUC = .722 vs. .711). Mean HR during relevant questions provided incremental validity in the guilty vs. innocent comparison (ΔR^2 = .029, p = .012). Most notably, tonic HR across the examination showed significant incremental validity in both comparisons (ΔR^2 = .042 and .018), improving AUC to .773. PPG is a viable ECG alternative for CIT, with tonic HR providing independent discriminant information beyond phasic responding.

POSTER

제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회

포스터

DNA & Bio

12:30 – 13:30 | 본관 1층 복도 (e-Poster)

P-DNA&Bio-1	토양 마이크로바이옴 분석과 머신러닝을 이용한 토양 환경유형 추정 박지혜 · 국립과학수사연구원 부산과학수사연구소 유전자분석과	57
P-DNA&Bio-2	Development and Analytical Evaluation of an Isothermal Multiplex miRNA Detection Platform for Alcohol-Associated Forensic Bloodstain Profiling 김지유 · 성균관대학교 과학수사학과	58
P-DNA&Bio-3	CRISPR/Cas13a-Triggered Hybridization Chain Reaction for Amplification-Free RPS4Y1 RNA Detection in Forensic Body Fluids 조은혜 · 성균관대학교 과학수사학과	59
P-DNA&Bio-4	Evaluation of a Novel NFS Dilution Buffer for Improving the Reliability of PCR Product Dilution in Forensic STR Analysis 정주연 · 국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 유전자분석과	60
P-DNA&Bio-5	Phosphorothioate Modification and SSB Enable Low-Temperature LAMP for One-Pot CRISPR/Cas12a Detection 전혜린 · 성균관대학교 과학수사학과	61
P-DNA&Bio-6	Photoactivated λ-Exonuclease–Coupled CRISPR-Cas12a Logic Gates for Dual DNA Input Sensing 이예진 · 성균관대학교 과학수사학과	62
P-DNA&Bio-7	CLASP: steric blockade of CRISPR-Cas13a collateral cleavage for rapid, amplification-free protein detection 조비람 · 성균관대학교 과학수사학과	63
P-DNA&Bio-8	Nucleic Acid Detection by Phosphorothioate DNA-Switched CRISPR-Cas12a Coupled with Isothermal Exponential Amplification 나은선 · 성균관대학교 과학수사학과	64
P-DNA&Bio-9	한국인 칩 SNP 마이크로어레이 분석을 활용한 2촌 관계 판정법의 실제 감정에의 적용 안으리 · 국립과학수사연구원 유전자과	65
P-DNA&Bio-10	Forensic Evaluation of Lac Dye for Blood Fingermark Enhancement: DNA Analysis and AFIS-Based Quality Assessment 박강희 · 부산가톨릭대학원 법과학부 과학수사학과	66
P-DNA&Bio-11	Evaluation of Bloodstain Changes and Detection Characteristics Across Fabric Types Under Soil Burial Conditions 황신이 · 부산가톨릭대학원 법과학부 과학수사학과	67
P-DNA&Bio-12	Forensic DNA analysis of human skeletal remains recovered from the flooded Chosei undersea coal mine, 84 years after the 1942 disaster 박현철 · 국립과학수사연구원 유전자과	68
P-DNA&Bio-13	Comparison of DNA Quantification and STR Analysis Results between Silica Column-Based and Magnetic Bead-Based Extraction Methods in Human Bone Samples 박선화 · 국립과학수사연구원 유전자과	69
P-DNA&Bio-14	Forensic Interpretation of Tissue-Specific mtDNA Variations in Maternal Lineage Comparisons: A Case Study 선설희 · 국립과학수사연구원 유전자과	70
P-DNA&Bio-15	Development of Pentaplex qPCR Assay for the Detection of *Streptococcus salivarius* and *Lactobacillus* species in Saliva and Vaginal Fluid 이연우 · 성균관대학교 과학수사학과	71
P-DNA&Bio-16	Case report: Deconvolving Complex Familial DNA Mixtures Using X-STRs and Peak Height Imbalance (PHI) Analysis 김은혜 · 국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 유전자분석과	72
P-DNA&Bio-17	DNA Analysis of Used Syringes in Drug Cases: Presumptive blood test, DNA Profile Recovery, and the Value of the DNA Database 오영희 · 국립과학수사연구원 유전자과	73
P-DNA&Bio-18	Development of a Multiplex real-time PCR assay for Forensic Age Estimation Using Salivary Microbiome markers 이소은 · 성균관대학교 과학수사학과	74
P-DNA&Bio-19	Development of a One-Step Colorimetric Sensor for Presumptive Semen Detection Based on BCIP/NBT 정미강 · 성균관대학교 과학수사학과	75
P-DNA&Bio-20	SNP-Based Kinship Inference Using the FORCE Panel for Forensic Human Identification 진현우 · 국립과학수사연구원 유전자과	76
P-DNA&Bio-21	Evaluation of Surface-Applied Buffers for Touch DNA Preservation Using qPCR and STR Profiling 양나겸 · 부산가톨릭대학교 과학수사학과	77
P-DNA&Bio-22	Blood Fingermark Enhancement and DNA Recovery Using Two Amido Black Formulations After Exposure to Household Cleaning Agents 박지호 · 부산가톨릭대학교 법과학부 과학수사학과	78
P-DNA&Bio-23	추락 변사 사례에서 추락 높이와 수평거리의 상관관계 및 분포 분석 양지유 · 경기남부경찰청 과학수사과 과학수사대 검시조사팀	79
P-DNA&Bio-24	질 필러 시술 후 발생한 비혈전성 폐색전증 사망 사례 양지유 · 경기남부경찰청 과학수사과 과학수사대 검시조사팀	80

P-DNA&Bio-1

토양 마이크로바이옴 분석과 머신러닝을 이용한 토양 환경유형 추정

박지혜[1★], 김경숙[1], 김양정[1], 이선우[2], 최기혁[2], 김주희[2]

[1.] 부산과학수사연구소 유전자분석과, 부산, 대한민국
[2.] 동아대학교 응용생명과학과, 부산, 대한민국

토양은 신발, 의류, 차량 등에 쉽게 부착되어 증거물이 거쳐 간 장소에 대한 단서를 제공할 수 있다. 법과학에서 토양 비교는 주로 색, 입도, 광물 조성, 이화학적 특성을 근거로 이루어져 왔다. 최근 차세대 염기서열 분석 기술이 발전하면서, 미생물 군집은 물리적 조성이 비슷한 토양도 구분할 수 있는 잠재력을 지닌다.

토양 미생물 군집은 pH, 기후, 식생, 토지이용 등에 따라 달라진다. 국내에서도 논, 밭, 과수원, 시설재배지 등 토지이용 형태에 따라 세균 군집 구조가 뚜렷이 구분된다고 보고되었다.

본 연구는 부산광역시 6개 환경유형(산림, 강, 바다, 밭, 논, 비닐하우스)의 토양 미생물 군집에 서로 다른 원리의 머신러닝모델 2종(Random forest, XGBoost)을 적용하였다. 이를 통해 토양의 환경유형을 추정할 수 있는지를 채취구 및 지점 단위 교차검증으로 평가하였다.

토양 미생물 군집은 환경유형에 따라 뚜렷이 구분되었으며, 계통 정보와 우점도를 함께 반영한 weighted UniFrac에서 그 차이가 가장 컸다(R^2 = 0.405). 이를 바탕으로 머신러닝을 적용한 결과, 채취구 단위 검증에서 Random forest는 93.8%, XGBoost는 95.8%의 정확도로 토양의 환경유형을 추정하였다. 특히 XGBoost는 학습에 포함되지 않은 지점의 시료에서도 94.8%의 정확도를 유지하여, 미등록 장소에서 채취된 토양의 출처 추정에도 활용될 수 있음을 시사하였다.

P-DNA&Bio-2

Development and Analytical Evaluation of an Isothermal Multiplex miRNA Detection Platform for Alcohol-Associated Forensic Bloodstain Profiling

Jiyu Kim[1], Jayeon Song[1,2]★

[1]Department of Forensic Science, Sungkyunkwan University, Suwon, Republic of Korea
[2]School of Pharmacy, Sungkyunkwan University, Suwon, Republic of Korea

Bloodstains recovered from crime scenes provide valuable biological evidence for individual identification and may also contain molecular information associated with lifestyle factors and environmental exposures. Among various biomarkers, microRNAs (miRNAs) have emerged as promising candidates for forensic applications due to their stability and association with physiological responses. This study aimed to develop an isothermal multiplex miRNA detection platform based on self-priming hairpin probes for the simultaneous identification of three alcohol-associated miRNAs: hsa-miR-193b-3p, hsa-miR-122-5p, and hsa-miR-3937. The proposed system integrates target-dependent hairpin probe extension, Klenow fragment-mediated DNA synthesis, and T7 RNA polymerase-driven transcriptional amplification with fluorescence detection using sequence-specific molecular beacons labeled with FAM, HEX, and Cy5. Upon target recognition, the hairpin probe undergoes extension to generate a double-stranded T7 promoter, which enables transcriptional amplification and subsequent fluorescence signal generation. Following the initial feasibility assessment of the multiplex platform, analytical sensitivity and crosstalk were further evaluated using miR-193b-3p as a representative target. Sensitivity was examined at seven concentrations (100 nM, 10 nM, 1 nM, 100 pM, 10 pM, 1 pM, and 100 fM), while crosstalk experiments assessed potential fluorescence interference among the three detection channels. Initial feasibility experiments demonstrated target-dependent fluorescence responses, which supported the functionality of the proposed amplification strategy. The sensitivity evaluation of miR-193b-3p yielded a limit of detection (LOD) of 8.96 fM, which demonstrated the potential of the system for highly sensitive miRNA detection. Furthermore, crosstalk analysis provided insights into potential nonspecific fluorescence responses under multiplex conditions and highlighted the importance of background suppression and channel discrimination for reliable multiplex detection. Overall, the proposed platform offers a potential approach for rapid and multiplexed detection of alcohol-associated miRNAs. Further optimization and validation using forensic bloodstain samples may facilitate its application to lifestyle-associated molecular profiling beyond conventional DNA identification.

Acknowlegement

This research was supported by NRF and NST grants funded by the Korean government (MSIT or MOE) (RS-2025-24523474 and RS-2025-25423622); a KHIDI grant funded by the Korean government (MOHW) (RS-2025-02213358); a grant from the Development of Field Technology for Responding to Illegal Drugs Program through the Korea Institutes of Police Technology (KIPoT), funded by the Ministry of Science and ICT and the Korean National Police Agency (RS-2026-25535833); the SMC-SKKU Future Convergence Research Program Grant; and the KBSMC-SKKU Future Clinical Convergence Research Program Grant.

P-DNA&Bio-3

CRISPR/Cas13a-Triggered Hybridization Chain Reaction for Amplification-Free RPS4Y1 RNA Detection in Forensic Body Fluids

Eunhye Cho[1], Jayeon Song[1,2★]

[1]Department of Forensic Science, Sungkyunkwan University, Suwon, Republic of Korea
[2]School of Pharmacy, Sungkyunkwan University, Suwon, Republic of Korea

Determination of donor sex from trace biological evidence remains a central requirement in sexual assault casework and in the interpretation of mixed or degraded stains. Transcripts encoded on the Y chromosome serve as direct molecular indicators of male contribution, and RPS4Y1 has emerged as a particularly dependable candidate because its expression is restricted to male-derived tissues while its X-linked homologue RPS4X remains ubiquitously expressed. Conventional transcript analysis, however, depends on reverse transcription and thermal cycling, which restricts its deployment to well-equipped laboratories. Here we report an isothermal, amplification-free assay in which CRISPR/Cas13a recognition is coupled to hybridization chain reaction (HCR) and to a label-free G-quadruplex readout.

Target engagement activates the collateral cleavage activity of Cas13a, which liberates an initiator strand and propagates the stepwise assembly of G-rich hairpin monomers into elongated duplex nanowires. The resultant tandem G-quadruplex motifs accommodate Thioflavin T (ThT) and convert the molecular recognition event into a directly measurable fluorescence output. The assay detected synthetic RPS4Y1 transcripts down to 65.7 fM in the absence of any pre-amplification step, and it discriminated RPS4Y1 from RPS4X at a 100-fold excess of the homologous transcript within 90 min under a single reaction temperature. Application to body fluid specimens, including whole blood, urine, and vaginal fluid, yielded male- and female-derived signal populations that were separated without overlap. This strategy consolidates target specificity, enzyme-free signal propagation, and dye-based detection into a single instrument-light workflow, and it offers a practical route toward on-site forensic sex determination as well as broader Y-chromosomal biomarker analysis.

Acknowlegement

This research was supported by NRF and NST grants funded by the Korean government (MSIT or MOE) (RS-2025-24523474 and RS-2025-25423622); a KHIDI grant funded by the Korean government (MOHW) (RS-2025-02213358); a grant from the Development of Field Technology for Responding to Illegal Drugs Program through the Korea Institutes of Police Technology (KIPoT), funded by the Ministry of Science and ICT and the Korean National Police Agency (RS-2026-25535833); the SMC-SKKU Future Convergence Research Program Grant; and the KBSMC-SKKU Future Clinical Convergence Research Program Grant.

P-DNA&Bio-4

Evaluation of a Novel NFS Dilution Buffer for Improving the Reliability of PCR Product Dilution in Forensic STR Analysis

Ju Yeon Jung[1,★], Hee-Yeon Park[2], Eunhye Kim[1], Yeon Woo Song[2], Sang Cheul Shin[2]

[1]DNA Analysis Division, National Forensic Service Seoul Institute, Seoul, Republic of Korea
[2]Forensic DNA Division, National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea

In forensic STR analysis, the dilution of PCR products is a frequent requirement to optimize signal intensity and ensure accurate genotyping. However, conventional dilution methods using water or formamide often alter the salt concentration of the sample, which can lead to various analytical artifacts and inconsistent results. To address this limitation, we evaluated a novel NFS dilution buffer specifically designed to maintain an optimal salt concentration during the dilution process.

The performance of the NFS dilution buffer was compared with conventional methods using two widely used forensic kits, PowerPlex® Fusion and GlobalFiler™. Our results demonstrated that the NFS dilution buffer produced peak heights that closely aligned with theoretical expectations and maintained highly stable size-standard signals. Notably, the use of the NFS buffer significantly reduced the occurrence of pull-up artifacts, which are common challenges in DNA profile interpretation. These findings indicate that the NFS dilution buffer enhances the stability and accuracy of STR analysis, providing a more reliable tool for the interpretation of complex forensic DNA profiles.

P-DNA&Bio-5

Phosphorothioate Modification and SSB Enable Low-Temperature LAMP for One-Pot CRISPR/Cas12a Detection

Herin Jeon[1], Jayeon Song[1,2,★]

[1]Department of Forensic Science, Sungkyunkwan University, Suwon, Republic of Korea
[2]School of Pharmacy, Sungkyunkwan University, Suwon, Republic of Korea

As criminal methods diversify and drug-related cases increase, there is a growing need to perform body fluid identification, sex determination, and species identification of botanical drug material at the scene. Conventional assays, however, require dedicated thermal cycling equipment and can only be carried out in a laboratory. We therefore set out to develop a field-deployable low-temperature isothermal amplification and detection platform that couples phosphorothioate (PS)-modified LAMP (PS-LAMP) with CRISPR/Cas12a. LAMP amplifies DNA continuously without thermal cycling, using four to six primers and a strand-displacing polymerase, but its use in the field is limited by a high operating temperature of 60–65 °C and by non-specific amplification arising from the large number of primers. We introduced PS linkages into the F1c and B1c stem regions, which direct the dumbbell structure central to LAMP but do not recognize the target sequence, thereby lowering the thermal stability of the duplex and allowing strand displacement at a reduced temperature. The single-stranded DNA-binding protein gp32 was then added to stabilize the single strands transiently exposed by stem breathing. Reading the amplification products with CRISPR/Cas12a further allows non-specific and target-derived products to be distinguished at the sequence level. A plasmid target with an established LAMP primer set was used as a model, so that amplification and readout performance could be assessed independently of target-specific sequence variables. In a feasibility test at 60 °C, both PS-LAMP and unmodified LAMP produced the expected ladder pattern, and the products activated Cas12a trans-cleavage. The reaction temperature was then lowered stepwise while $MgSO_4$, dNTP, polymerase load, single-stranded DNA-binding protein, urea, and an initial denaturation step were examined as variables. From 10^7 plasmid copies, only the PS-modified primer set yielded products that activated Cas12a trans-cleavage after 210 min at 37 °C, giving fluorescence distinguishable from both the no-template control and the products of the unmodified primer set. The present reaction is carried out in a two-pot format that includes an initial denaturation step; we next intend to remove that step and optimize the reaction conditions so that both reactions can run in a single tube.

Acknowlegement

This research was supported by NRF and NST grants funded by the Korean government (MSIT or MOE) (RS-2025-24523474 and RS-2025-25423622); a KHIDI grant funded by the Korean government (MOHW) (RS-2025-02213358); a grant from the Development of Field Technology for Responding to Illegal Drugs Program through the Korea Institutes of Police Technology (KIPoT), funded by the Ministry of Science and ICT and the Korean National Police Agency (RS-2026-25535833); the SMC-SKKU Future Convergence Research Program Grant; and the KBSMC-SKKU Future Clinical Convergence Research Program Grant.

P-DNA&Bio-6

Photoactivated λ-Exonuclease–Coupled CRISPR-Cas12a Logic Gates for Dual DNA Input Sensing

Yejin Lee[1], Jayeon Song[1,2]★

[1]Department of Forensic Science, Sungkyunkwan University, Suwon, Republic of Korea
[2]School of Pharmacy, Sungkyunkwan University, Suwon, Republic of Korea

CRISPR-based diagnostic platforms have emerged as powerful tools for nucleic acid detection owing to their high sequence specificity and signal amplification capabilities. However, conventional CRISPR-based assays primarily focus on individual targets, limiting their ability to integrate multiple nucleic acid inputs for conditional signal generation. To address this limitation, we developed a CRISPR-Cas12a-based molecular logic gate that integrates photoactivation and λ-exonuclease (λExo)-mediated nucleic acid release for programmable control of Cas12a activity in response to two distinct DNA inputs. Using BRAF V600E and NR21 as model targets, we designed two independent molecular recognition modules that regulate DNA activator release through photocleavable DNA hairpins and split CRISPR RNA (crRNA) release through λExo-mediated DNA degradation, respectively. By integrating these modules, we constructed an AND gate in which Cas12a trans-cleavage activity requires the simultaneous presence of the DNA activator and reconstituted crRNA. We evaluated the molecular responses by monitoring fluorescence reporter cleavage under different combinations of target inputs and reaction components. This modular strategy enables conditional control of Cas12a activation through distinct molecular mechanisms, providing a foundation for programmable DNA logic circuits with potential applications in combinatorial genetic analysis and forensic molecular diagnostics.

Acknowledgement

This research was supported by NRF and NST grants funded by the Korean government (MSIT or MOE) (RS-2025-24523474 and RS-2025-25423622); a KHIDI grant funded by the Korean government (MOHW) (RS-2025-02213358); a grant from the Development of Field Technology for Responding to Illegal Drugs Program through the Korea Institutes of Police Technology (KIPoT), funded by the Ministry of Science and ICT and the Korean National Police Agency (RS-2026-25535833); the SMC-SKKU Future Convergence Research Program Grant; and the KBSMC-SKKU Future Clinical Convergence Research Program Grant.

P-DNA&Bio-7

CLASP: steric blockade of CRISPR-Cas13a collateral cleavage for rapid, amplification-free protein detection

Biram Cho[1], Jayeon Song[1,2]★

[1]Department of Forensic Science, Sungkyunkwan University, Suwon, Republic of Korea
[2]School of Pharmacy, Sungkyunkwan University, Suwon, Republic of Korea

Identifying body fluids is a key step in forensic investigations, as it supplies contextual information that supports crime-scene reconstruction and the interpretation of evidence. However, existing protein-based detection approaches typically depend on antibody-based assays, which require specialized reagents and offer limited flexibility for multiplexed or programmable detection. To overcome these limitations, we developed a CRISPR-Cas13a-based fluorescent biosensing platform for protein detection and assessed its feasibility using the biotin–streptavidin model system. The platform combines the collateral cleavage activity of Cas13a with a steric blocking strategy. We designed a biotin-modified fluorescent RNA reporter that is cleaved by activated Cas13a when no target protein is present, producing a fluorescence signal. When streptavidin binds the biotin, however, it sterically hinders reporter cleavage and suppresses the signal. This signal-switching mechanism converts the presence of a protein into a fluorescence readout without requiring conventional protein amplification.

In feasibility experiments, the platform clearly distinguished protein-negative from protein-positive conditions, with fluorescence intensity differing by approximately threefold. Further optimization of the reporter design and reaction conditions improved both signal performance and assay robustness. Specificity was confirmed against eight other proteins, and spike-in experiments in human serum demonstrated that the assay retains its performance in a complex biological matrix. Whereas most CRISPR-based diagnostics target nucleic acids, our strategy extends Cas13a to protein sensing through programmable molecular recognition. Although validated here with the biotin–streptavidin model, the platform can be adapted to body-fluid-specific protein biomarkers by incorporating suitable recognition elements. As a next step, we plan to test the assay on SEMG1, a protein known to be specific to semen. Together, these findings demonstrate the feasibility of CRISPR-based protien detection and provide a foundation for the development of next-generation forensic body-fluid identification technologies.

Acknowlegement

This research was supported by NRF and NST grants funded by the Korean government (MSIT or MOE) (RS-2025-24523474 and RS-2025-25423622); a KHIDI grant funded by the Korean government (MOHW) (RS-2025-02213358); a grant from the Development of Field Technology for Responding to Illegal Drugs Program through the Korea Institutes of Police Technology (KIPoT), funded by the Ministry of Science and ICT and the Korean National Police Agency (RS-2026-25535833); the SMC-SKKU Future Convergence Research Program Grant; and the KBSMC-SKKU Future Clinical Convergence Research Program Grant.

P-DNA&Bio-8

Nucleic Acid Detection by Phosphorothioate DNA-Switched CRISPR-Cas12a Coupled with Isothermal Exponential Amplification

Eunseon Na[1], Jayeon Song[1,2,★]

[1]Department of Forensic Sciences, Sungkyunkwan University(SKKU), Suwon, Republic of Korea
[2]School of Pharmacy, SKKU, Suwon, Republic of Korea

Forensic nucleic acid analysis frequently involves trace, degraded, or mixed biological evidence, for which rapid on-site screening is required. CRISPR-Cas effectors provide sequence-specific recognition but limited intrinsic signal output, and their one-pot integration with isothermal amplification is hindered by the collateral activity of Cas12a, which degrades the single-stranded components required for amplification. Here we developed a one-pot detection platform in which the collateral activity of Cas12a is deliberately silenced by phosphorothioate DNA (PS DNA) after trigger cleavage but before isothermal amplification proceeds. In this method, target recognition activates CRISPR-Cas collateral activity, which cleaves the DNA portion of an RNA–DNA chimeric trigger and exposes an RNA strand poised to initiate amplification. CRISPR-Cas activity is then silenced by binding of PS DNA, and the exponential amplification reaction (EXPAR) proceeds at 37 °C through a DNA polymerase and a nicking endonuclease. Feasibility studies verified both the stepwise reactions and their integration in a single pot, and parameter optimization established reproducible target-dependent signal generation. The reaction requires no thermal cycling and yields a readout within 25 min. Because target specificity is determined solely by crRNA design, the platform can be redirected toward forensic targets such as body-fluid-specific markers or individual-identifying sequences, providing a foundation for next-generation forensic nucleic acid screening technologies.

Acknowlegement

This research was supported by NRF and NST grants funded by the Korean government (MSIT or MOE) (RS-2025-24523474 and RS-2025-25423622); a KHIDI grant funded by the Korean government (MOHW) (RS-2025-02213358); a grant from the Development of Field Technology for Responding to Illegal Drugs Program through the Korea Institutes of Police Technology (KIPoT), funded by the Ministry of Science and ICT and the Korean National Police Agency (RS-2026-25535833); the SMC-SKKU Future Convergence Research Program Grant; and the KBSMC-SKKU Future Clinical Convergence Research Program Grant.

P-DNA&Bio-9

한국인 칩 SNP 마이크로어레이 분석을 활용한 2촌 관계 판정법의 실제 감정에의 적용

안 으리[1], 김 미정[1], 박 미진[1], 이 진명[1]★

[1]강원도 원주시 입춘로 10 국립과학수사연구원 유전자과

국립과학수사연구원(이하 국과수) 실종아동신원확인실에서는 그동안 상염색체 STR을 통한 친자 관계 분석을 수행해 왔다. 편부 혹은 편모의 경우 Y염색체 STR, X염색체 STR, 미토콘드리아디엔에이 염기서열 분석을 추가 수행함으로써 양부모가 모두 존재하지 않는 상황에서도 친자 관계를 특정해 왔다. 하지만 시간이 경과할수록 최초 등록된 실종아동들의 연령 및 그들을 찾고자 하는 부모 세대의 연령이 높아지고, 그 결과 사망 등의 사유로 친자 관계를 확인하기 어려운 상황들이 증가하면서 형제 관계 혹은 그 이상의 가족관계를 통해 실종아동을 찾고자 하는 수요가 증가하였다. 이에 따라 경찰청 청소년보호과와 국과수 유전자과는 2023년 기존의 실종아동 등 찾기 유전정보 시스템을 고도화하여 상염색체 STR의 한국인 집단 내 빈도를 이용한 통계적 형제 관계 추정 시스템을 구축하였다. 하지만, 이 통계적 추정 방법은 혈연과 비혈연 집단 간 공유하는 통계적 음영지역이 존재하여 혈연관계 정도를 판단하는 척도인 형제 관계 지수의 기준 설정이 매우 중요하다. 기준을 너무 엄격하게 설정하면 실제 형제 관계가 추정 후보에서 배제될 수 있고, 반대로 기준을 너무 느슨하게 설정하면 실제 형제 관계가 아닌 사람들이 추정 후보에 대거 포함될 수 있는 한계가 존재했다. 이에 따라 최일선에서 실종아동과 가족을 상봉시키는 경찰의 혼선을 줄이고 더 명확하고 직관적인 형제 관계 감정 결과 통보를 위하여 고밀도 SNP 마이크로어레이 칩을 활용한 형제 관계 특정 방법을 실제 감정에 적용하였다. 이를 위해 국립보건연구원에서 개발한 한국인 칩 v2.0 A를 사용하여 샘플 당 80여만 개의 SNP 데이터를 확보한 후 공개 소프트웨어인 PLINK, KING 등과 자체 개발한 유전적거리 분석 소프트웨어(NIKIE, NFS Integrated Kinship Inference Engine)를 활용하여 혈연관계를 판단하였다. 분석 소프트웨어 검증은 실제 3개 가족 시료를 사용하여 21쌍의 부모-자식 관계, 6쌍의 형제 관계, 12쌍의 조부모-조손 관계, 7쌍의 삼촌-조카 관계, 3쌍의 사촌 관계를 성공적으로 검증하였다. 또한 실종아동 등 찾기 유전정보 시스템에서 최적의 후보군 도출을 위해 혈연관계 지수 기준의 최적화를 진행하였다. 총 854가구 1,858명의 친형제 간 STR 데이터를 사용하여 1,157개 형제 관계 조합에 대해 실종아동 등 찾기 유전정보 시스템에 탑재된 혈연관계 지수 계산 알고리즘을 이용하여 혈연관계 지수 분포를 산출하였고, 위 데이터를 이용한 약 80만 쌍의 비혈연 관계에 대한 혈연관계 지수 분포를 산출하여 비교함으로써 최종적으로 혈연관계 지수 10^3(log 10 변환 값) 이상을 결정하였다. 이 기준을 적용하여 시스템에 수록된 전체 2촌 관계 보호자들 1,087명에 대해 재검색을 시행한 결과 총 425쌍의 형제 관계 후보군을 도출하였고, Y염색체 STR, 미토콘드리아디엔에이 염기서열 및 SNP 분석 결과를 바탕으로 최종 14쌍의 형제 관계 성립 결과를 회보하였다. 향후 2촌 관계 보호자들뿐 아니라 모든 샘플에 대해 마이크로어레이 데이터를 확보하게 된다면, 통계적 모호성에 의해 배제될 수 있는 혈연관계를 포함할 뿐만 아니라 촌수가 먼 친척과의 혈연관계도 찾을 수 있게 될 것이고, 우연히 일치할 수 있는 확률은 더더욱 줄일 수 있게 되어 더 정확하고 많은 가족관계를 디엔에이로써 확인할 수 있게 될 것으로 기대한다.

P-DNA&Bio-10

Forensic Evaluation of Lac Dye for Blood Fingermark Enhancement: DNA Analysis and AFIS-Based Quality Assessment

Kanghee Park[1,3‡], Narim Ahn[1,4], Nagyeom Yang[1,3], , Seoyeon Jang[2,3], Soobin Choi[2,3], Jihyun Ha[4], Seongmin Kim[4] and Jaewon Lim[1,2,3★]

[1]Department of Forensic Sciences, Graduate School, Catholic University of Pusan, Busan, 46252, Republic of Korea
[2]Department of Clinical Laboratory Sciences, College of Health Science, Catholic University of Pusan, Busan, 46252, Republic of Korea
[3]Next-Generation Industrial Field-Based Specialist Program for Molecular Diagnostics, Brain Busan 21 Plus Project, Graduate School, Catholic University of Pusan, Busan, 46252, Republic of Korea
[4]Crime Scene Investigation Unit, Forensic Science Division, Busan Metropolitan Police, 49228, Republic of Korea

Blood fingermarks provide friction ridge detail and biological material for forensic identification. This study evaluated lac dye as a blood fingermark enhancement reagent through DNA analysis and automated fingerprint identification system (AFIS)-based quality assessment, in comparison with Amido Black, Hungarian Red, and Acid Yellow 7.

Blood fingermarks were deposited on six substrates: glass slides, plastic slides, A4 paper, thermal paper, silk wallpaper, and polystyrene. Second impressions were evaluated using AFIS quality scores and detected minutiae counts. DNA concentrations were measured after treatment, and quantitative PCR was performed using short- and long-amplicon assays targeting the HBB gene (HBB-S and HBB-L).

Following lac dye treatment, the mean DNA concentration was 6.35 ± 2.89 ng/μL, and mean Cq values were 30.96 ± 1.40 for HBB-S and 34.48 ± 0.84 for HBB-L. Mean DNA concentrations for the comparison reagents ranged from 6.33 to 6.70 ng/μL. AFIS-based metrics varied across substrates and reagents. Lac dye yielded the highest detected minutiae count on thermal paper (86), the highest quality score on A4 paper (46), and the highest quality score and detected minutiae count on plastic slides (31 and 42, respectively). On glass slides, lac dye yielded a quality score of 30 and 50 detected minutiae, compared with 31 and 51 for Amido Black. No single reagent consistently yielded the highest values across all substrates.

Lac dye enabled blood fingermark enhancement and recovery of amplifiable DNA under the conditions tested. These findings support its potential as a substrate-dependent alternative to conventional reagents. Further evaluation is needed to establish its effects on STR profiling and AFIS matching performance.

Keywords: Lac dye, Blood fingermarks, DNA analysis, Quantitative PCR, AFIS, Minutiae

P-DNA&Bio-11

Evaluation of Bloodstain Changes and Detection Characteristics Across Fabric Types Under Soil Burial Conditions

Sinei Hwang[1], Choseung Kim[1,2], Kanghee Park[1,2], Jaewon Lim[1,2], Sunghyun Kim[1,2*]

[1]Department of Forensics, Graduate school, Catholic University of Pusan, Busan, Republic of Korea
[2]Next-Generation Industrial Field-Based Specialist Program for Molecular Diagnostics, Brain Busan 21 Plus Project, Graduate School, Catholic University of Pusan, Busan, Republic of Korea

When bloodstained textile evidence is buried in soil, bloodstain appearance and detection test reactions may vary depending on fabric type. Such variations are important when interpreting bloodstain examination results from buried evidence recovered at crime scenes. Prolonged soil exposure may make bloodstains difficult to identify visually, highlighting the need to combine morphological examination with presumptive blood testing. This study investigated bloodstains on cotton, polyester, nylon, and cotton/polyester blend fabrics buried in soil collected from the Busan region, comparing morphological characteristics and presumptive blood test reactions by burial duration and fabric type.

Each fabric sample was cut into 3 × 3 cm pieces, spotted with 20 μL of human whole blood, and buried approximately 2 cm below the soil surface. The samples were maintained at 27°C, a temperature selected to reflect summer conditions in the Busan region, for up to 10 weeks. Non-buried samples stored at the same temperature served as controls. Samples were collected at 24 hours, 3 days, 1 weeks, 3 weeks, 5 weeks, 8 weeks, 9 weeks, and 10 weeks. Stereomicroscopy was used to examine bloodstain color, boundary definition, soil adherence, and visible fiber damage. Kastle–Meyer (KM) and leucomalachite green (LMG) tests were performed to evaluate color development. Buried and non-buried samples were compared to assess changes associated with soil burial. In addition, extracted genomic DNA was analyzed using quantitative polymerase chain reaction (qPCR) SYBR Green assay targeting the TH01 and D1S80 loci.

In buried samples, bloodstain color gradually changed from reddish-brown to dark brown, and stain boundaries became less distinct over time. Cotton fabrics exhibited increased soil adherence, and visible fiber damage was observed at the blood deposition sites from week 8 onward. Comparable fiber damage was not observed in polyester, nylon, or blended fabrics, indicating morphological differences among fabric types. In the KM test, cotton and blended fabrics remained positive through week 10, whereas polyester and nylon were positive through week 9 but negative at week 10. In the LMG test, color development began to weaken from day 3 in polyester and nylon and from week 1 in cotton and blended fabrics. From week 5 onward, color development was extremely faint or difficult to distinguish visually across all fabric types. KM and LMG exhibited different color development patterns, suggesting that presumptive blood test reactions may vary depending on the reagent used. Compared with buried samples, non-buried controls exhibited fewer morphological changes, with no noticeable changes in KM or LMG reaction times or color intensity over time.

These findings indicate that bloodstain morphology and presumptive blood test reactions vary according to fabric type and burial duration. Positive KM reactions persisted in some fabrics despite visible changes in bloodstain appearance, suggesting that visual examination alone may not reliably predict presumptive blood test outcomes. Differences in morphological changes and color development among fabric types under identical burial conditions emphasize the importance of considering fabric characteristics when evaluating bloodstain detection. Therefore, both fabric type and burial duration should be considered when interpreting bloodstain examination results from textile evidence recovered from soil.

Keywords: Bloodstains, Soil burial, Fabric type, Presumptive blood tests, qPCR

P-DNA&Bio-12

Forensic DNA analysis of human skeletal remains recovered from the flooded Chosei undersea coal mine, 84 years after the 1942 disaster

Hyun-Chul Park★, Sun Wha Park, Min-Hee Kim, Seol-Hee Sun, Hyunwoo Zin

Forensic DNA Division, National Forensic Service, Wonju 26460, Republic of Korea

On 3 February 1942, the Chosei (長生) undersea colliery in Ube, Japan, was flooded by a gallery collapse beneath the Seto Inland Sea, killing 183 miners, 136 of them Koreans mobilised under colonial rule; the pit was sealed and the victims remained entombed beneath the seabed for over eight decades. Following underwater recovery of skeletal elements by a civic initiative in August 2025 and February 2026, we report the first forensic genetic examination of five of these elements. After seawater desalination and total demineralisation, DNA was extracted and typed for autosomal STRs (GlobalFiler™ and PowerPlex® Fusion), Y-STRs (PowerPlex® Y23) and mitochondrial control-region sequences (HV1/HV2). Two distinct male genotypes were resolved: four elements recovered in August 2025 (femur, humerus, radius and a cranium) shared a single concordant autosomal and mtDNA profile, indicating one individual, while the second cranium yielded a separate individual. Complete or near-complete autosomal and Y-STR profiles were recovered despite a burial environment - prolonged seawater submersion, coal particulates, mineral precipitates and dissolved metals - expected to severely degrade and inhibit nuclear DNA, a preservation we attribute to the anoxic, low-temperature, sediment-sealed micro-environment of the collapsed gallery. These are the first individualised remains from the Chosei disaster, and SNP-based kinship analysis with distant surviving relatives is now planned.

P-DNA&Bio-13

Comparison of DNA Quantification and STR Analysis Results between Silica Column-Based and Magnetic Bead-Based Extraction Methods in Human Bone Samples

Sun Wha Park, Min-Hee Kim, Seol-Hee Sun, Hyunwoo Zin, and Hyun-Chul Park★

Forensic DNA Division, National Forensic Service, Wonju 26460, Republic of Korea

In human bone samples, the quantity and degradation of residual DNA may vary depending on the postmortem interval and preservation environment; therefore, the choice of DNA extraction method can directly affect STR analysis results. To minimize the influence of sample-to-sample variation, lysates obtained from 50 bone samples were divided into two 300 μL aliquots and subjected to silica column-based extraction (SC) and magnetic bead-based automated extraction (MB), respectively, and the DNA quantification and STR analysis results of the two methods were compared using paired samples.

In DNA quantification, SC yielded significantly higher DNA concentrations than MB for the Small, Male, and Large targets (all $P<0.001$). Full profiles were obtained from 45 (90.0%) and 37 (74.0%) samples with SC and MB, respectively, showing a statistically significant difference (McNemar's exact test, $P=0.0078$). In addition, among the 13 samples that did not yield a full profile with MB, eight yielded a full profile with SC, whereas the reverse was not observed.

These findings indicate that analytical results may differ depending on the extraction system applied, even for the same sample, and suggest that both DNA quantification and STR profile results should be considered when evaluating DNA extraction methods for bone samples.

P-DNA&Bio-14

Forensic Interpretation of Tissue-Specific mtDNA Variations in Maternal Lineage Comparisons: A Case Study

Seol-Hee Sun, Sun Wha Park, Min-Hee Kim, Hyunwoo Zin, and Hyun-Chul Park★

Forensic DNA Division, National Forensic Service, Wonju 26460, Republic of Korea

This study explores tissue-specific mitochondrial DNA (mtDNA) variation and its implications for forensic interpretation through the analysis of hypervariable regions 1 and 2 (HV1 and HV2) in multiple postmortem tissues from a single individual, using a maternal reference sample for comparison. Following the identification of sequence discrepancies in the costal cartilage, additional analyses were performed on liver and muscle tissues to determine whether these differences were consistent across tissues.

The liver profile was identical to that of the maternal reference sample, whereas the costal cartilage and muscle tissues showed sequence differences at some positions. Of the nine variants identified, tissue-dependent differences were detected at nucleotide positions 16086 and 308–309. Despite these discrepancies, all samples shared the same haplogroup assignment (B4c1a), indicating that the observed differences did not affect haplogroup classification or involve diagnostic mutations. The variation at positions 308–309 was further characterized as length heteroplasmy.

These results illustrate that mtDNA sequence profiles may exhibit tissue-dependent variation within a single individual, emphasizing the importance of accounting for heteroplasmy and tissue-specific differences in the interpretation of forensic mtDNA evidence.

P-DNA&Bio-15

Development of Pentaplex qPCR Assay for the Detection of *Streptococcus salivarius* and *Lactobacillus* species in Saliva and Vaginal Fluid

Yeonwoo Lee[1], Yujin Oh[1], Yebin Kim[1], Sunjae Lee[1], Si-Keun Lim[1,2,3]★

[1]Department of Forensic Sciences, Sunkgyunkwan University, Suwon, Republic of Korea
[2]ID-Cell Forensics Co., Sungkyunkwan University, Suwon, Republic of Korea
[3]Convergence Bio Forensic Institute (CBFI), Biomedical Institute for Convergence at Sungkyunkwan University (BICS), Sungkyunkwan University, Suwon, Republic of Korea

Body fluid identification is an essential step in forensic science, as it establishes the biological origin of evidence and allows its relationship to the case to be interpreted. This is particularly relevant in sexual assault cases, where several body fluids may be deposited on a single item of evidence as a mixture, and where the discrimination of saliva from vaginal fluid provides valuable investigative information. Conventional methods are limited by sample degradation, restricted sample quantity, and reduced specificity and sensitivity in mixed samples. To overcome these limitations, microbial DNA analysis was applied to target bacterial species that dominate particular body sites, such as *Streptococcus* in the oral cavity and *Lactobacillus* in the vagina. The purpose of this study was to develop and optimize a pentaplex qPCR assay capable of simultaneously detecting four bacterial targets *Streptococcus salivarius, Lactobacillus crispatus, L. gasseri, and L. jensenii* together with an internal positive control (IPC), for the identification of saliva and vaginal fluid.

Species-specific primers and hydrolysis probes were designed for each bacterial target, and were labelled with distinct fluorophores, so that all five targets could be discriminated within a single reaction. After the designed primer and probe sets were verified, the reaction conditions were optimized and the pentaplex qPCR assay was established. Specificity was evaluated against 6 non-target bacterial species, and amplification was additionally examined in blood from male and female donors, semen, and urine. Sensitivity was assessed using serially diluted DNA in order to determine the limit of detection (LOD) for each target. The established assay was then applied to DNA extracted from vaginal fluid and saliva samples, and the detection pattern of each target was analyzed.

The findings suggest that the simultaneous analysis of multiple microbial targets can compensate for the limitations of single-target approaches and is applicable to the discrimination of saliva and vaginal fluid. As the number of real samples examined in this study was limited, further validation with an expanded sample set, including an assessment of linearity, is required.

P-DNA&Bio-16

Case report: Deconvolving Complex Familial DNA Mixtures Using X-STRs and Peak Height Imbalance (PHI) Analysis

Eunhye Kim[1], Dongbeom Seo[1], Na Yeon Kim[2], Minsun Park[1], Younghee Oh[3], Hye Jin Kim[1], Ju Yeon Jung[1★].

1 DNA Analysis Division, National Forensic Service Seoul Institute, Seoul, South Korea. 2 DNA Analysis Division, National Forensic Service Gwangju Institute, Gwanju, South Korea. 3 DNA Analysis Division, National Forensic Service Service Wonju Institute, Gangwon, South Korea

Interpreting Complex familial DNA mixtures from crime scenes remains a significant challenge in forensic genetics, particularly when attempting to differentiate between individuals sharing the same paternal lineage using conventional autosomal STRs (A-STRs) and Y-STRs. We report a household incident involving the fatal fall of an 8-month-old infant, where evidence collected from the scene yielded a complex DNA mixture comprising the father, mother and son. While standard A-STR and Y-STR profiling confirmed the presence of a mixture, it failed to definitively resolve the son's DNA contribution. Furthermore, in samples with extreme mixture rations, competitive amplification caused the minor contributor's signal to fall below detection thresholds(stutter-induced masking). To overcome these limitations, we applied a comprehensive analysis utilizing X-STRs. X-STR analysis detected three alleles at the *DXS10134* locus, confirming a male-female mixture, while the observed peak height imbalance (PHI) strongly corroborated the presence of the son's genetic material. The synergistic integration of X-STR analysis proved highly effective in resolving forensic blind spots and mitigating the limitations of stutter-induced masking, offering a robust strategy of individual discrimination in challenging casework.

P-DNA&Bio-17

DNA Analysis of Used Syringes in Drug Cases: Presumptive blood test, DNA Profile Recovery, and the Value of the DNA Database

Younghee Oh[1], Minsun Park[2], Eunhye Kim[2], Hyejin Kim[2], Dongbeom Seo[2], Ju Yeon Jung[2,★]

[1]Division of DNA Analysis, Department of Forensic Science, National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea
[2]DNA Analysis department, Seoul Institute, National Forensic Service, Seoul, Republic of Korea

Used syringes are among the most common items submitted in drug cases. However, there is little quantitative data on how often DNA can be recovered from them and how useful it is for investigations. In this study, we selected 5,322 drug-case items (6.5%) from all 81,975 items received in 2025, of which 2,253 (42.3%) were syringes. We statistically analysed their Presumptive blood test results and DNA results, and discuss what these findings mean.

After excluding 445 syringes, we retrospectively analysed the remaining 1,808. Each syringe was grouped by its blood screening test result (positive or negative) and by its DNA result: no result (ND/NC), profile obtained but not matched, match to a suspect's reference sample, match in the DNA database (arrested suspects, convicted offenders, or crime scenes), or a mixture that could not be interpreted.

More drug-case items were submitted internally after drug testing than directly by the police (54% vs 46%). DNA profiles were obtained from 76.8% (1,388) of the syringes analysed. The success rate was 92.5% for blood-positive syringes and 33.4% for blood-negative ones (OR ≈ 24.7, $p < 0.0001$). Mixtures that could not be interpreted were more common in blood-negative syringes (5.6% vs 1.2%, $p < 0.001$). Of the 1,083 matches, 66.7% (722) came from the DNA database (418 arrested suspects, 202 convicted offenders, and 102 crime scenes), twice the number of matches to suspects' reference samples (361, 33.3%). Of the profiles obtained, 20.2% had no match, and 7.5% of blood-positive syringes gave no DNA result.

The Presumptive blood test can be a strong tool for selecting syringes for analysis. Our results show that blood-negative syringes can still give DNA profiles from skin cells or touch DNA on the needle, so the test can guide which syringes to analyse first and where to sample. Blood-negative syringes also gave far more mixed profiles, which shows that the ability to interpret mixtures is important. When linked to the DNA database, syringe DNA does more than confirm a suspect; it also provides valuable leads for identifying repeat offenders and linking people within drug-use networks.

P-DNA&Bio-18

Development of a Multiplex real-time PCR assay for Forensic Age Estimation Using Salivary Microbiome markers

Soeun Lee[1], Ha-Eun Cha[1], Jooree Seo[1], Si-Keun Lim[1,2,3]★

[1]Department of Forensic Sciences, Sungkyunkwan University, Suwon, Korea
[2]ID-Cell Forensics., Sungkyunkwan University, Suwon, Korea
[3]Convergence Bio Forensic Institute (CBFI), Biomedical Institute for Convergence at Sungkyunkwan University (BICS), Sungkyunkwan University, Suwon, Korea

The human oral microbiome is known to undergo compositional changes with age, and its application in forensic age estimation has received increasing attention. Based on 16S rRNA next-generation sequencing (NGS) analysis of 200 Korean saliva samples, age-associated oral microbial biomarkers were identified. Candidate markers were defined by three criteria: (i) statistically significant correlation with age ($p < 0.05$), (ii) stable selection in repeated Elastic Net models (nonzero frequency ≥ 0.80), and (iii) consistent directionality between the correlation analysis and model coefficients. *Rothia*, *Leptotrichia*, and *Parvimonas*, all of which showed increased abundance with age and satisfied all three criteria, were selected as the final biomarkers.

In this study, genus-specific TaqMan primers and probes were designed based on 16S rRNA gene sequences for the selected markers, and a real-time qPCR assay was developed. A universal 16S rRNA primer/probe set was used as an internal control (IC), and a ΔCt-based relative quantification approach was adopted. Assay development included primer specificity confirmation via conventional PCR and gel electrophoresis, sequence validation through Sanger sequencing and BLAST analysis, and cross-reactivity evaluation using non-target bacterial DNA. Subsequently, probe concentration and cycling conditions were optimized using control DNA of *Rothia dentocariosa*, *Rothia mucilaginosa*, *Leptotrichia*, and *Parvimonas*.

Future work will involve a comprehensive validation of the optimized assay using 200 Korean saliva DNA samples. Analytical validation will include assessment of linearity through standard curve construction, amplification efficiency, and sensitivity determined by the limit of detection (LOD). Repeatability and reproducibility will also be evaluated to confirm the reliability of the assay. Following validation, the assay will be applied to the sample set for ΔCt-based comparison and correlation analysis between qPCR-derived ΔCt values and NGS-based relative abundance, with the aim of assessing the feasibility of salivary microbiome-based age estimation.

P-DNA&Bio-19

Development of a One-Step Colorimetric Sensor for Presumptive Semen Detection Based on BCIP/NBT

Mi Kang Jung[1], Gahng Yun[1], Bi Namgung[1], Minyoung Lee[1], Si-Keun Lim[1,2,3,★]

[1]Department of Forensic Sciences, Sungkyunkwan University, Suwon, 16419, Republic of Korea
[2]ID-Cell Forensics Co., Sungkyunkwan University, Suwon, 16419, Republic of Korea
[3]Convergence Bio Forensic Institute (CBFI), Biomedical Institute for Convergence at Sungkyunkwan University (BICS), Sungkyunkwan University, Suwon, 16419, South Korea

In investigations of sexual assault and other violent crimes, the presence of semen is critical in determining the direction of an investigation, and a rapid, reliable presumptive test is therefore required. However, conventional presumptive reagents for acid phosphatase (AcP), the principal marker of semen, are based on diazonium salts and suffer from severe chemical instability, requiring fresh preparation or strict storage conditions. In this study, combinations of enzyme substrates and redox indicators were compared with the aim of developing a one-step, domestically produced presumptive reagent for semen suitable for immediate use.

Ascorbyl phosphate (AAP)/resazurin was evaluated first. Although the color transition proceeded rapidly under acidic conditions, the control omitting AAP produced an even stronger color, indicating that a substantial fraction of the signal arose from ascorbic acid endogenous to semen. In contrast, 5-bromo-4-chloro-3-indolyl phosphate (BCIP)/nitro blue tetrazolium (NBT) develops color only after dephosphorylation and accordingly showed no interference from reducing substances; furthermore, reaction with purified AcP confirmed that the signal is strictly enzyme-derived. A mildly acidic buffer condition (pH 6.0) was then established, and a nonionic surfactant was incorporated into the formulation to accelerate the tetrazolium reduction step. The resulting formulation produced a visually discernible dark-purple color upon semen addition, while the sample-free control remained colorless over the same period. Cross-reactivity was also evaluated against other body fluids, including urine, saliva, vaginal fluid, and blood. This work establishes a one-step presumptive reagent for semen in which color development proceeds to completion in a single acidic solution, with long-term storage stability evaluations currently underway.

P-DNA&Bio-20

SNP-Based Kinship Inference Using the FORCE Panel for Forensic Human Identification

Hyunwoo Zin, Sun Wha Park, Min-Hee Kim, Seol-Hee Sun, Si-Hyeon Kim and Hyun-Chul Park★

Forensic DNA Division, National Forensic Service, Wonju 26460, Republic of Korea

Conventional short tandem repeat (STR)-based DNA analysis has been widely used for human identification; however, the limited genetic information provided by STR markers can pose challenges in accurately inferring distant kinship relationships. The FORensic Capture Enrichment (FORCE) panel, developed with the participation of the U.S. Armed Forces DNA Identification Laboratory (AFDIL) and other institutions, is a forensic genetic analysis panel targeting 5,422 single nucleotide polymorphisms (SNPs) that can be used to investigate various kinship relationships. In this study, the FORCE panel was applied for the first time in Korea to evaluate the feasibility of SNP-based kinship analysis using skeletal remains and family reference samples. A total of seven samples, comprising four femoral bone samples and three buccal swab samples, were analyzed using the FORCE panel and next-generation sequencing (NGS), with each sample analyzed in duplicate. The resulting sequencing data were processed through a bioinformatics pipeline to identify SNPs, and pairwise kinship coefficients (θ) were estimated. Among 21 pairwise comparisons, five previously known relationships were evaluated, yielding kinship coefficients of 0.446 for samples from the same individual, 0.288 for parent–offspring, 0.247 for full siblings, 0.132 for uncle–niece/nephew, and 0.062 for first cousins. The estimated kinship coefficients were consistent with the expected values for the corresponding relationships. Notably, genetic relatedness was also detected in more distant relationships, including uncle–niece/nephew and first cousins. This study demonstrated the feasibility of SNP-based analysis of various kinship relationships through the first pilot application of the FORCE panel in Korea. These findings suggest that the FORCE panel may be a valuable tool for the identification of unidentified human remains and distant kinship analysis in forensic casework.

P-DNA&Bio-21

Evaluation of Surface-Applied Buffers for Touch DNA Preservation Using qPCR and STR Profiling

Nagyeom Yang[1,3], Kanghee Park[1,3], Seoyeon Jang[2,3], Ina Choi[2,3] and Jaewon Lim[1,2,3,★]

[1]Department of Forensic Sciences, Graduate School, Catholic University of Pusan, Busan, 46252, Republic of Korea
[2]Department of Clinical Laboratory Sciences, College of Health Science, Catholic University of Pusan, Busan, 46252, Republic of Korea
[3]Next-Generation Industrial Field-Based Specialist Program for Molecular Diagnostics, Brain Busan 21 Plus Project, Graduate School, Catholic University of Pusan, Busan, 46252, Republic of Korea

Touch DNA analysis can be compromised by low DNA quantities and environmental degradation. This study evaluated surface-applied buffers for preserving DNA before collection using an artificial touch DNA model, with particular emphasis on subsequent short tandem repeat (STR) profiling.

HeLa cells mixed with artificial eccrine perspiration were deposited onto glass slides. After drying, samples were treated with Tris–EDTA (TE) buffer, a buffer containing 1% sodium dodecyl sulfate (SDS), or a buffer containing 0.5% Triton X-100. Untreated samples served as controls. DNA was collected by swabbing and extracted immediately after treatment (0 h) or after storage at room temperature for 7 days. DNA amplifiability was assessed using quantitative PCR (qPCR) assays targeting short and long amplicons of the human beta-globin (HBB) gene. STR profiling was performed using the GlobalFiler PCR Amplification Kit with standardized DNA inputs, and allele peak heights were evaluated in relative fluorescence units (RFU).

After 7 days, samples treated with the 1% SDS-containing buffer exhibited lower quantification cycle (Cq) values and higher STR allele peak heights than untreated controls. TE buffer produced intermediate results, whereas Triton X-100 treatment yielded less consistent results. Among the tested formulations, the SDS-containing buffer showed the most favorable overall results. Higher STR peak heights were observed even with standardized DNA inputs, although the mechanisms underlying this difference remain to be clarified.

These findings suggest that surface treatment with an SDS-containing buffer may support the preservation of amplifiable DNA and subsequent STR analysis during delayed collection in this model. Further validation using authentic touch deposits, longer storage periods, diverse substrates, and realistic environmental conditions is required before forensic application.

P-DNA&Bio-22

Blood Fingermark Enhancement and DNA Recovery Using Two Amido Black Formulations After Exposure to Household Cleaning Agents

Jiho Park[1‡], Kanghee Park[1,2], Narim Ahn[1,3] and Jaewon Lim[1,2★]

[1]Department of Forensic Sciences, Graduate School, Catholic University of Pusan, Busan, 46252, Republic of Korea
[2]Next-Generation Industrial Field-Based Specialist Program for Molecular Diagnostics, Brain Busan 21 Plus Project, Graduate School, Catholic University of Pusan, Busan, 46252, Republic of Korea
[3]Crime Scene Investigation Unit, Forensic Science Division, Busan Metropolitan Police, 49228, Republic of Korea

Blood fingermarks provide friction ridge detail and biological material for DNA analysis. However, household cleaning agents may alter blood residues, affecting fingermark visibility and DNA recovery. This study evaluated blood fingermark persistence after exposure to household cleaning agents and compared subsequent enhancement and DNA recovery using two Amido Black formulations.

Blood fingermarks were deposited on glass slides by applying 20 μL of blood and making three consecutive impressions without replenishing the blood. After drying at room temperature for 24 h, the samples were immersed for 1 or 5 min in one of six solutions: tap water, an ethanol-based cleaner, bleach, a bathroom cleaner, a kitchen cleaner, or a multipurpose cleaner. Samples were then rinsed with tap water for 10 s and dried for another 24 h. Blood residue persistence and ridge morphology were documented before and after exposure. Fingermarks were treated separately with alcohol-based Amido Black or the same formulation supplemented with 3% (w/v) sulfosalicylic acid (SSA). Enhancement was evaluated in terms of ridge clarity, continuity, and visibility. DNA was subsequently recovered from the developed fingermarks, and human DNA quantity and degradation index (DI) were assessed using quantitative PCR (qPCR).

Comparisons focused on cleaning solution, exposure duration, impression order, and Amido Black formulation. Morphological assessment and DNA analysis were integrated to evaluate fingermark enhancement and DNA recovery under the tested conditions.

Keywords: Blood fingermarks, Household cleaning agents, Amido Black, Sulfosalicylic acid, DNA recovery, Degradation index

P-DNA&Bio-23

추락 변사 사례에서 추락 높이와 수평거리의 상관관계 및 분포 분석

양지유★, 조광용, 채원민, 김은정, 서지호

경기남부경찰청 과학수사과 과학수사 9팀, 경기도, 대한민국

추락 변사사건에서 추락기점의 높이와 변사자의 최종 발견 위치는 추락 양상을 재구성하는 데 활용되는 주요 현장 정보이다. 그러나 구조물과의 중간 충돌, 지면의 특성 및 최초 충돌 후 이동 등 다양한 요인에 따라 최종 위치가 달라질 수 있다. 본 연구는 실제 추락 변사사건의 현장 조사 자료를 이용하여 추락 높이와 건물 외벽으로부터의 수평거리 분포를 확인하고, 두 변수 사이의 관련성을 검토하여 현장 재구성 시 거리 정보의 활용상 유의점을 제시하고자 하였다.

2025년 2월부터 2026년 8월까지 평택·안성·화성·오산 지역에서 직접 임장한 추락 사망 사례 중 추락 높이와 건물 외벽으로부터 추락지점(변사자 최종 발견 위치)까지 수평거리가 확인된 33건을 후향적으로 분석하였다. 추락 높이를 20m 간격(20m 이하, 20m 초과~40m 미만, 40m 이상~60m 미만, 60m 이상) 네 구간으로 구분하여 수평거리의 중앙값, 사분위범위 및 최솟값–최댓값을 산출하였다. 두 변수의 관련성은 Spearman 순위상관분석으로 평가하였다.

높이 구간별 수평거리 중앙값은 각각 1.50m, 3.45m, 2.65m, 5.95m였으며, 각 구간 내 거리 범위는 0–4.50m, 0–6.00m, 1.20–10.00m, 4.80–8.00m로 나타났다(Table 1). 전체 사례에서 추락 높이와 수평거리 사이에 통계적으로 유의한 양의 순위상관관계가 관찰되었다(Spearman ρ=0.400, p=0.021). 그러나 높이 구간별 거리 분포는 상당 부분 중첩되었고 동일 구간 내 변동도 확인되었다.

Table 1. Distribution of horizontal distance by fall height.

Fall height(m)	n	Median(m)	IQR(m)	Range(m)
≤20	5	1.50	1.20-1.60	0-4.50
20-<40	14	3.45	2.35-4.82	0-6.0
40-<60	10	2.65	1.63-5.03	1.2-10.0
≥60	4	5.95	4.88-7.25	4.80-8.0

IQR; interquartile range(Q1-Q3).

이러한 결과는 추락 높이가 증가함에 따라 수평거리가 증가하는 경향은 관찰되나, 높이와 최종 발견 위치만으로 개별 추락 양상을 재구성하기에는 한계가 있음을 시사한다. 따라서 추락 변사 현장에서는 변사자의 최종 발견 위치나 추정되는 추락 기점에 국한하지 않고, 다양한 추락 경로와 충돌 가능성에 대한 가설을 설정하여 현장에 접근하는 시각이 요구된다. 특히, 최종적으로 발견된 위치와 최초 충돌 지점이 일치하는지, 중간 충돌 흔적은 없는지 확인이 필요하며, 충돌한 지면의 특성에 따라 충돌 후 반발이나 미끄러짐 등에 의한 이동 가능성 유무 확인뿐만 아니라, 현장 주변 CCTV 영상과 목격자 진술 등을 함께 확보하여 종합적으로 해석할 필요가 있을 것으로 사료된다.

P-DNA&Bio-24

질 필러 시술 후 발생한 비혈전성 폐색전증 사망 사례

양지유★, 김혁용, 이훈기, 김상인, 김민지, 박윤장

경기남부경찰청 과학수사과 과학수사9팀, 경기도, 대한민국

비혈전성 폐색전증(non-thrombotic pulmonary embolism)은 혈전 이외의 물질이 폐혈관을 폐색하여 발생하는 질환으로, 미용 목적의 필러 시술 후에도 드물게 발생할 수 있다. 본 연구는 질 필러 시술 이후 발생한 사망 사례의 검시·부검 및 수사 정보를 검토하여 사인 규명 과정에서 법과학적 검사와 수사 정보의 연계가 갖는 의의를 제시하고자 하였다.

2026년 4월 평택시 소재 모텔에서 호흡곤란을 호소하던 여성이 병원으로 이송되어 응급 처치를 받았으나 사망하였다. 마약 중독이 의심된다는 담당 수사관 의견을 전달받아 면밀한 검시를 시행하였으며, 외표상 의료처치흔 외 주사침 자국은 관찰되지 않고, 응급실 의무기록을 참고하여 급성 폐색전증을 포함한 심장질환 관련 사망 가능성을 우선 고려하여 명확한 사인 규명을 위해 부검 권고하였다. 1차 부검에서 사망에 이를만한 뚜렷한 병변은 확인되지 않았으나, 이후 추가 부검을 통해 질벽 주변의 점액성 이물질과 출혈 소견이 관찰되었다. 조직병리검사에서는 양측 폐의 세동맥 및 폐포벽 혈관에서 회색 무정형 물질에 의한 색전증이 확인되며, 질 주변 정맥에서도 점액상 이물질에 의한 색전증이 확인되었다. 폐에서 발견된 이물질은 산성 점액다당류를 염색하는 Alcian blue염색에 양성으로 나타났으며, 질벽 이물질에 대한 법화학적 적외선 분광분석 결과, 히알루론산 나트륨과 유사한 흡수 스펙트럼이 확인되어 히알루론산 계열 물질의 가능성을 시사하였다. 이후 수사 과정에서 질 필러 시술 사실이 확인되었고, 최종 사인은 성형용 필러 합병증에 의한 비혈전성 폐색전증으로 판단되었다.

본 사례는 외표 검시는 물론, 통상적인 부검 절차만으로는 원인 병변을 확인하기 어려웠으나, 검시 및 부검 과정에서 폐색전증 가능성을 고려하고 부검 권고 및 추가 부검, 정밀검사를 시행함으로써 사인을 규명한 사례이다. 특히, 추가 부검 및 법과학 검사 결과와 수사정보의 상호 공유가 불법 질 필러 시술 사실을 밝히는데 기여하였으며, 이는 사인 규명 과정에서 법과학 기술과 수사기관 간 협력의 중요성을 보여준다. 또한, 원인 불명의 급성 호흡곤란이나 폐순환 장애가 선행된 사망에서는 비혈전성 폐색전증의 가능성도 고려할 필요가 있다.

Table 1. Summary of Forensic Findings.

Category	Site	Findings
Gross examination	Vaginal wall	질벽 오른가쪽에서 질필러 시술에 의한 것으로 추정되는 투명한 점액상의 타원형으로 모인 이물질 관찰됨. 질벽 왼가쪽에서 출혈이 동반된 경계가 불분명하게 주입되어 형성된 적갈색의 점액성 이물질 관찰됨.
Histopathology	Lung	양쪽 허파 여러 세동맥 및 허파꽈리벽 소혈관에서 회색의 무정형의 물질에 의한 색전증 소견 관찰됨.
		특수염색 결과: AB(+), PAS(-)
	Vaginal wall & veins	질벽에서 점액성 이물질 관찰됨. 질 주변 정맥에서 점액상 이물질에 의한 색전증 소견 관찰됨.
		특수염색 결과: AB(+), MT(-)
Forensic chemistry	Vaginal wall	글리코사이노글리칸 계열의 다당류와 유사한 특성을 보이며, 적외선 흡수 스펙트럼의 양상이 히알루론산 나트륨과 유사함.
COD		**성형용 필러 합병증에 의한 비혈전성 폐색전증**

AB, Alcian blue(acidic mucopolysaccharides); PAS, periodic acid–Schiff(polysaccharides); MT, Masson's trichrome(collagen), COD; Cause of death.

POSTER

제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회

포스터

중독

12:30 – 13:30 | 본관 1층 복도 (e-Poster)

P-중독-1	**Sudden Death Associated with Coronary Artery Atherosclerosis and Medetomidine Inhalation via E-cigarette: A Case Report** 이승호 · 국립과학수사연구원 광주과학수사연구소 독성화학과	82
P-중독-2	**Fatal Intoxication Following Caffeine Tablet Overdose: A Case Report and Retrospective Review of Caffeine-Related Deaths (2020–2025)** 안현민 · 국립과학수사연구원 독성학과	83
P-중독-3	**3-Methoxy-2-oxo-PCP의 생체 내 대사체 분석** 조병석 · 국립과학수사연구원 대전과학수사연구소 독성화학과	84
P-중독-4	**Identification of Nandrolone Decanoate in a Syringe Seized in a Racehorse Doping Case by GC-MS: A Case Report** 박동은 · 국립과학수사연구원 제주분원	85
P-중독-5	**A New Class-Specific LC-MS/MS Method for the Simultaneous Quantification of Amphetamines, Cathinones, and Cannabinoids in hair** 구원희 · 덕성여자대학교 약학과	86
P-중독-6	**Development of Class-Specific Simultaneous Methods for the Determination of Drugs in Urine by LC-MS/MS** 현수현 · 덕성여자대학교 약학과	87
P-중독-7	**Correlation Between Ketamine Immunoassay Screening Values and Gas Chromatography-Mass Spectrometry Confirmation in Urine** 강서진 · 국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 독성마약과	88
P-중독-8	**Death after Overdose of Theobromine, Doxofylline and Erdosteine: A Case Report** 이희상 · 국립과학수사연구원 부산과학수사연구소 독성화학과	89
P-중독-9	**Forensic Toxicological Evaluation of Dichlorvos Ingestion: Detection of Dichlorvos and Metabolites in Blood** 김민진 · 국립과학수사연구원 부산과학수사연구소 독성화학과	90
P-중독-10	**Non-targeted LC-QTOF/MS profiling for the assessment of whisky authenticity** 김형주 · 국립과학수사연구원 독성학과	91

P-중독-1

Sudden Death Associated with Coronary Artery Atherosclerosis and Medetomidine Inhalation via E-cigarette: A Case Report

Seungho Lee, Hyejung Kim, Dasol Ham, Okhyun Park, Ilung Seol*

National Forensic Service Gwangju Institution, Jangseong, Republic of Korea

Medetomidine, a potent veterinary α2-adrenergic agonist, is known to induce severe hypotension, bradycardia, respiratory depression, and central nervous sedation upon human exposure. In this report, we present a case of sudden death in a 33-year-old male with a medical history of hypertension, diabetes mellitus, and mild coronary atherosclerosis following the inhalation of a medetomidine-only e-cigarette liquid.

The deceased, a 33-year-old male with a history of hypertension, type 2 diabetes mellitus, and atherosclerosis, was discovered deceased at his residence. Forensic scene investigation and subsequent analysis of recovered e-cigarettes and liquid substances using gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS) revealed that one device and its corresponding liquid contained medetomidine as the sole active ingredient, while another device tested positive for MDMB-BUTINACA. Autopsy findings revealed significant cardiomegaly (heart weight: 574 g), accompanied by approximately 70–80% atherosclerotic stenosis and plaque rupture in the left anterior descending (LAD) and right coronary arteries (RCA). To determine the toxicological profile in the biological sample, heart blood samples were collected and processed using solid-phase extraction (SPE).

Histopathological examination of the myocardium showed no specific abnormalities. In the toxicological analysis of the heart blood, qualitative screening for other drugs and narcotics returned negative results, while medetomidine was the only substance detected. Consequently, quantitative analysis via liquid chromatography-tandem mass spectrometry (LC-MS/MS) was performed, yielding a medetomidine concentration of 0.618 ng/mL. Based on the comprehensive pathological and toxicological findings, the cause of death was determined to be atherosclerotic coronary artery disease.

Although the detected heart blood concentration overlapped with the ranges reported in existing literature for both fatal and non-fatal medetomidine intoxications, the interpretation is limited by the absence of an established human therapeutic range and the prevalence of poly-drug use in reported cases. However, considering that α-adrenergic-mediated vasoconstriction may be augmented in atherosclerotic coronary arteries, it is plausible that medetomidine acted as a contributing factor that exacerbated the decedent's cardiovascular instability, thereby triggering sudden death. This case underscores the necessity of an integrated forensic approach that synthesizes toxicological concentrations with cardiovascular pathology in the determination of the cause of death.

P-중독-2

Fatal Intoxication Following Caffeine Tablet Overdose: A Case Report and Retrospective Review of Caffeine-Related Deaths (2020–2025)

Hyunmin Ahn, Bohye Kim, Sunghoon Yeon, Ilchung Shin, Sungmin Moon, Meejung Park★

National Forensic Service, 26460, 10 Ipchun-ro, Wonju, Gangwon-do, Republic of Korea

Caffeine, a methylxanthine CNS stimulant, raises safety concerns due to increasing access to tablets and concentrated anhydrous caffeine, which allow rapid ingestion of lethal doses. We report a fatal caffeine tablet overdose and review caffeine-related deaths examined at the National Forensic Service (NFS) from 2020 to 2025. Cases were analyzed according to year and age group. In the representative case, gastric contents, heart blood, and peripheral blood were analyzed by Gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS) after liquid-liquid extraction (LLE).

Twelve caffeine-related deaths were identified during the study period (2020-2025), with annual case counts of 1, 1, 2, 3, 1, and 4, respectively. Of these 11 (91.7%) involved individuals identified aged 10–39 years. One representative case was that of a woman in her 30s. Caffeine concentrations were 383 mg/L in heart blood and 376 mg/L in peripheral blood, within reported lethal ranges, with a large amount detected in gastric contents. Acute caffeine intoxication was determined as the cause of death. These findings underscore the need for public awareness of caffeine misuse among younger populations. The representative case illustrates how concentrated caffeine products can enable the rapid ingestion of fatal doses. Overall, these findings may provide baseline data to support forensic surveillance and public education regarding caffeine-related fatalities.

P-중독-3

3-Methoxy-2-oxo-PCP의 생체 내 대사체 분석

조병석, 오혜림, 최서연, 장혜진, 김동우

대전과학수사연구소 독성화학과, 대전광역시, 대한민국

최근 다양한 신종마약류(new psychoactive substances, NPS)가 지속적으로 등장하면서 사회적 문제가 되고 있으며, 특히 케타민(ketamine) 및 펜사이클리딘(phencyclidine, PCP)과 구조적으로 유사한 arylcyclohexylamine 계열 물질들의 출현이 증가하고 있다. 케타민은 수술 시 마취 유도 및 통증 경감 등에 사용되는 전신마취제이지만, N-methyl-D-aspartate (NMDA) 수용체에 대한 길항작용으로 인해 환각(hallucinogenic) 및 해리성(dissociative) 효과를 나타내어 마약으로도 남용되고 있다. 최근에는 기존 케타민(ketamine)과 펜사이클리딘(phencyclidine, PCP)의 화학구조를 변형한 다양한 유사체들이 새롭게 확인되고 있으며, 이 중 3-methoxy-2-oxo-PCP는 최근 국내 압수시료에서 확인되어 핵자기공명분광법 및 질량분석법을 통한 구조 규명과 분석적 특성이 보고된 바 있다. 일반적으로 소변 및 모발 등의 생체시료에서 마약류의 섭취 여부를 확인하기 위해서는 시료의 오염 가능성을 배제하고 실제 체내 대사 여부를 뒷받침할 수 있는 대사체의 검출이 중요하다. 그러나 3-methoxy-2-oxo-PCP와 같은 신종마약류는 체내 대사에 관한 연구가 충분히 이루어지지 않아 생체시료에서의 대사체 검출에 어려움이 있다. 따라서, 본 연구에서는 3-methoxy-2-oxo-PCP의 생체 내 대사체 탐색을 위하여 액체크로마토그래피/사중극자형 비행시간차 질량분석기(liquid chromatography/quadrupole time-of-flight tandem mass spectrometry)와 가스크로마토그래피/질량분석기(gas chromatography/mass spectrometry)를 이용하여 분석을 진행하였다. 분석 결과, carboxylation, hydroxylation, O-demethylation 및 desaturation 등의 제1상 대사반응에 의해 생성된 것으로 추정되는 다양한 대사체가 검출되었으며, 두 가지 이상의 대사반응이 복합적으로 일어난 형태의 대사체도 확인되었다. 또한 이러한 제1상 대사반응에 이어 glucuronide conjugation이 수반된 제2상 대사체로 추정되는 물질들도 검출되었다. 이러한 결과는 3-methoxy-2-oxo-PCP가 생체 내에서 다양한 대사과정을 거칠 가능성을 보여주며, 향후 생체시료에서 해당 물질의 섭취 여부를 확인하기 위한 분석 지표를 선정하는 데 기초자료로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

P-중독-4

Identification of Nandrolone Decanoate in a Syringe Seized in a Racehorse Doping Case by GC-MS: A Case Report

Dongeun Park★, Yoseob Kim

Jeju Branch, National Forensic Service, Jeju, Republic of Korea

Doping in horse racing undermines the fairness of races, and anabolic androgenic steroids are among the substances prohibited in racehorses. Nandrolone is an anabolic steroid used therapeutically in human and veterinary medicine, but it is widely misused by bodybuilders and athletes to increase muscle mass. It is usually administered by intramuscular injection as long-acting esters such as nandrolone decanoate.

Recently, nandrolone was detected in a post-race urine sample of a racehorse in Korea. Two syringes related to this case were commissioned to identify the substances they contained. Nandrolone decanoate was detected in its intact ester form in one syringe by gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS) and identified by comparison of its retention time and mass spectrum with a reference standard. Xylazine, a sedative commonly used in horses, was detected in the other syringe.

This case is significant as the first reported detection of nandrolone in Korean horse racing, and the analysis of a related syringe provided information on the nandrolone formulation that cannot be obtained from biological samples, in which nandrolone esters are hydrolyzed and mainly detected as nandrolone and its metabolites. Although the detection in syringes alone cannot prove administration to a specific horse, these results, combined with those of biological samples, can contribute to a more comprehensive evaluation of doping cases in horse racing.

P-중독-5

A New Class-Specific LC-MS/MS Method for the Simultaneous Quantification of Amphetamines, Cathinones, and Cannabinoids in hair

Wonhee Koo[1], SUHYEON HYEON[1], SooHyun Kim[1], JinAh Lee[1], Eunse Kim[1], Gaeun Lim[1], Jungmin Shin[1], Hyun seo Park[1], Hangji Ok[2], Youngmin Hong[2], Tae Woong Na[3], Su Jeong Park[3], Eunyoung Han[1,★]

[1]College of Pharmacy, Duksung Women's University, 33, Samyang-ro 144-gil, Dobong-gu, Seoul, 01369, Republic of Korea
[2]Technical Research Center, Shimadzu Scientific Korea, 145, Gasan digital 1-ro, Geumcheon-gu, Seoul, 08506, Republic of Korea
[3]Pharmacology and Narcotics Research Division, National Institute of Food and Drug Safety Evaluation, 187 Osongsaengmyeong 2-ro, Osong-eup, Heungdeok-gu,
Cheongju-si, Chungcheongbuk-do, 28159, Republic of Korea

Drug abuse remains a serious global social problem. Hair has a wider detection window than urine and is therefore a useful specimen for retrospectively assessing long-term drug use. Previous multi-class methods that used a single set of optimized conditions often showed unsatisfactory validation performance for certain drug classes. Accordingly, class-specific simultaneous methods were developed for the analysis of 38 amphetamines, 16 cathinones, 13 cannabinoids, and 84 synthetic cannabinoids in hair by liquid chromatography–tandem mass spectrometry (LC-MS/MS). Extraction procedures were compared for each class. For amphetamines, methanol extraction gave higher recoveries than liquid–liquid extraction (LLE), and methanol extraction was likewise selected for cathinones. For cannabinoids, alkaline hydrolysis followed by LLE was selected as the final sample preparation method. Analysis was performed in multiple reaction monitoring (MRM) mode with an electrospray ionization (ESI) source. The methods were validated by evaluating the limit of quantification (LOQ), linearity, matrix effect, accuracy, and precision. The coefficient of determination (R^2) was ≥0.98 for 66 of 67 compounds, and the LOQ was ≤1 ng/mL for all 38 amphetamines, 14 of 16 cathinones, and 12 of 13 cannabinoids. Mean matrix effects ranged from 90% to 101% across classes. Accuracy (80–120%) was satisfied for most amphetamines and cathinones, whereas the precision of some cannabinoids required improvement. The proposed methods are expected to be applicable to forensic analysis of hair samples.

P-중독-6

Development of Class-Specific Simultaneous Methods for the Determination of Drugs in Urine by LC-MS/MS

SUHYEON HYEON[1], Wonhee Koo, SooHyun Kim[1], Jin Ah Lee[1], Eunse Kim[1], Gaeun Lim[1], Jungmin Shin[1], Hyun seo Park[1], Nuri Lim[2], Minhye Lee[2], Jin Jang[2], Hangji Ok[2], Youngmin Hong[2], Tae Woong Na[3], Su Jeong Park[3], Eunyoung Han[1,★]

[1]College of Pharmacy, Duksung Women's University, 33, Samyang-ro 144-gil, Dobong-gu, Seoul, 01369, Republic of Korea
[2]Technical Research Center, Shimadzu Scientific Korea, 145, Gasan digital 1-ro, Geumcheon-gu, Seoul, 08506, Republic of Korea
[3]Pharmacology and Narcotics Research Division, National Institute of Food and Drug Safety Evaluation, 187 Osongsaengmyeong 2-ro, Osong-eup, Heungdeok-gu, Cheongju-si, Chungcheongbuk-do, 28159, Republic of Korea

Drug abuse remains a serious global social problem, and urine is a specimen widely used to verify drug use. Simultaneous analysis of multiple drug classes by a single method is limited by differences in class-specific properties, which lead to unsatisfactory validation results for some compounds. In this study, class-specific simultaneous methods were therefore developed for the analysis of 39 amphetamines, 16 cathinones, 13 cannabinoids, and 84 synthetic cannabinoids, in 100 μL of urine by liquid chromatography–tandem mass spectrometry (LC-MS/MS). After enzymatic hydrolysis, samples were prepared by either dilute-and-shoot with methanol or QuEChERS with acetonitrile, and the two approaches were compared. Dilute-and-shoot gave generally higher recoveries, and methanol was selected as the final dilution solvent. Analysis was performed in multiple reaction monitoring (MRM) mode with an electrospray ionization (ESI) source, and deuterated internal standards were used for quantification. The methods were validated by evaluating the limit of quantification (LOQ), linearity, matrix effect, accuracy, and precision. The LOQ was ≤1 ng/mL for all compounds except the cannabinoid H4CBD (4.0 ng/mL), and the coefficient of determination (R^2) was ≥0.98 over the range of 1–100 ng/mL for all compounds. Mean matrix effects ranged from 90% to 109% across classes. Intra-day (n=6) and inter-day (n=12) precision (CV) was ≤20% for all compounds except one synthetic cannabinoid, and accuracy (recovery of 80–120%) was satisfied for all compounds except 9β-HHC-O and JWH-176. The proposed method is simple and rapid, and is expected to be applicable to forensic analysis of urine samples.

P-중독-7

Correlation Between Ketamine Immunoassay Screening Values and Gas Chromatography-Mass Spectrometry Confirmation in Urine

Seojin Kang★, Sujin Jeong, Jihyun Kim, Moonhee Jang

Forensic Toxicology & Narcotics Division, Seoul Institute, National Forensic Service, Seoul, Republic of Korea

Ketamine is a dissociative anesthetic widely used in medical practice. However, increasing prevalence of ketamine abuse has led to a substantial rise in forensic requests for urine analysis. Due to the absence of routine ketamine immunoassay screening method, all urine specimens suspected for ketamine abuse are subjected to gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS) analysis without prior screening method, resulting in increased analytical workload and economic burden. This study aimed to evaluate the relationship between ketamine immunoassay screening values and confirmatory GC-MS results.

Herein, total 214 authentic urine specimens were analyzed with both immunoassay screening and GC-MS analysis. 78 urine specimens were decided ketamine positive and 136 were negative by GC-MS analysis. Immunoassay showed great diagnostic accuracy with area under curves (AUCs) of receiver operating characteristic curve (ROC) 0.968. Notably, most ketamine positive urine specimen was concentrated in over 1000 immunoassay ranges. These findings suggest that ketamine immunoassay screening values could be utilized as triage indicators prior to confirmatory analysis, which improves analytical efficiency in forensic laboratories.

P-중독-8

Death after Overdose of Theobromine, Doxofylline and Erdosteine: A Case Report

Heesang Lee, Sineun Kim, Siyeon Kim, Minjin Kim, Yujin Park★

Forensic Toxicology & Chemistry Division, Busan Institute, National Forensic Service, Yangsan, Republic of Korea

A 72-year-old man with chronic obstructive pulmonary disease (COPD) and heart disease was found dead at home one day after discharge following treatment for a hypnotic overdose. Doxofylline (400 mg) was prescribed once daily in the morning, and erdosteine (300 mg) and theobromine (300 mg) twice daily; assuming one unit per packet, the maximum intake from 30 packets was 6 g of doxofylline, 9 g of erdosteine, and 9 g of theobromine. Liquid chromatography–tandem mass spectrometry (LC-MS/MS) showed heart and peripheral blood concentrations of 114.21 and 97.64 mg/L for theobromine, 25.35 and 25.00 mg/L for erdosteine, and 17.73 and 17.02 mg/L for doxofylline. Relative to serum or plasma reference values, peripheral blood theobromine was about 5 times the toxic threshold, erdosteine about 20 times the peak after a 300 mg dose, and doxofylline 1.1–3.4 times the therapeutic peaks; toxic and lethal blood levels are undefined for the latter two drugs. Haloperidol, bisoprolol, and rosuvastatin were within therapeutic ranges, hypnotics were not detected, and blood alcohol was below 0.010%.

We propose that methylxanthine toxicity from theobromine, synergistically potentiated by doxofylline and erdosteine, with increased susceptibility from advanced age and cardiopulmonary disease, may have caused death through catecholamine-mediated hypokalemia leading to ventricular arrhythmia. The cause of death was accordingly presumed to be mixed drug intoxication, mainly theobromine.

To the best of our knowledge, this is the first fatal overdose of these three drugs reported with postmortem blood concentrations.

P-중독-9

Forensic Toxicological Evaluation of Dichlorvos Ingestion: Detection of Dichlorvos and Metabolites in Blood

Minjin Kim, Sineun Kim, Siyeon Kim, Heesang Lee, Yujin Park★

National Forensic Service Busan Institute, Yangsan, Republic of Korea

Dichlorvos (2,2-dichlorovinyl dimethyl phosphate, DDVP) is an organophosphorus insecticide that exerts acute toxicity through inhibition of acetylcholinesterase (AChE). However, the parent compound is frequently undetectable in postmortem specimens, as DDVP is rapidly metabolized *in vivo* and subject to postmortem degradation. Analysis of its metabolites and degradation products may therefore serve as a complementary approach for verifying DDVP ingestion.

We analyzed postmortem blood from four suspected DDVP ingestion cases in which insecticides containing DDVP were found at the scene. Blood was analyzed for DDVP by gas chromatography–mass spectrometry (GC-MS) and liquid chromatography–tandem mass spectrometry (LC-MS/MS); DDVP was detected in only one of the four cases and was not detected in the remaining three.

To obtain additional evidence of DDVP exposure, blood from all four cases was further analyzed for dimethyl phosphate (DMP) and trimethyl phosphate (TMP), known metabolic and degradation products of DDVP. Blood was deproteinized with a mixture of methanol and acetonitrile and analyzed by liquid chromatography–quadrupole time-of-flight mass spectrometry (LC-QTOF/MS) in positive ionization mode for TMP and in negative ionization mode for DMP. DMP and TMP were detected in all four cases, including the three cases in which DDVP was not detected. Together with the scene findings, these results were consistent with DDVP ingestion in all four cases.

These findings suggest that analysis of DMP and TMP, in conjunction with the parent compound, can provide useful toxicological evidence of DDVP ingestion when DDVP itself is not detected in postmortem blood.

P-중독-10

Non-targeted LC-QTOF/MS profiling for the assessment of whisky authenticity

Hyung Joo Kim★, Nayoon Park, Yumi Han, Jeongeun Kwon, Meejung Park

[1]Forensic Toxicology Division, National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea

Requests for authenticity testing of whisky are continuously received; however, product-specific marker compounds are difficult to establish for whisky. This study therefore aimed to develop an approach based on comparing chemical profiles with those of authentic reference samples. Sixty-five samples of 12 commercial whisky products (54 training and 11 external test samples) and seven suspected counterfeit samples submitted for authenticity testing were analyzed by non-targeted LC-QTOF/MS. After QC-based signal drift correction, features were selected based on repeatability, differences among product groups, and signal quality, and redundant ions derived from the same compound were removed, yielding 4,050 features. A partial least squares-discriminant analysis (PLS-DA) model was constructed, and prediction samples were evaluated using the distance to the model in X-space (DModXPS+) and the probability of belonging to the model (PModXPS+). The PLS-DA model (R^2Y = 0.967, Q^2 = 0.841) showed no indication of overfitting in the permutation test, and all 11 external test samples were correctly classified into their product groups. In contrast, the seven suspected counterfeit samples showed markedly higher DModXPS+ values (6.18–7.21) than the authentic test samples (0.97–1.58), and their PModXPS+ values were 0, below the threshold for model membership. These results suggest that the chemical profiles of the suspected samples cannot be explained by the variation within the authentic product groups. Combining non-targeted profiling, PLS-DA, and DModX-based evaluation may serve as a supporting tool for authenticity testing, assessing whether unknown samples fall within the range of the authentic samples used for model construction, in addition to classifying them into product groups.

POSTER

제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회

포스터

화학

12:30 – 13:30 | 본관 1층 복도 (e-Poster)

P-화학-1	**Four Years of Research on Forensic Carbon Monoxide Analysis in Postmortem Spleen Tissue: Analytical Challenges and Methodological Advances** 이미연 · 국립과학수사연구원 대전과학수사연구소 독성화학과	93
P-화학-2	**Blood–Vitreous Ethanol Relationships and Distribution of V/B Ratios in Korean Autopsy Cases** 김유정 · 국립과학수사연구원 대구과학수사연구소 독성화학과	94
P-화학-3	**Automated detection of condom-derived starch granules in vaginal smears using polarized slide imaging for sexual assault investigations** 박상환 · 국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 화학분석과	95
P-화학-4	**Comparison of Latent Fingermark Development Techniques on Coated Papers with Different Surface Gloss Levels** 안나림 · 부산경찰청 과학수사과	96
P-화학-5	**Combinations of ethyl glucuronide, ethyl sulfate, n-propanol and n-butanol in postmortem peripheral blood: interpretive lessons from 26 autopsy cases** 조영훈 · 국립과학수사연구원 화학과	97
P-화학-6	**UV-A LED(365nm) 광원이 CA경화 AGING에 미치는 영향 (베이직옐로우40(BG40), 로다민6G(R6G) 중심)** 이가영 · 경상남도경찰청 진주경찰서	98
P-화학-7	**변사자 의복의 안정동위원소 분석을 통한 지리적기원 추정** 정선경 · 국립과학수사연구원 화학과	99
P-화학-8	**GC-MS를 이용한 겨울용 경유의 경질 탄화수소 분포 특성 및 일반 경유·등유와의 비교 분석** 조상훈 · 국립과학수사연구원 화학과	100
P-화학-9	**LA-ICP/MS를 이용한 종이 속 잉크의 다원소 분석을 통한 동일성 판별** 이유란 · 국립과학수사연구원 화학과	101
P-화학-10	**Chemical Profiling of Commercial Fabric Softeners Using GC/MS and Py-GC/MS: Implications for Forensic Interpretation** 공보경 · 국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 화학분석팀	102
P-화학-11	**미세증거물 분석의 현재와 미래: 법과학적 분석, 통계적 평가 및 신기술에 대한 비판적 고찰** 안성희 · 국립과학수사연구원 화학과	103

P-화학-1

Four Years of Research on Forensic Carbon Monoxide Analysis in Postmortem Spleen Tissue: Analytical Challenges and Methodological Advances

Miyeon Lee[1,★], Young-Hoon Jo[2], Hyun Jee Kim[1], Wooyong Park[2]

[1]Daejeon District Office, National Forensic Service, Daejeon 34054
[2]Forensic Chemical Division, National Forensic Service, Wonju 26460

Carboxyhemoglobin (COHb) is an important analytical marker for the forensic evaluation of carbon monoxide (CO) poisoning. In decomposed postmortem cases, however, blood specimens may be unavailable or unsuitable for analysis, making spleen tissue a potential alternative specimen. This study evaluated the forensic applicability of spleen tissue for postmortem CO analysis and investigated putrefaction-associated analytical interference affecting COHb quantification.

COHb concentrations were determined by gas chromatography with a thermal conductivity detector (GC-TCD) in spleen specimens from 125 autopsy cases. Among 100 cases unrelated to CO exposure, COHb concentrations were detected at levels up to 29.8%, whereas 25 CO-exposure cases showed concentrations ranging from 43.1% to 97.5%. These findings support the potential use of spleen tissue as a supplementary specimen for postmortem CO analysis. However, exceptionally high COHb concentrations, including values exceeding 100%, were observed in some severely decomposed specimens, suggesting that postmortem changes in hemoglobin may interfere with COHb quantification. To investigate this interference, reductive pretreatment using 0.574 M sodium dithionite ($Na_2S_2O_4$) was evaluated. Spleen specimens from 60 autopsy cases were divided into control and reduced samples and analyzed under identical conditions. COHb concentrations decreased after reductive treatment in 48 cases, with differences ranging from 2.21% to 93.24% (median, 13.83%). In 12 cases, minimal differences were observed, ranging from 0.05% to 1.57% (median, 0.67%). Notably, two specimens showing exceptionally high COHb concentrations of 125.6% and 116.2% in the control condition decreased to 32.4% and 79.0%, respectively, after reductive treatment.

These findings indicate that COHb concentrations in postmortem spleen tissue may be influenced not only by CO exposure but also by postmortem changes in hemoglobin, particularly in severely decomposed specimens. Sodium dithionite-based reductive pretreatment may mitigate potential methemoglobin-related analytical interference and improve the reliability of CO quantification. This approach may provide a useful complementary strategy for forensic CO analysis when suitable blood specimens are unavailable.

P-화학-2

Blood–Vitreous Ethanol Relationships and Distribution of V/B Ratios in Korean Autopsy Cases

Yujeong Kim*

Forensic Toxicology & Chemistry Division, National Forensic Service Daegu Institute, Gyeongsangbuk-do, Republic of Korea

Blood ethanol analysis is routinely used in forensic investigations, but postmortem changes can complicate its interpretation. Vitreous humor is less affected by putrefaction and is therefore useful as a complementary specimen. However, the relationship between blood and vitreous ethanol concentrations requires further evaluation.

Autopsy cases examined at the Seoul Institute of the National Forensic Service between 2021 and 2025 were retrospectively reviewed. Ethanol concentrations in paired peripheral blood and vitreous humor were measured by HS-GC-FID. In 778 cases positive in both specimens, concentration relationships and the distribution of vitreous-to-blood ethanol ratios (V/B) were evaluated according to blood ethanol concentration.

Blood and vitreous ethanol concentrations showed a strong positive correlation, with higher concentrations generally observed in vitreous humor. The V/B ratios showed greater variability at lower blood ethanol concentrations. These results provide reference data for interpreting postmortem ethanol results and may support case-specific assessment rather than reliance on a fixed conversion ratio.

P-화학-3

Automated detection of condom-derived starch granules in vaginal smears using polarized slide imaging for sexual assault investigations

Sanghwan Park★, Bokyoung Gong, Sookyung Jeon, Eunjin Jang, Seulki Kang, Ji Eun Jung, Jinmi Jung

Chemical Analysis Division, National Forensic Service, Seoul, Republic of Korea

In cases of sexual assault, the identification of condom residues is a crucial component of forensic trace evidence, serving to corroborate victim testimonies and indicate the use of prophylactics, especially when the perpetrator's DNA is absent. Corn starch granules, commonly utilized as anti-tacking agents in condoms, are frequently deposited in the vaginal cavity. Consequently, the detection of starch granules in vaginal smears are essential steps in forensic screening of sexual assault. Currently, the standard protocol for identifying these micro-particles relies heavily on manual microscopic examination. While effective in principle, this conventional approach presents operational and scientific limitations. Prolonged manual observation induces severe physical and cognitive fatigue in examiners, leading to a high susceptibility to human error. More importantly, manual screening struggles to objectively document negative findings. When evidence is positive, impressive areas are easily cherry-picked and photographed; however, when reporting a negative result, capturing arbitrary fields of view fails to provide definitive proof that the entire slide is devoid of trace evidence. To overcome these inherent limitations, we introduce an automated screening approach utilizing polarized slide imaging. By generating a high-resolution digital map of the smeared area, this approach eliminates fatigue-induced errors and provides absolute, comprehensive proof for both positive and true-negative results. Ultimately, this approach lays the groundwork for future artificial intelligence applications, where deep learning models trained on the unique polarization characteristics (birefringence) of starch granules can autonomously determine their presence and count.

P-화학-4

Comparison of Latent Fingermark Development Techniques on Coated Papers with Different Surface Gloss Levels

Narim Ahn[1,3‡], Kanghee Park[1,2], Jihyun Ha[3], Seongmin Kim[3] and Jaewon Lim[1,2★]

[1]Department of Forensic Sciences, Graduate School, Catholic University of Pusan, Busan, 46252, Republic of Korea
[2]Next-Generation Industrial Field-Based Specialist Program for Molecular Diagnostics, Brain Busan 21 Plus Project, Graduate School, Catholic University of Pusan, Busan, 46252, Republic of Korea
[3]Crime Scene Investigation Unit, Forensic Science Division, Busan Metropolitan Police, 49228, Republic of Korea

Coated papers exhibit diverse surface properties that may influence latent fingermark development. This study compared six development treatments across 15 coated paper substrates with different instrumentally measured gloss levels.

Surface gloss was measured at 20°, 60°, and 85°. Latent fingermarks were deposited by direct finger contact and developed using S powder, fluorescent magnetic powder, ninhydrin, 1,2-indanedione, cyanoacrylate (CA) fuming followed by Basic Yellow 40, or CA fuming followed by fluorescent magnetic powder. Three experimental trials were conducted. Developed fingermarks were assessed using automated fingerprint identification system (AFIS) quality scores and detected minutiae counts, summarized as mean ± standard deviation.

Gloss values at 60° ranged from 1.95 to 112.67 gloss units. Four substrates were classified as low-gloss, nine as medium-gloss, and two as high-gloss. One visually high-gloss substrate was classified as medium-gloss by instrumental measurement. Across all substrates, ninhydrin yielded the highest mean AFIS quality score (39.27 ± 29.98), followed by fluorescent magnetic powder (34.40 ± 18.82) and CA fuming followed by fluorescent magnetic powder (33.11 ± 13.41). In contrast, CA fuming followed by fluorescent magnetic powder yielded the highest mean detected minutiae count (52.51 ± 23.31), followed by fluorescent magnetic powder (44.82 ± 21.43) and S powder (40.62 ± 29.00). Ninhydrin yielded a mean detected minutiae count of 38.04 ± 28.60 despite producing the highest mean quality score.

The development treatments showed different rankings depending on the AFIS-based evaluation metric. These findings highlight the importance of considering both quality scores and detected minutiae counts when comparing fingermark development techniques on coated papers. Further analysis is required to determine the association between surface gloss and development performance.

Keywords: Coated paper, Latent fingermarks, Surface gloss, Fingermark development, AFIS, Minutiae

P-화학-5

Combinations of ethyl glucuronide, ethyl sulfate, n-propanol and n-butanol in postmortem peripheral blood: interpretive lessons from 26 autopsy cases

조영훈★, 김주현, 조정만, 박치현, 강태이, 박우용

국립과학수사연구원 법과학부 화학과, 원주, 대한민국

Ethanol in postmortem blood may derive from antemortem ingestion, postmortem microbial formation, or both, and this distinction determines whether alcohol can be considered in establishing the cause and circumstances of death. Ethyl glucuronide (EtG) and ethyl sulfate (EtS) indicate ingestion, whereas n-propanol and n-butanol indicate putrefactive microbial activity; cross-classifying these markers defines eight theoretical combinations, but whether each occurs in casework and how each should be reported have not been described. We present an index case and 25 further medicolegal autopsy cases (estimated postmortem interval, 1–4 days; early putrefaction) in which all five analytes were determined in the same peripheral blood specimen. In the index case, a man in his 60s found dead indoors, the peripheral blood ethanol concentration was 1.860 g/L, EtG and EtS were below the limit of detection, and both n-propanol (0.240 g/L) and n-butanol (0.040 g/L) were present, findings that strongly support postmortem formation despite a concentration above 1.0 g/L. All eight combinations occurred among the 26 cases, each illustrated by a representative case that demonstrates established interpretive principles in real casework: EtS alone established ingestion when EtG was below the limit of quantification, n-butanol was detected without n-propanol in 6 of 11 n-butanol-positive cases, and identical n-butanol concentrations were associated with discordant direct metabolite findings. The combinations were translated into a two-axis reporting scheme (EtS for ingestion; higher alcohols for postmortem formation), with suggested report wording and practical recommendations for specimen collection and test requests at autopsy.

Direct metabolites (EtG, EtS)	Higher-alcohol profile (reporting threshold, 0.005 g/L)				Total
	Neither *n*-PrOH − *n*-BuOH −	*n*-Propanol only *n*-PrOH + *n*-BuOH −	*n*-Butanol only *n*-PrOH − *n*-BuOH +	Both *n*-PrOH + *n*-BuOH +	
Quantifiable EtG ≥0.030 mg/L or EtS ≥0.014 mg/L	**P1** n = 5 Cases 1–5 EtOH 0.100–1.670 g/L	**P2** n = 1 Case 6 EtOH 1.750 g/L	**P3** n = 2 Cases 7, 8 EtOH 0.220–0.770 g/L	**P4** n = 1 Case 9 EtOH 2.470 g/L	**n = 9**
Below LOD EtG <0.010 mg/L and EtS <0.004 mg/L	**P5** n = 6 Cases 10–15 EtOH 0.140–0.720 g/L	**P6** n = 3 Cases 16–18 EtOH 0.500–1.070 g/L	**P7** n = 4 Cases 19–22 EtOH 0.241–0.430 g/L	**P8** n = 4 Cases 23–26 (index case, Case 26) EtOH 0.550–1.860 g/L	**n = 17**
Total	n = 11	n = 4	n = 6	n = 5	**n = 26**

Ingestion established · Ingestion established; postmortem contribution possible · Ingestion excluded (EtS criterion) · Supports postmortem formation · Strongly supports postmortem formation

Fig. 1 Distribution of the 26 cases across the eight analytical patterns defined by cross-classification of direct metabolite status and higher-alcohol profile. Rows denote whether the direct metabolites (EtG and EtS) were quantifiable or below the limit of detection (LOD); columns denote the detection profile of n-propanol (n-PrOH) and n-butanol (n-BuOH). Each cell shows the pattern designation, number of cases, case identifiers, and ethanol (EtOH) concentration range. Shading indicates the interpretive category detailed in Table 2, with darker shading denoting stronger support for postmortem ethanol formation. The index case (Case 26) belongs to P8.

P-화학-6

UV-A LED(365nm) 광원이 CA경화 AGING에 미치는 영향 (베이직옐로우40(BG40), 로다민6G(R6G) 중심)

이가영[1], 이승환[2], 권혁재[3], 김지영[4], 맹나연[5], 박수경[6], 최정우[7]

([1]경남청 진주서, [2]중앙경찰학교 교무과, [3]경기남부청 광주서, [4]전북청 군산서, [5]전북청 익산서, [6]경북청 영양서, [7]인천청 미추홀서)

현장에서 수거한 증거물등에서 잠재지문을 채취하는 방법에는 분말법, 액체법, 기체법등이 있으며, 기체법중 대표적인 CA훈증기법은 비다공성 대상물체의 표면에 Cyanoacrylate(이하CA)용액을 가열 훈증시켜, 모노머 (monomer)가 지문 유류물과 중합반응으로 폴리머(polymer)를 형성하는 과정을 통해 지문의 융선을 현출하게 되며, 이후 CA훈증물의 대조비 향상을 위해 중강기법(분말, 염색시약)을 사용하게 된다.

분말과 염색시약(BG40, R6G)을 적용하기 위해서는 일정시간의 CA훈증물 경화가 필요하며, 24h을 제시 하고 있다. 이러한 장시간의 자연경화 과정은 단순한 시간 지연의 문제가 아니며, 증거물을 장시간 보관 취급하는 과정에서 증거물연계성(Chain of Custody)을 훼손할 가능성이 있으며, 충분히 안정화되지 않은 상태에서 염색시약을 처리할 경우 시약의 성분으로 인해 지문이 손상될 수 있다.

또한 신속한 경화를 위해 경화촉진제(스프레이)를 사용하는 경우 증거물 표면에 직접 시약을 살포하는 접촉 방식으로, 적용 과정에서 지문의 오염 및 훼손 가능성을 고려할 필요가 있다.

따라서 기존 CA법은 지문 현출 이후 경화와 후속 증강까지 상당한 시간이 소요되고, 장시간 보관 및 접촉 과정에서 지문이 훼손될 가능성이 있다는 한계가 있다.
이에 본 과제에서는 기존 CA법을 변경하지 않고, CA훈증 후 365nm UV-A LED를 비접촉 방식으로 조사하여 지문의 경화를 촉진하고, 장시간 자연경화에 따른 훼손 가능성을 줄이는 방법을 제안하고자 한다.

실험방법은 아래 그림과 같으며,(CA챔버:SJ-950C 세종과학)

CA훈증조건	슬라이드글라스에 지문을 유류하고 CA 훈증 → 조건: 온도 120°C, 습도 65%, 20분
조사및 관찰	CA훈증 후 10, 20, 30, 60, 120, 180, 240, 300초 조사 건조 → ①, ②번: UV-A광원 사용 건조 → ③, ④번: UV-A 광원 미사용 관찰 → ①, ③번: BY40염색후, 450nm+오렌지필터 관찰 → ②, ④번: R6G 염색후, 505nm+오렌지필터
광원(F-100)	UV-A LED, 파장: 365 nm, 최대광속:1,050mW, 실험이격거리:약3cm

본 실험에서 UV-A LED 광원을 선정한 이유는 UV-A(315~400 nm)는 UV-B나 UV-C 대비 상대적으로 긴 파장과, 낮은 에너지를 가진다. 그중 365nm 파장은 산업계에서 파손된 자동차 앞유리 복원, 젤네일 및 레진아트용으로 경화시키는데 사용되며, .UV LED는 UV 램프보다 환경 친화적(오존발생×)이고, 미세한 출력 조절이 가능하며, 수명이 길어 경제적이라는 장점이 있다.

실험결과 UV-A LED 광원을 조사한 검체가 조사하지 않은 검체보다 CA 훈증물의 탈락이 적게 발생하였다.

300초 조사한 뒤 염색시약을 처리할 경우 개인식별 가능한 품질의 지문을 얻을 수 있었다. UV-A LED 광원이 CA 경화에 영향을 미치는 것으로 확인되었으며, 염색시약 처리전, 건조 시간 단축이 가능하다.

실험실(CA챔버)에서 슬라이드글라스에 지문을 유류하는 방법으로 진행하였으며, 다양한 표면 및 환경을 설정한 후속 연구가 필요하다. 또한 UV-A LED 광원은 CA 경화에 효과적이고 살균 영향은 거의 없으나, 지문 내 남아있을 수 있는 DNA의 변형 및 손상을 유발할 가능성이 존재한다. 추후 DNA 분석에 미치는 영향등 병행 연구가 필요하다.

P-화학-7

변사자 의복의 안정동위원소 분석을 통한 지리적기원 추정

정선경, 이유란, 송병열, 박우용

국립과학수사연구원 화학과, 강원특별자치도. 대한민국

대한민국은 세계 유일의 분단국가로, 북한 접경선 인근 지역은 사고나 재난과 같은 다양한 이유로 사망한 변사자가 발견되며 이를 우리는 뉴스를 통해 소식을 접할 수 있다. 이와 관련하여 최근 북한과 인접한 한탄강변에서 변사체가 발견된 사건이 있었으며, 북한에서 수집한 생체시료의 데이터가 미비하기에 변사체의 지리적기원을 추정하기 위해 해당 변사체가 착용한 의복의 분석을 통해 변사자의 지리적기원을 추정하기로 하였다. 변사자가 착용한 의복의 브랜드, 형상 및 구조 등 외형적 특성만으로는 변사자의 지리적기원을 추정하는 데 한계가 있으며, 본 연구에서는 변사자가 착용하고 있었던 하의 내복 허리에 삽입된 고무줄의 탄소 및 수소 안정동위원소비를 EA-IRMS로 측정하여 지리적기원 추정을 위한 과학적 근거를 확보하고자 하였다.

고무줄은 대량 생산 및 유통되는 공산품으로, 동일한 제조 원료와 유사한 제조 환경 및 공정을 거칠 경우 서로 유사한 화학적 조성을 나타낼 수 있다. 따라서 증거물의 원산지를 추정하기 위해 국내에서 시판 중인 고무줄 대조시료 총 9종을 구매하여 분석값을 비교하였다.

국내에서 시판중인 고무줄은 한국뿐만 아니라 중국, 베트남등 다양한 곳에서 생산된 제품으로 수집한 고무줄의 성분분석 결과, 모든 시료의 적외선 흡수 스펙트럼은 서로 유사한 양상을 나타내었다.

반면, 증거물의 탄소 안정동위원소비는 -25.87 ‰ 로, 대조시료의 분석값 범위인 −26.55~-27.77 ‰ 와 차이를 보였으며, 수소 안정동위원소비 역시 -208.63 ‰ 로, 대조시료의 측정 범위인 -97.20~150.69 ‰ 와 뚜렷한 차이를 나타냈다. 이러한 결과는 적외선 흡수 스펙트럼만으로 구별하기 어려운 공산품이 안정동위원소비 분석을 통해 차별화된 특성을 확인할 수 있음을 보여준다.

다만, 본 연구는 국내·외에서 유통되는 모든 고무줄 제품을 대상으로 한 것이 아니며, 특히 북한 등 특정 지역의 생산 제품을 대조시료로 확보하여 비교하기 어려운 한계가 있었다. 향후 다양한 경로를 통해 북한 관련 대조시료를 확보하고 안정동위원소비 데이터를 축적한다면, 변사자의 지리적기원 추정에 있어서 법과학적 감정의 신뢰도와 활용도를 높이는 데 기여할 수 있을 것으로 기대된다.

P-화학-8

GC-MS를 이용한 겨울용 경유의 경질 탄화수소 분포 특성 및 일반 경유·등유와의 비교 분석

Sanghoon Cho[1], Hyun Kyoung Ju[1], Wooyong Park[1]

[1]Forensic Chemical Division, National Forensic Servic, Wonju, Republic of Korea

경유는 다양한 탄소수의 탄화수소로 구성된 석유계 연료로, 겨울철 저온 환경에서는 고분자량 n-alkane의 결정화로 인해 연료의 유동성이 저하될 수 있다. 이러한 문제를 개선하기 위해 경질유분의 혼합, 탈왁스 공정 및 저온 유동성 개선제 첨가 등의 방법이 활용된다. 기존 연구에서도 저분자량 n-alkane(C9~C15)의 높은 함량과 고분자량 n-alkane(C22 이상)의 낮은 함량이 우수한 저온 특성과 관련되는 것으로 보고되었으며, 이는 겨울용 경유의 제조 조건에 따라 탄화수소 분포가 달라질 수 있음을 시사한다. 본 연구에서는 겨울용 경유의 GC-MS 분석 과정에서 일반적인 경유의 탄화수소 분포와 함께 C8~C11 부근의 저탄소수 영역에서 추가적인 피크군이 형성되는 양상에 주목하였다. 해당 영역에서는 기존 경유의 연속적인 탄화수소 분포에 경질 탄화수소 분획이 중첩된 것과 유사한 패턴이 관찰되었으며, 이러한 차이가 겨울용 경유의 저온 유동성 확보를 위한 조성 변화와 관련되는지 검토하고자 하였다. 이를 위해 겨울용 경유, 일반 경유 및 등유의 전체 이온 크로마토그램(TIC)을 비교하고, 추출 이온 크로마토그램(EIC)을 이용하여 탄화수소 계열별 분포 특성을 확인하고자 한다. 특히 알케인 계열의 주요 이온(m/z 57, 71, 85)을 활용하여 C8~C11 영역의 추가적인 분포와 탄소수별 n-alkane의 상대적 피크 강도를 비교하고, C16~C21 및 C22 이상 영역의 분포 변화도 함께 검토할 예정이다. 또한 방향족 탄화수소(m/z 91, 105, 119) 및 나프탈렌 계열(m/z 128, 142, 156)의 EIC 패턴을 비교하여 경질유분의 조성상 특징과 등유 및 일반 경유와의 유사성 및 차이점을 분석하고자 한다. 이를 통해 겨울용 경유에서 나타나는 경질 탄화수소의 추가적인 분포 특성을 파악하고, 계절별 연료 조성 변화가 GC-MS 분석 패턴에 미치는 영향을 검토함으로써 석유계 연료의 성분 비교 및 판별 과정에서 발생할 수 있는 오인 가능성을 줄이기 위한 기초자료를 제시하고자 한다.

P-화학-9

LA-ICP/MS를 이용한 종이 속 잉크의 다원소 분석을 통한 동일성 판별

이유란[1,★], 송병열[1], 정선경[1], 김시원[2]

[1]국립과학수사연구원 법과학부 화학과, 원주, 대한민국
[2] 광주과학수사연구소 독성화학과, 광주, 대한민국

Laser Ablation(LA)은 시료 표면에 레이저를 조사하여 표면으로부터 수십 나노 크기의 입자를 탈착시키는 방법으로 나노물질 생산, 금속 또는 유전체 박막의 증착, 미세 가공과 같은 다양한 기술에 활용되고 있다. LA는 원소의 정성 및 정량분석을 위해 플라즈마로부터 방출된 빛을 분석하는 LIBS 방식이 있으며, 레이저에 의해 생성된 나노 크기 입자의 원소를 분석하는 방법으로 ICP/MS를 이용하는 방식이 있다. Laser Ablation(LA)에 ICP/MS를 이용하는 방식은 ICP/MS에서 산성 용액 사용과 복잡한 시료 준비가 필요한 기존의 방식 대신 고체상 시료로 부터 빠르게 화학적 분석을 수행할 수 있는 장점이 있다. 본 연구에서는 유리 분석에서 사용하던 기존 LA-ICP/MS를 이용하여 종이에 인쇄된 잉크 표면에서 생성된 미량 입자들의 원소 함량을 통해 잉크의 동일성을 확인하는 실험을 진행하였으며, 기존에 분석하던 유리 시료가 아닌 새로운 고체 시료에 레이저를 조사하기 위해 레이저빔의 크기, 파워, 주파수 등을 바꿔 물질에 따른 레이저의 최적화를 진행하였다. 본 연구는 물질? 혹은 매질에? 점착되어 분리가 어려운 시료들에 대해 새로운 분석 방법을 제시하였으며, 다양한 시료에서의 분석을 통해 LA의 활용범위를 확대해 나갈 계획이다.

P-화학-10

Chemical Profiling of Commercial Fabric Softeners Using GC/MS and Py-GC/MS: Implications for Forensic Interpretation

Bokyoung Gong[1], Jung Ji Eun[1], Jung Jin Mi[1,★]

[1]National Forensic Service Republic of Korea, Seoul Institute, Forensic Chemistry

Fabric softeners are widely used household products whose constituents may contribute to chemical residues encountered on clothing submitted for forensic examination. Understanding their chemical profiles is therefore important for evaluating potential background sources and avoiding misinterpretation of analytical findings. This study investigated commercial fabric softeners using gas chromatography/mass spectrometry(GC/MS) and pyrolysis-gas chromatography/mass spectrometry (Py-GC/MS) to establish a reference dataset for forensic applications.

A collection of 50 commercial fabric softeners was assembled for chemical profiling. GC/MS analysis revealed fragrance compounds, fatty acids, and fatty acid esters, with differences in chemical profiles among products. However, the GC/MS workflow provided limited characterization of products predominantly containing ammonium-based surfactants. Py-GC/MS additionally detected silicone-related compounds in some products, providing complementary information for chemical profiling and reference database development.

As widely used household products, fabric softeners represent a potential background source of chemical constituents encountered in forensic evidence, and these constituents may influence the interpretation of analytical findings. Particular attention should be paid to distinguishing silicone-related compounds originating from fabric softeners from those associated with condom lubricants in sexual assault evidence. Similarly, waxes and hydrocarbons potentially derived from fabric softeners should be differentiated from compounds attributed to ignitable liquid residues in fire investigations. The detection of shared constituents alone should therefore not be regarded as sufficient evidence of a specific source. Reference profiles of fabric softeners can support the evaluation of alternative sources and help reduce the risk of erroneous source attribution in forensic casework.

P-화학-11

미세증거물 분석의 현재와 미래: 법과학적 분석, 통계적 평가 및 신기술에 대한 비판적 고찰

안성희★, 김경민, 박우용

국립과학수사연구원 법과학부 화학과, 원주, 대한민국

미세증거물은 사람, 사물 및 장소 간 접촉으로 발생하는 물질적 흔적으로, 범죄사건의 재구성과 관련성 규명에 중요한 역할을 한다. 최근 분석기술의 발전으로 미량 시료의 형태학적·화학적 특성을 정밀하게 규명할 수 있게 되었으며, 통계적 증거가치 평가와 인공지능(Artificial Intelligence, AI)을 활용한 분석기법도 주목받고 있다. 본 연구에서는 섬유, 모발, 도료, 유리, 토양 및 테이프의 6가지 주요 미세증거물을 대상으로 법과학적 의의와 분석기술의 현황을 종합적으로 검토하고, 통계적 해석 및 신기술의 활용 가능성과 한계를 고찰하였다.

각 증거물의 전이 및 잔존 특성, 채취·보존 방법과 분석기법을 검토하고, 분석의 효율성과 증거물 보존을 고려한 단계적 분석체계를 제시하였다. 이 체계는 광학현미경 및 편광현미경을 이용한 예비·비파괴 검사, 적외선 및 라만 분광법을 이용한 화학적 특성 분석, 주사전자현미경-에너지분산형 X선 분광법(SEM-EDS) 및 레이저 삭마 유도결합플라스마 질량분석법(LA-ICP-MS)을 이용한 원소 분석으로 구성된다. 주요 분석기법의 판별력, 비파괴성, 신속성, 접근성, 다양한 증거물에 대한 적용성 및 우도비(Likelihood Ratio, LR) 평가 준비도를 비교한 결과, 모든 평가 기준에서 우수한 단일 분석기법은 없으며 증거물의 특성과 감정 목적에 따른 선택적·단계적 적용이 중요함을 확인하였다.

또한 분석결과의 증거가치를 객관적으로 평가하기 위한 LR 기반 통계적 해석과 베이지안 네트워크, AI 기반 패턴 인식 및 자동화 기술의 활용 가능성을 검토하였다. 이러한 기법은 분석의 객관성과 재현성을 높일 수 있으나, 실제 감정에 적용하기 위해서는 대표성 있는 참조데이터베이스, 분석법의 유효성 검증 및 기관 간 비교시험이 선행되어야 한다. 특히 국내에서는 섬유, 자동차 도료 및 유리를 중심으로 한국의 환경과 사건 특성을 반영한 참조자료를 구축하고, 검증된 통계적 평가체계를 단계적으로 도입할 필요가 있다.

본 연구는 미세증거물의 수집부터 분석, 해석 및 보고에 이르는 통합적인 검토체계를 제시하였으며, 향후 국내 미세증거물 감정의 표준화와 과학적 신뢰성 향상을 위한 기초자료로 활용될 수 있을 것으로 기대된다.

POSTER

제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회

포스터

안전

12:30 – 13:30 | 본관 1층 복도 (e-Poster)

P-안전-1	**실화재 데이터 기반 AI 영상분석의 화재 감식 활용성** 김진수 · 국립과학수사연구원 안전과	105
P-안전-2	**Development of an Attention U-Net-Based Algorithm for Fingerprint Ridge Segmentation from Complex Backgrounds** 김언종 · 중부대학교 과학수사학과	106
P-안전-3	**A Proposed Approach to Quantitative Bloodstain Morphology Analysis and Classification of Formation Mechanisms Using Explainable Artificial Intelligence (XAI)** 이경민 · 중부대학교 과학수사연구소	107
P-안전-4	**Development and Evaluation of an EfficientNetV2-L Model for Bloodstain Image Classification** 정진아 · 중부대학교 휴먼텍대학원 과학수사학과	108
P-안전-5	**Development and Evaluation of a ResNet-50-Based Fingerprint Pattern Classification Model** 최민서 · 중부대학교 대학원 과학수사학과	109
P-안전-6	**Refinement of an Anatomical Oral Model-Based Expirated Bloodstain Generation Device and Quantitative Analysis of Bloodstain Characteristics** 서장권 · 중부대학교 휴먼텍대학원 과학수사학과	110
P-안전-7	**LC/MS를 이용한 총기 화약 잔사 첨가물의 분석 기법** 방지현 · 국립과학수사연구원 안전과	111
P-안전-8	**차량 배터리 보조용 슈퍼커패시터 전압 안정기의 화재 발생 사례** 이승민 · 국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 이공학과	112
P-안전-9	**위조 자동차 등록번호판: 사례 중심으로** 육심엽 · 국립과학수사연구원 안전과	113

P-안전-1

실화재 데이터 기반 AI 영상분석의 화재 감식 활용성

김진수★, 이재창, 이동규, 우승우

국립과학수사연구원 법공학부 안전과, 원주, 대한민국

화재 감식 현장에서 확보되는 CCTV와 블랙박스 영상은 발화 과정 확인에 유용하지만, 장시간 영상을 반복 확인해야 하므로 분석 효율이 낮다. 본 연구에서는 실제 화재 현장 영상에서 나타나는 작은 화염과 연기 특성을 반영한 객체 탐지 모델을 구성하고, 이를 감식 영상 검토에 활용할 수 있는지 평가하였다. 공개 화재 데이터에 실제 화재 사건 26건에서 확보한 영상으로 구축한 이미지를 추가하여 YOLO 계열 및 RT-DETR 모델을 학습하였으며, 학습에 포함되지 않은 25건의 사건 영상 28개(총 271.6분)를 대상으로 탐지 성능과 검토 효율을 비교하였다. 또한 YOLO 계열은 공개 데이터만 사용한 조건과 실화재 데이터를 포함한 조건을 각각 반복 학습하여 실제 현장 데이터의 기여도와 학습 결과의 변동성을 함께 확인하였다.

실제 화재 데이터를 학습에 포함한 경우 현장 영상에 대한 화염 탐지 성능이 전반적으로 개선되었고, 공개 데이터만 사용한 경우보다 화염을 이르게 탐지하는 경향이 뚜렷하게 나타났다. 특히 영상 단위 비교에서 실화재 데이터를 추가한 조건이 화염을 더 먼저 탐지한 경우가 유의하게 많았다($p=0.002$). 장시간 영상에서는 자동 분석 결과를 통해 감식관이 우선적으로 확인할 구간을 좁힐 수 있었으며, 6개 영상의 실제 검토 시간은 약 87% 감소하였다. 반면 연기 탐지와 오탐은 모델별 차이가 있었고 반복 학습 결과에서도 변동이 확인되어, 자동 탐지 결과는 최종 판단이 아닌 검토 보조 자료로 활용하는 것이 적절한 것으로 판단된다. 본 연구는 실제 화재 영상 특성을 반영한 학습 데이터가 감식용 영상분석 성능 향상에 기여할 수 있으며, 장시간 영상 판독의 부담을 줄이고 재검토가 필요한 구간을 제시하는 실무 지원 도구로 활용 가능함을 보여준다.

P-안전-2

Development of an Attention U-Net-Based Algorithm for Fingerprint Ridge Segmentation from Complex Backgrounds

Eon-Jong Kim[1], Hun Jung[1,2], Mungyu Hwang[1,2], Sang-Yoon Lee[1,2]★

[1]Department of Forensic Sciences, Joongbu University, Republic of Korea
[2]Department of Police Administration, Joongbu University, Republic of Korea

Fingerprints are important forensic evidence used for personal identification in criminal investigations. In images containing complex backgrounds, text, line patterns, surface textures, and other visual elements may overlap with or resemble fingerprint ridges, making accurate ridge extraction challenging. Although various methods have been developed for fingerprint enhancement and segmentation, distinguishing fingerprint ridges from complex background structures remains difficult. This study developed an Attention U-Net-based algorithm to selectively segment fingerprint ridges while reducing background interference.

The developed algorithm consists of image preprocessing and Attention U-Net-based ridge segmentation. During preprocessing, contrast correction and orientation analysis were performed to enhance ridge visibility and characterize directional information. Input images were divided into fixed-size patches, and attention gates within the Attention U-Net architecture were used to emphasize ridge-related features for pixel-level segmentation.

Experimental evaluation yielded an Intersection over Union (IoU) of 0.8387, a Mean Absolute Error (MAE) of 0.2153, and an F1-score of 0.8719. These results suggest that the developed algorithm can distinguish fingerprint ridge structures from background components under the evaluated conditions. However, further evaluation is required to verify ridge continuity, minutiae preservation, and model generalizability across diverse background conditions.

The proposed approach may contribute to fingerprint image enhancement and preprocessing for minutiae extraction and automated fingerprint identification systems (AFIS), providing a basis for further development of fingerprint analysis methods applicable to complex backgrounds.

P-안전-3

A Proposed Approach to Quantitative Bloodstain Morphology Analysis and Classification of Formation Mechanisms Using Explainable Artificial Intelligence (XAI)

Kyung-Min Lee[1], Han-byeol Kim[4], Woo-jin Kim[2,3], Sang-Yoon Lee[1,2,3]★

[1]Institute of Forensic Sciences, Joongbu University, Republic of Korea
[2]Department of Forensic Sciences, Joongbu University, Republic of Korea
[3]Department of Police Administration, Joongbu University, Republic of Korea
[4]Forensic Science Research Center, Police Science Institute, Korean National Police University, Republic of Korea

Bloodstain pattern analysis (BPA) examines the morphology and spatial distribution of bloodstains to assist in interpreting their possible formation mechanisms. However, different mechanisms can produce patterns with overlapping characteristics, making visual classification challenging and potentially contributing to variations in interpretation among examiners. These limitations highlight the need for quantitative approaches that support more consistent and transparent classification of bloodstain patterns.

Previous studies have investigated automated bloodstain classification using quantitative features and artificial intelligence. Arthur et al. (2018) applied pattern-level features and quadratic discriminant analysis to distinguish impact spatter from cast-off patterns. Liu et al. (2020) employed random forests to differentiate spatter patterns produced by gunshots and blunt impacts, while Bergman et al. (2022) used a convolutional neural network (CNN) to classify individual drip stains and spatter stains. Jung et al. (2024) investigated machine learning-based classification of impact spatter, swing, and cessation cast-off patterns. More recently, Pachong et al. (2026) applied SHapley Additive exPlanations (SHAP) to examine influential features in drip patterns, while Chantzi et al. (2026) used CNN-based saliency maps to visualize regions contributing to classification predictions. Building on these studies, further investigation is warranted into the integration of morphological and spatial features with interpretable machine learning across multiple bloodstain formation mechanisms.

This study proposes an explainable machine learning framework for five experimentally defined bloodstain categories: impact spatter, cessation cast-off, swing cast-off, expiration patterns, and patterns formed by passive dripping. The proposed approach will involve segmenting individual bloodstains from digital images and extracting morphological features, including area, circularity, major- and minor-axis lengths, orientation, and, where appropriate, estimated impact angle. These measurements will be summarized at the pattern level and combined with spatial characteristics, including inter-stain distances, clustering, and linear or radial arrangements. The resulting features will be used to develop a bagging-based ensemble classification model. SHAP analysis will be applied to examine feature contributions to model predictions and identify characteristics associated with competing classes. Where technically feasible, influential features will be linked to corresponding bloodstains or image regions to support visual interpretation.

The proposed framework will be evaluated through future experiments comparing classification performance using morphological features, spatial features, and their combination. This approach is intended to provide a methodological basis for examining the relationship between quantitative bloodstain characteristics and explainable classification results. Further experimental validation will be necessary to determine its effectiveness, reproducibility, and potential applicability to forensic bloodstain pattern analysis.

P-안전-4

Development and Evaluation of an EfficientNetV2-L Model for Bloodstain Image Classification

Jin-A Jeong[1], Hun Jung[1,2], Mungyu Hwang[1,2], Young-il Seo[3]★, Sang-Yoon Lee[1,2]★

[1]Department of Forensic Sciences, Joongbu University, Geumsan, Republic of Korea
[2]Department of Police Administration, Joongbu University, Geumsan, Republic of Korea
[3]Safety Division, National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea

Bloodstain pattern analysis (BPA) uses the morphology and distribution of bloodstains to assist in interpreting their formation mechanisms. However, visual classification can be challenging when patterns produced by different mechanisms exhibit similar characteristics. This study developed and evaluated an EfficientNetV2-L-based deep learning model for classifying experimentally generated bloodstain images into five categories.

A dataset of 500 images was constructed, consisting of 100 images for each of five categories: impact spatter, cessation cast-off, swing cast-off, expiration stain, and drip stains. Of these, 350 original images were assigned to the training set, which was expanded to 50,000 images through data augmentation. An EfficientNetV2-L model pretrained on ImageNet was fine-tuned for classification. Model performance was evaluated using accuracy, precision, recall, and F1-score. Confusion matrix analysis and feature-space visualization using t-distributed stochastic neighbor embedding (t-SNE) and Uniform Manifold Approximation and Projection (UMAP) were also conducted to examine classification outcomes and learned feature representations.

The model achieved an accuracy of 89.33%, precision of 90.29%, recall of 89.33%, and F1-score of 89.51% on the test dataset. Classification performance was comparatively high for the drip stain and expiration stain categories, whereas some misclassifications occurred between the swing cast-off and cessation cast-off categories.

These findings demonstrate the feasibility of EfficientNetV2-L-based classification for the five experimental bloodstain image categories under the evaluated conditions. Further validation using independent datasets and clearly defined classification criteria is required to assess model generalizability and potential applicability to forensic bloodstain pattern analysis.

P-안전-5

Development and Evaluation of a ResNet-50-Based Fingerprint Pattern Classification Model

Min-Seo Choi[1], Hun Jung[1,2], Mun-gyu Hwang[1,2], Young-il Seo[3]★, Sang-Yoon Lee[1,2]★

[1]Department of Forensic Sciences, Joongbu University, Geumsan, Republic of Korea
[2]Department of Police Administration, Joongbu University, Geumsan, Republic of Korea
[3]Safety Division, National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea

Fingerprint pattern classification is an important component of forensic fingerprint examination and supports the organization and comparison of fingerprint images. However, manual classification can be time-consuming and may be influenced by examiner experience. This study developed and evaluated a ResNet-50-based deep learning model for automatic fingerprint pattern classification using images acquired under different development conditions.

A database comprising 5,000 original fingerprints from 500 individuals was used. Fingerprint images obtained under seven development conditions yielded approximately 35,000 images. Based on the NCIC classification framework, six categories were defined for this study: Arch, Right Loop, Left Loop, Double Loop, Central Pocket Loop, and Whorl. Data augmentation was applied to address class imbalance, resulting in a dataset of 41,419 images. An ImageNet-pretrained ResNet-50 model was implemented using PyTorch. The dataset was divided into training and validation sets at an 8:2 ratio, and model performance was evaluated using accuracy, precision, recall, and F1-score.

The model achieved an accuracy of 85.48%, precision of 87.30%, recall of 83.63%, and F1-score of 84.78%. F1-scores exceeded 88% for the Arch, Right Loop, Left Loop, and Central Pocket Loop categories. Gradient-weighted Class Activation Mapping (Grad-CAM) visualizations highlighted regions associated with fingerprint pattern characteristics, including core and delta regions, providing qualitative information about image areas contributing to model predictions.

These findings demonstrate the feasibility of ResNet-50-based classification of six fingerprint pattern categories within the evaluated dataset. However, further validation using independent fingerprint data, clearly defined classification criteria, and additional evaluations across development conditions is necessary to assess model generalizability and potential applicability to forensic fingerprint examination.

P-안전-6

Refinement of an Anatomical Oral Model-Based Expirated Bloodstain Generation Device and Quantitative Analysis of Bloodstain Characteristics

Jang-Gwon Seo[1], Hun Jung[1,2], Mungyu Hwang[1,2], Sang-Yoon Lee[1,2]★

[1]Department of Forensic Sciences, Joongbu University, Republic of Korea
[2]Department of Police Administration, Joongbu University, Republic of Korea

Expirated bloodstains are formed when blood from the oral or respiratory tract is expelled by airflow and deposited on a target surface. This study quantitatively investigated the morphological and distributional characteristics of simulated expirated bloodstains generated using an existing and a newly designed oral model under different airflow velocities and target distances.

Experiments were conducted using artificial blood (3mL), two oral models, three airflow velocities (4.1, 7.5, and 12m/s), and eight target distances (50–120cm), yielding 48 experimental conditions. Preliminary tests using the existing model at 4.1m/s showed minimal stain deposition at distances of 130cm or greater; therefore, the maximum experimental distance was set at 120cm. Twenty trials were conducted per condition, and 10 analyzable images were selected from each condition, resulting in 480 images. Bloodstains were deposited on porous paper and dried for two hours at 24 ± 1°C and 50 ± 5% relative humidity. Following region-of-interest selection, binarization, morphological processing, and ellipse-based assessment, stain count, image-calibrated contour area, estimated impact angle, and major-axis orientation were quantified.

Mean stain counts per image were lower at 120 cm than at 50 cm in all six model–velocity combinations, with reductions ranging from 89.4% to 95.1% for the existing model and from 86.8% to 97.0% for the new model. At 12m/s, the new model showed a decrease from 1,132.5 to 149.1 stains per image. Median estimated impact angles were also lower at 120cm in all six combinations. Mean image-level stain area decreased in five combinations but remained similar for the existing model at 4.1m/s (0.0822 to 0.0829cm^2). Major-axis orientations were concentrated near the vertical axis when analyzed as 180°-periodic axial data, although these orientations do not directly indicate droplet travel direction.

These findings indicate distance-related differences in stain count and estimated impact angle under the tested experimental conditions, whereas changes in stain area were not consistent across all conditions. The results provide quantitative data for further evaluation of simulated expirated bloodstain patterns. Additional validation is required to assess experimental reproducibility and applicability to naturally produced expirated bloodstains.

P-안전-7

LC/MS를 이용한 총기 화약 잔사 첨가물의 분석 기법

Jihyun Bang, Saehan Park, Changho Choi★

Trace Unit, National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea

무연화약(Smokeless powder)이란 현대 탄약에 널리 사용되는 추진제 중 하나로, 니트로셀룰로오스(NC), 니트로글리세린(NG) 등의 에너지 물질과 안정제, 가소제 등 다양한 첨가제로 구성된다. 총기 발사 후 발생하는 유기질 총기발사잔사(Organic Gunshot Residue, OGSR)는 총기 발사와 관련된 화학적 증거로 활용되며, 잔류 성분의 검출과 분석은 법과학적 조사에서 중요한 역할을 한다.

그러나 NC는 고분자 물질로 일반적인 저분자 질량분석법을 통한 직접 분석에 한계가 있으며, NG는 시료의 보관 조건 및 시간 경과에 따라 검출 특성이 달라질 수 있다. 이에 따라 무연화약에 포함된 안정제, 가소제 및 안정제 관련 화합물 등을 대상으로 다양한 유기 성분을 분석하여 OGSR을 식별하려는 연구가 이루어지고 있다. 다만 무연화약 관련 유기 화합물은 성분별 화학적 특성이 다양하므로, 여러 계열의 첨가제를 하나의 분석 조건에서 검출할 수 있는지 검토하고 분석 효율을 개선할 필요가 있다.

본 연구에서는 에너지 물질인 NC와 NG를 제외한 무연화약 관련 주요 유기 화합물을 대상으로 LC-MS/MS 기반 다성분 분석 조건을 설정하고, 그 적용 가능성을 검토하였다. 분석에는 Nano space(Osaka Soda, Japan) 액체크로마토그래피 시스템과 QTRAP 5500+(SCIEX, USA) 질량분석기를 사용하였으며, 전기 분무 이온화(Electrospray Ionization, ESI) 방식과 다중 반응 모니터링(Multiple Reaction Monitoring, MRM) 모드를 적용하였다. 분석 컬럼으로는 Kinetex Biphenyl(100 × 3.0 mm, Phenomenex, USA)을 사용하였으며, 컬럼 온도는 40 °C, 이동상 유속은 0.5 mL/min으로 설정하였다. 분석에는 AccuStandard(USA), Sigma-Aldrich 및 TCI(Japan)에서 제조한 표준물질을 사용하였으며, 안정제 4종, 안정제 관련 화합물 4종, 가소제 3종 등 총 11종의 유기 화합물을 분석 대상으로 선정하였다. 각 성분에 대한 질량분석 조건을 설정하고, 표준물질의 농도에 따른 검출 여부와 머무름 시간(Retention time, RT)을 확인하였다. 또한 기존 15분 분석 조건의 그래디언트를 조정하여 총 분석 시간을 8분으로 단축하고, 변경된 조건에서 주요 성분의 검출 여부와 머무름시간 변화를 확인하였다.

본 연구는 무연화약 관련 유기 화합물 11종의 검출과 분석 시간 단축 가능성을 확인하였다는 점에서 의의가 있으며, 향후 실제 무연화약 및 OGSR 시료에 대한 분석법 개발과 적용성 평가를 위한 기초 자료로 활용될 수 있을 것으로 기대된다.

P-안전-8

차량 배터리 보조용 슈퍼커패시터 전압 안정기의 화재 발생 사례

이승민★, 임규영, 천수영, 사승훈

서울과학수사연구소 이공학과, 서울특별시, 대한민국

최근 자동차의 전기·전자장치 사용이 증가하고 차량 내 전력 소비가 확대됨에 따라 배터리의 순간적인 전압 강하를 보완하고 안정적인 전원 공급을 목적으로 하는 슈퍼커패시터 기반 전압 안정기의 사용이 증가하고 있다.

슈퍼커패시터는 일반적인 축전지에 비해 높은 충·방전 응답성과 순간적인 전력 공급 능력을 갖는 에너지 저장 소자로, 차량 배터리와 병렬 또는 별도의 전원 보조 회로를 통해 연결되어 사용된다. 그러나 이러한 장치도 내부 전기회로 및 전자부품의 전기적 이상, 절연 성능 저하, 접속부의 접촉 불량 등에 의해 전기적 발열이 발생할 수 있으며, 조건에 따라 화재로 이어질 가능성이 있다.

본 연구에서는 차량 배터리 보조용 슈퍼커패시터 전압 안정기에서 발생한 화재 사례를 대상으로 장치의 구조와 전기적 작동 특성을 살펴보고, 화재 현장에서 확인된 장치 및 주변 구성품의 연소 형태와 소손 상태를 조사·분석하였다.

이를 통해 차량용 슈퍼커패시터 전압 안정기의 전기·구조적 특성에 따른 화재 위험성을 고찰하고, 유사 화재 발생 시 발화 원인을 분석할 때 기초자료로 활용하여 도움이 될 수 있기를 기대한다.

P-안전-9

위조 자동차 등록번호판: 사례 중심으로

육심엽

국립과학수사연구원
Forensic Safety Division, National Forensic Science, Wonju, Republic of Korea

자동차 등록번호판은 범죄 수단으로 자주 활용되는 차량의 원천 및 추적하는데 필요한 등록이고, 위조 자동차 등록번호판을 식별 및 판별하는 것은 꽤 중요하다. 본 연구에서는 자동차 등록번호판의 종류와 제작 방식을 알아보고, 위조된 자동차 등록번호판 사례를 통해 사용될 수 있는 위조 수법에 대해서 사례를 통해 제시하고자 한다. 별도의 위변조 방지 장치가 존재하는 필름부착식 자동차 등록번호판과 달리 본 연구에서 소개하는 위조된 자동차 등록번호판은 페인트방식 자동차 등록번호판을 위조하였고, 고시에 공포된 규격 이외 위변조 방지요소가 존재하지 않기 때문에 정밀한 감정 없이는 적법한 자동차 등록번호판으로 오인할 수 있는 사례이다. 특히. 본 사례의 자동차 등록번호판은 자동차 등록번호판 고시에 양각된 높이를 준수하여 판별하기 어려운 경우이다.

POSTER

제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회

포스터
모빌리티

12:30 – 13:30 | 본관 1층 복도 (e-Poster)

P-모빌리티-1	**사고 재현실험을 위한 선회 특성 분석 프로그램의 개발 및 적용** 최원호 · 국립과학수사연구원 교통과	115
P-모빌리티-2	**From Forensic Evidence to Accident Prevention: Characteristics and Scenarios of Pedal Misapplication Crashes from a Standstill** 김종혁 · 국립과학수사연구원 교통과	116

P-모빌리티-1

사고 재현실험을 위한 선회 특성 분석 프로그램의 개발 및 적용

최원호[1], 한현서[1], 이연섭[1], 김종혁[1★]

[1]국립과학수사연구원 교통과, 원주, 대한민국

사고 재현실험에서는 사고 관련 요인이 대상의 거동에 미치는 영향을 확인하기 위해 조건별 반복실험과 정량적·통계적 분석이 필요하다. 특히 선회 중 발생한 사고를 분석하기 위해서는 실험 조건에 따른 선회반경과 속도를 산출하여 비교할 필요가 있다. 그러나 다수의 실험 영상에서 대상의 위치를 프레임별로 기록하고 실제 거리로 환산하여 선회 특성을 계산하는 작업을 수작업으로 수행할 경우, 상당한 시간과 인력이 요구된다. 이에 본 연구에서는 AI를 개발 보조 도구로 활용하여, 사용자가 영상 내 기준거리와 추적 대상을 지정하면 대상의 이동 궤적을 추적하고 선회반경과 속도를 산출하는 'NFS 선회반경 분석 시스템'을 개발하였다. 개발한 시스템은 실제 사고 재현실험 영상의 선회반경과 속도를 정량적으로 산출하고, 실험 조건별 차이를 통계적으로 분석하는 데 활용하였다.

프로그램은 사용자가 분석 시작 프레임에서 추적 대상 영역을 한 번 지정하면, CSRT 알고리즘으로 이후 프레임에서 대상의 위치를 자동으로 추적하도록 구성하였다. 추적 실패 시에는 광학 흐름과 템플릿 매칭으로 복구를 시도하고, 누락이 지속되는 경우 사용자가 대상을 재지정하여 분석을 이어갈 수 있도록 하였다. 추적 좌표는 현장에서 측정한 기준거리를 이용하여 실제 거리로 환산하고, 궤적에 대한 원 피팅으로 선회반경을 산출하였다. 또한 반경, 회전각 및 경과 시간을 이용하여 평균 선회속도를 계산하였다. 추적 상태를 확인할 수 있는 검증 영상을 제공하고, 좌표와 수치 결과 및 분석 조건을 함께 저장하여 분석 근거를 재검토할 수 있도록 하였다.

전동서프보드 선회 중 사고와 관련하여, 메인핀 설치 유무에 따른 선회반경 차이를 확인하고자 하였다. 메인핀 탈거 78회, 설치 105회 총 183회 반바퀴 선회하는 모습을 드론으로 상공에서 수직 촬영하였고, 개발한 프로그램으로 촬영 영상을 분석하여 조건별 선회반경과 속도를 산출하였다. 산출 자료를 바탕으로 속도를 공변량으로 한 공분산분석을 실시한 결과, 본 실험 조건에서 메인핀 설치 유무에 따른 선회반경 차이는 통계적으로 유의하지 않았다($p=0.27$).

본 프로그램을 통해 재현실험 영상의 반복적인 위치 기록과 선회 수치 계산을 자동화하고, 분석 결과와 추적 상태를 함께 검토할 수 있었다. 실제 적용 사례를 통해 다수의 실험 영상을 정량적으로 분석하고 사고 분석의 근거 자료를 마련하는 데 활용할 수 있음을 확인하였다.

P-모빌리티-2

From Forensic Evidence to Accident Prevention: Characteristics and Scenarios of Pedal Misapplication Crashes from a Standstill

Jonghyuk Kim★, Wonho Choi, Hyunseo Han, Yeonsub Lee, Woojeong Jeon

National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea

Alleged Sudden Unintended Acceleration (SUA) incidents have caused severe casualties and intense social controversy in South Korea, and forensic examinations by the National Forensic Service (NFS) have frequently identified pedal misapplication, in which a driver intending to brake depresses the accelerator pedal. With the recent amendment of the Korean motor vehicle safety standards mandating pedal misapplication prevention systems, it has become essential to verify whether the regulatory test conditions adequately reflect real-world crashes. As part of a government-led national R&D project, the NFS constructed a pedal misapplication crash database by integrating forensic reports, Event Data Recorder (EDR) data, and crash videos from cases examined over the past five years. Crashes initiated from a stationary state were analyzed in terms of driver, vehicle, environment, obstacle, collision, and pedal input characteristics. Cluster analysis using Gower distance and the Partitioning Around Medoids (PAM) method was applied to classify crash conditions, and representative scenarios were derived and compared with domestic and international standards. The crashes predominantly involved older drivers, and starting after a stop was the most common situation. Obstacle conditions varied considerably: a substantial portion of crashes had no initial obstacle, involved moving targets such as pedestrians, or had obstacles located beyond the short distance assumed in the current standard. Pedal inputs were mainly characterized by near-maximum accelerator displacement sustained over time, while pumping and simultaneous accelerator–brake inputs were also observed. The crashes were classified into three clusters corresponding to parking lots and residential complexes, urban roads, and alleys and school zones, from which six representative scenarios were derived. These findings suggest that the evaluation of pedal misapplication prevention systems should be extended beyond the current short-distance static obstacle condition to include longer distances, moving pedestrians, no-obstacle conditions, and sustained or repeated pedal inputs. This study shows how forensic engineering data can be extended from determining accident causes to establishing evidence-based evaluation criteria for preventive safety technologies, although further validation through reproduction tests is required.

POSTER

제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회

포스터
디지털

12:30 – 13:30 | 본관 1층 복도 (e-Poster)

P-디지털-1	**Class-Specific Error Analysis of AI-Generated Image Detectors under Post-Processing** 안병선 · 상명대학교 지능정보공학과	118
P-디지털-2	**광학적, 열화 환경에서의 물체 동일성 감정 고찰** 임재성 · 국립과학수사연구원 서울과학수사연구소 이공학과	119
P-디지털-3	**삼성 음성 녹음 앱 파일의 편집 판별 기준에 대한 특이사례: 녹음 중 촬영·북마크** 원윤구 · 국립과학수사연구원 디지털과	120
P-디지털-4	**인페인팅 탐지를 위한 주요 공개 데이터셋 서베이** 윤재홍 · 국립과학수사연구원 디지털과	121
P-디지털-5	**Implementation and Field Applicability Evaluation of a Digitalized Henssge Nomogram Model for Death Investigation** 안나림 · 부산경찰청 과학수사과	122
P-디지털-6	**법과학 감정기관 시설 모니터링 에이전트 시스템의 구현과 정전 감지 실증** 전성준 · 국립과학수사연구원 기획전략과	123
P-디지털-7	**법과학 정보시스템 장애 대응을 위한 언어모델 에이전트의 운영 조건별 비교 연구** 전성준 · 국립과학수사연구원 기획전략과	124
P-디지털-8	**워크플로우 오케스트레이션 기반 법과학 감정정보시스템 에이전트 프로토타입 설계** 임성호 · 국립과학수사연구원 기획전략과	125
P-디지털-9	**LLM을 이용한 보이스피싱 범죄자 음성 DB의 중복 제거** 박찬규 · 국립과학수사연구원 디지털과	126
P-디지털-10	**AI 에이전트 기반 망분리 환경의 네트워크 보안취약점 탐지 및 보안정책 분석 방안** 장유희 · 국립과학수사연구원 기획전략과	127

P-디지털-1

Class-Specific Error Analysis of AI-Generated Image Detectors under Post-Processing

ByeongSeon An[1], EunBin Shin[1], JaeWon Cho[1], YeJun Kim[1], HakJin Lee[1], JiWoo Lee[2], GyuSeon Shim[2], EuiChul Lee[3,★]

[1]Department of AI & Informatics, Graduate School, Sangmyung University, 20 Hongjimun 2-gil, Jongno-gu, Seoul 03016, Republic of Korea
[2]Digital Analysis Division, National Forensic Service, 1, Hyeoksin-ro, Wonju-si, Gangwon-do, 26460, Republic of Korea
[3]Department of Human-Centered Artificial Intelligence, Sangmyung University, 20 Hongjimun 2-gil, Jongno-gu, Seoul 03016, Republic of Korea

AI-generated image detection datasets can contain class-correlated format bias. In the training data examined in this study, real images were predominantly stored as JPEG, whereas generated images were predominantly stored as PNG. Such differences in compression artifacts and low-level image statistics may provide unintended shortcuts for classification. We therefore examined whether independently trained detectors exhibit consistent class-specific responses to post-processing that are compatible with reliance on these cues.

We consolidated four existing GenImage-based result sets across 50 conditions, including 13 single and 36 combined transformations. For comparison across detectors, all results were converted to a common convention in which Fake is the positive class, and model-level results were equally weighted. The primary analysis focused on single transformations, particularly JPEG compression and Gaussian blur, which revealed contrasting class-specific effects.

All four detectors showed lower accuracy than their respective clean baselines under every single-transformation condition. JPEG compression consistently impaired fake-image detection: at JPEG quality 50, Fake TPR decreased by 47.0–80.8 percentage points across the four detectors. In contrast, Gaussian blur predominantly impaired real-image recognition: at σ=5, the Real-to-Fake FPR increased by 76.5–95.8 percentage points in every detector. Across the four models, mean accuracy decreased from 93.0% on original images to 60.0% under JPEG quality 50 and 51.1% under blur σ=5.

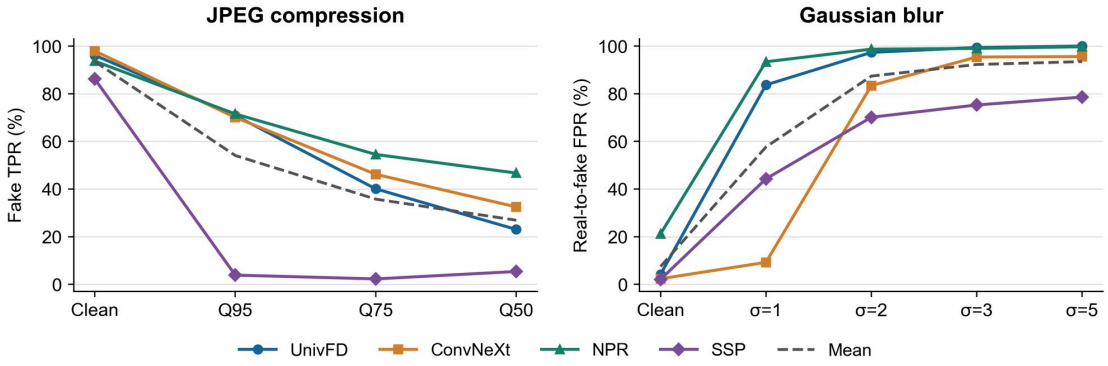


Fig. 1. Class-specific responses to JPEG and blur across four detectors.

These results reveal a shared directional response across differently trained detectors. JPEG shifts predictions of generated images toward the real class, whereas strong blur shifts predictions of real images toward the fake class. This pattern is consistent with detectors relying on class-correlated low-level processing cues, including cues potentially associated with the JPEG–PNG imbalance in the benchmark data. However, the present descriptive comparison does not establish that format imbalance itself is the causal source of the observed behavior. Controlled experiments matching image format, resolution, and processing history are required to isolate the contribution of dataset bias.

P-디지털-2

광학적, 열화 환경에서의 물체 동일성 감정 고찰

Jae Sung Lim[1★], Jung-hwan Lee[1], Ki-woong Moon[1], Jin-hwan Kim[2]

[1]Engineering Division, National Forensic Service Seoul Institute, Republic of Korea
[2] Digital Analysis Division, National Forensic Service, Republic of Korea

현대 법과학에서 비디오 포렌식(법영상 분석)은 CCTV, 차량용 블랙박스, 스마트폰 등 다양한 매체로 수집된 시각적 증거의 신뢰성을 확보하는 핵심적인 절차이다. 다양한 분석 분야 중 물체 동일성 감정은 영상 내 관심 피사체와 비교 대상 간의 특징점을 대조하여 두 피사체 간 동일 기원 및 형태학적 일치 여부를 판독하는 과정이다. 대상체들의 물리적·화학적 속성을 직접 확인할 수 없다는 영상 증거의 본질적 한계와 영상학적 제약을 기본적으로 인지하는 것이 감정의 출발점이다.

실무 분석 대상이 되는 디지털 영상은 물리적 대상을 2차원 픽셀로 변환하는 과정에서 복합적인 열화 요인을 수반한다. 대상 피사체에 할당된 화소 수가 부족한 저해상도와 계조 손실, 손실 압축에 의한 블록화 현상(block artifact)은 피사체의 미세한 물리적 질감을 손실시킨다. 또한 초점 불일치(Defocus), 영상 흐릿함(motion blur)으로 인한 엣지 소실, 저조도 노이즈, 렌즈에 의한 원근 왜곡(perspective distortion)은 물체의 비율과 형태를 변형시킨다. 특히 본 연구에서 다루는 무아레 현상이나 조명 및 반사 특성에 따른 광학 패턴(홀로그램 등)의 미발현은 실물상의 명확한 물리적 특징조차 영상에서는 식별되지 않을 수 있음을 보여주는 대표적 요인이다.

본 연구는 이처럼 상기 언급된 열화 요인이 실제 감정에 미치는 영향을 고찰하고자 두 건의 실무 사례를 분석하였다. 첫 번째 사례는 차량 내부에 부착된 특정 부착물에 대한 감정 건으로 저해상도와 차량 전면부의 틴팅에 의한 광량 감소, 단일 촬영 각도로 인해 홀로그램 패턴이 발현되지 않아 영상만으로 대상의 물리적 속성(위변조 방지 요소)을 확증할 수 없었던 한계를 보여주었던 감정사례이다. 두 번째 사례는 승강기 CCTV에 촬영된 박스의 물체 동일 여부에 대한 감정 건으로 극심한 무아레 패턴과 압축 손실로 인한 물체의 물리적 질감 판독이 제한되었으나, 인쇄 문자의 레이아웃 등 특징점 비교를 통해 정보가 제한된 영상 조건에서도 감정 기법의 유효성을 확인한 사례이다.

결론적으로 영상 기반의 물체 동일성 감정은 두 피사체 간의 물리적 동일성을 단정하는 것이 아니라, 영상의 열화 특성과 한계 속에서 관찰되는 특징점을 통해 일치성과 배타성을 객관적으로 평가하는 과정이다. 이를 바탕으로 감정의 한계를 명확히 규명함으로써 해당 감정의 객관성과 신뢰성을 확보할 수 있다.

P-디지털-3

삼성 음성 녹음 앱 파일의 편집 판별 기준에 대한 특이사례: 녹음 중 촬영·북마크

원윤구[1], 윤재홍[1], 이지우[1], 박남인[1]

[1]국립과학수사연구원, 원주, 대한민국

스마트폰 음성 녹음 파일은 주요 디지털 증거로 활용되며, 삼성 스마트폰 음성 녹음 앱 파일의 편집 여부 분석에서는 파일 구조와 시간 정보가 주요 단서로 활용된다. 선행 연구(박남인 외, 2019; 박남인 외, 2022)에서는 앱의 편집 기능으로 편집한 파일에서 녹음 기기의 안드로이드 버전 등이 기록되는 기기 정보 영역(moov/meta)이 삭제되고, 미디어 로그의 생성 시간과 최종 기록 시간이 편집 시점으로 바뀐다고 보고하였다. 본 연구는 실제 감정 과정에서 녹음 도중 촬영 기록이 있는 녹음 파일이 편집 파일과 유사한 특징을 보인 사례를 계기로, 편집이 아닌 조작이 이러한 정보에 미치는 영향을 확인하고자 하였다.

갤럭시 퀀텀4(안드로이드 16, 음성 녹음 앱 21.5.73.01)의 기본 음성 녹음 앱으로 일반 녹음, 일시정지, 녹음 도중 영상·사진 촬영, 북마크 추가/삭제, 이름 변경, PC 복사 후 덮어쓰기, 잘라내기(편집) 조작을 수행하여 표준품 18건을 제작하였다. 각 조작은 녹음 도중 촬영 유무를 나누어 수행하고 조작 시각을 기록하였으며, MD-RED로 미디어 로그와 파일 시간 정보를, MP4 Inspector로 파일 구조를 확인하였다. 북마크 조작은 갤럭시 A24와 갤럭시 Z 폴드4에서도 추가로 확인하였다.

그 결과 퀀텀4에서는 편집하지 않은 파일이라도 녹음 도중 영상·사진을 촬영하면 기기 정보 영역이 존재하지 않았고(6/6건), 미디어 로그의 생성 시간이 녹음 시작이 아닌 녹음 종료 시점으로 기록되어 잘라내기 파일(6/6건)과 같은 특징을 보였다. 반면 촬영이 없는 미편집 파일에서는 기기 정보 영역이 모두 유지되었다(5/5건). 또한 북마크 추가/삭제, 이름 변경, PC 복사만으로도 최종 기록 시간이 녹음 이후로 갱신되었으며, 북마크에 의한 갱신은 A24와 폴드4에서도 동일하게 나타났다(Table 1). 특히 녹음 도중 촬영 후 북마크를 조작한 파일은 잘라내기 후 북마크를 조작한 파일과 파일 구조 및 시간 정보의 관계가 같아 두 경우가 구분되지 않았다.

이는 선행 연구와 다른 기기·소프트웨어 환경에서 관찰된 특이사례로, 파일 구조의 변화나 수정 시간의 갱신이 편집 이외의 일상적인 사용에서도 발생할 수 있음을 보여준다. 따라서 이러한 소견은 편집 여부를 검토하는 단서로 활용하되 그 자체만으로 편집이라고 단정하지 않아야 하며, 감정물과 동일한 기종·소프트웨어 버전의 대조 실험과 같은 시간대의 사진·영상 파일 등 주변 기록을 함께 검토할 필요가 있다.

Table 1. 조작별 파일 구조 및 시간 정보 변화 (갤럭시 퀀텀4)

조작	편집	기기 정보 영역	생성 시간	녹음 후 시간 갱신
일반 녹음	없음	있음	녹음 시작	없음
일시정지	없음	있음	녹음 시작	없음
녹음 도중 영상·사진 촬영	없음	**없음**	**녹음 종료**	없음
북마크 추가/삭제	없음	있음	녹음 시작	있음
이름 변경	없음	있음	녹음 시작	있음
PC 복사 후 덮어쓰기	없음	있음	붙여넣기 시점	있음
잘라내기	있음	없음	잘라내기 시점	있음

P-디지털-4

인페인팅 탐지를 위한 주요 공개 데이터셋 서베이

윤재홍[1], 박남인[1]

[1]국립과학수사연구원, 원주, 대한민국

인페인팅(Inpainting)은 영상 내부의 일부 영역을 주변 화소 또는 장면의 문맥을 이용하여 복원하거나 새로운 내용으로 채우는 기술이다. 생성형 인공지능의 발전으로 객체 제거·교체·추가가 용이해졌으나, 생성 및 합성 방식에 따라 조작 흔적과 탐지 난이도가 달라진다. 본 연구에서는 인페인팅 탐지를 위한 주요 공개 데이터셋의 구성과 평가 특성을 비교하여 법과학적 활용을 위한 고려사항을 정리하고자 하였다.

TGIF, TGIF2, SAGI-D 및 OpenSDID의 원논문과 공식 배포 자료를 조사하고, 원본 영상의 출처, 생성 모델, 생성 범위, 정답 마스크 및 평가 목적을 기준으로 비교하였다. 탐지 데이터는 정상·조작 영상과 영상 단위 라벨, 위치 추정을 위한 픽셀 단위 정답 마스크, 생성·저장 정보로 구분하여 검토하였다. 합성 영상의 외관 조화를 위한 iHarmony4는 관련 참고 자료로 검토하였다.

TGIF와 TGIF2는 생성 결과를 마스크 영역에만 합성하는 국소 합성(Spliced)과 비편집 영역까지 생성하는 전체 재생성(Fully Regenerated)을 구분하였다. TGIF2는 FLUX.1 계열 모델과 무작위 비객체 마스크를 추가하여 새로운 생성 모델에 대한 일반화와 객체 편향을 평가할 수 있도록 확장되었다. SAGI-D는 문맥에 맞는 편집과 현실감 평가를 생성 과정에 반영하고, 서로 다른 원본 자료군에서의 일반화 평가를 제공하였다. OpenSDID는 전역 합성과 국소 편집을 함께 포함하며 학습에 사용되지 않은 생성 모델에 대한 탐지 및 위치 추정 평가를 다루었다.

문헌 비교를 통해 데이터셋의 규모와 함께 생성 범위 및 정답 마스크의 정의를 살펴야 한다는 점을 주요 고려사항으로 도출하였다. 특히 편집 입력 마스크, 실제 화소 변화 영역 및 의미적 조작 영역을 구분하고, 동일 원본의 파생본이 학습·시험 자료에 중복되지 않도록 관리할 필요가 있다. 법과학적 활용을 위해서는 미학습 생성 모델, 원본 자료군 및 압축·해상도 등의 저장 조건을 교차 검증하고 실제 감정 영상에서의 일반화 가능성을 평가해야 한다.

P-디지털-5

Implementation and Field Applicability Evaluation of a Digitalized Henssge Nomogram Model for Death Investigation

ChangHyun Kim[1,‡★], NaRim Ahn[1‡], SeungLa Kim[1], WonSeok Choi[1], SangA Kim[2]

[1]Forensic Science Division, Busan Metropolitan Police, Republic of Korea
[2]Forensic Science Unit, Detective Division, Gyeonggi Bukbu Provincial Police, Republic of Korea

Post-Mortem Interval (PMI) estimation plays a crucial role in initial death investigations and establishing investigative directions. Although the traditional Henssge nomogram using paper charts is widely applied, it suffers from parallax errors, inter-observer variability, and human errors during manual application of correction factors. While foreign online tools such as EasyPMI and the web-based PMI calculator developed by Dr. Wolf at the Institute of Forensic Medicine, University of Zurich exist, they exhibit limitations in off-grid field environments due to connectivity dependencies and a lack of mobile optimization. This study introduces an offline-standalone mobile application incorporating the established algorithmic framework of Dr. Wolf's web-based calculator while overcoming its field limitations. In particular, to address the practical limitation where scales are unavailable at actual death scenes, a body weight estimation feature using tape-measure anthropometric measurements based on foreign literature was integrated into the app. Henssge's double exponential equation for body cooling was algorithmicized, paired with an intuitive UI/UX tailored for one-handed operation to seamlessly input standard environmental correction factors and estimated body weights. Comparative evaluation against values derived from traditional paper Henssge nomogram charts demonstrated a high degree of consistency with the original nomogram outputs while significantly reducing processing time. The proposed mobile tool enhances objectivity and reproducibility in field post-mortem examinations, proving its practical utility for immediate adoption in time-sensitive forensic investigations.

Key words: Post-Mortem Interval (PMI), Henssge Nomogram, Field Examination, Offline Mobile Application, Anthropometric Weight Estimation

P-디지털-6

법과학 감정기관 시설 모니터링 에이전트 시스템의 구현과 정전 감지 실증

전성준, 윤수영, 장유희, 배이철, 임성호★

국립과학수사연구원 기획전략과, 원주, 대한민국

법과학 감정기관은 서버, 분석 장비, 시료 보관 설비 등 상시 전원이 필요한 설비를 여러 건물에 분산하여 운영하며, 야간이나 휴일에 발생한 이상을 늦게 인지하면 장비 손상과 시료 변질로 감정의 연속성과 증거의 무결성이 훼손될 수 있다. 그러나 상용 시설감시 장비는 도입 비용과 설치 공사 부담이 커 건물이나 실 단위로 확대하기 어렵고, 무정전전원장치(UPS)는 전원을 유지할 뿐 관리자에게 이상 발생 사실을 알리지 못한다. 본 연구는 각 지점에 상주하는 모니터링 에이전트와 이를 통합 관리하는 관제 서버로 구성된 저비용 시설 모니터링 에이전트 시스템을 구현하고, 그 핵심 감시 기능인 정전 감지(Power Outage Detection System, PODS)를 통해 시설 이상이 실제 운영 환경에서 감지·통보·확인되는지 검증하는 것을 목적으로 한다.

본 시스템은 지점별 에이전트와 중앙 관제 서버의 2계층으로 구성하였다. 에이전트는 라즈베리파이 4에 상주하며 벽 콘센트에 연결한 USB 어댑터의 5V 출력을 1kΩ 저항 두 개로 분압하여 GPIO로 입력받아 상용전원 유무의 대리 신호로 사용한다. 220V 배선에는 직접 접촉하지 않으며, 배선이 빠지면 정전으로 읽히도록 풀다운으로 fail-safe 구성을 적용하였다. 에이전트는 보조배터리로 전원을 유지하면서 1초 주기로 신호를 판독하고, 상태가 바뀌면 관제 서버를 거치지 않고 스스로 정전 또는 복구를 확정하여 다수의 담당자에게 문자를 발송하며, 발송 대기함과 재시도, 동기화 쓰기(fsync)로 재부팅 중의 알림 유실과 중복을 방지하였다. 관제 서버는 서로 다른 건물에 설치한 A, B 두 지점 에이전트의 상태 API를 5초 주기로 읽기 전용 수집하여 지점별 전원 상태, 정전 이력, 발송 대기 문자, 장치 시계 오차를 한 화면에 표시하고, 응답이 없는 에이전트는 별도의 경고 상태로 구분한다.

시험 결과, 어댑터 내부방전으로 신호가 떨어지기까지 약 18.4초가 걸려 이 시간이 감지 하한선임을 확인하였다. 2026년 9월 건물 전기점검에 따른 실제 정전(1시간 30분 55초)에서 에이전트는 정전 감지 2초 만에 담당자 18명 전원에게 문자를 발송하였고, 정전 내내 보조배터리로 가동을 유지하며 복구를 직접 감지하여 통보하였으며 중복 발송은 발생하지 않았다. 해당 정전 기록은 상태 API를 통해 관제 측에서 조회되었고, 두 지점 에이전트의 상태 수집과 시계 오차 확인도 정상 동작하였다. 본 연구는 저가의 범용 부품만으로 분산된 감정시설의 이상을 현장에서 감지하고 중앙에서 확인하는 모니터링 체계의 실증적 근거를 마련하였다는 데 의의가 있다. 향후 관제 서버의 상시 운영과 하드웨어 실시간 시계(RTC) 장착, 감지 회로 개선을 진행하고, 전원 외 감시 항목과 기관 내 다른 시설로 확대하는 기초 자료로 활용될 것이다.

P-디지털-7

법과학 정보시스템 장애 대응을 위한 언어모델 에이전트의 운영 조건별 비교 연구

전성준, 장유희, 배이철, 임성호★

국립과학수사연구원 기획전략과, 원주, 대한민국

법과학 감정 업무는 접수부터 감정서 발송까지 전 과정이 정보시스템에 의존하므로 전산 장애는 감정 지연으로 직결된다. 장애 문의를 처리하려면 소스코드, 데이터베이스, 업무 절차를 함께 확인해야 하여 담당자의 경험에 크게 의존한다. 생성형 AI는 이를 지원할 수 있으나, 소스코드의 외부 전송에 따른 보안 문제와 근거 없는 답이 잘못된 조치로 이어지는 환각 문제가 있다. 본 연구는 코드와 테이블을 직접 확인하여 처리안을 제시하는 장애 처리 에이전트를 구축하고, 외부 API 모델과 기관 내부 로컬 모델을 비교하여 망분리 환경에서의 운영 조건을 제시하는 것을 목적으로 한다.

에이전트는 과거 처리 경험과 업무 문서를 참고하고 벡터 검색으로 탐색 위치를 찾은 뒤, 실제 코드와 테이블을 확인하여 근거를 제시하도록 구성하였다. 근거가 없는 답은 프로그램이 다시 묻고, 모든 반영은 담당자 승인을 거치도록 하였다. 실제 장애 문의 18건과 정보가 부족한 문의 2건으로 시험 셋을 구축하고, 시험 건과 같은 과거 기록은 검색에서 제외하였다. 외부 API 모델 Nemotron 3 Ultra(550B, NVFP4)와 로컬 모델 Gemma4(31B, BF16), Flint(40B, Q8), Flint(40B, Q4)를 각 1회 실행하고 첫 답을 실제 처리와 대조하였다. 로컬 모델은 각각 RTX PRO 6000, DGX Spark, RTX 5090에서 실행하였다.

시험 결과, 20건 중 실제 처리와 일치한 문항은 Nemotron 3 Ultra 13건, Gemma4 11건으로 큰 차이가 없었고, 평균 처리 시간은 각각 319초와 376초였다. 정보가 부족한 문의 2건에서는 두 모델 모두 원인을 단정하지 않았다. 반면 Flint(Q8)는 건당 평균 약 19분이 소요되어 수행한 10건 중 4건이 일치하고 2건은 시간 제한을 초과하였으며, Flint(Q4)는 20건 중 16건에서 답을 생성하지 못하였다. 이는 장비와 양자화 조건이 현장 활용 가능성을 크게 좌우함을 시사한다. 본 연구는 소규모 1회 시험과 AI 보조 채점의 한계가 있으나, 기관 내부 모델로 장애 처리를 지원할 수 있는 실증적 근거를 제시하였다. 향후 실제 운영 병행 평가로 담당자 보조 효과를 검증할 것이다.

P-디지털-8

워크플로우 오케스트레이션 기반 법과학 감정정보시스템 에이전트 프로토타입 설계

임성호, 장유희, 전성준, 곽경돈, 배이철★

기획전략과, 국립과학수사연구원, 원주, 대한민국

최근 범죄 양상의 고도화와 복합화로 인해 다학제적 법과학 감정의 수요가 급증하고 있으나, 감정물 접수부터 부서·담당자 배정, 감정서 작성, 동료 검토(Peer Review), 결재 및 발송에 이르는 전 주기 행정·기술 워크플로우는 여전히 분절적인 수작업에 크게 의존하고 있다. 한편, 생성형 AI와 자율형 에이전트를 법과학 실무에 도입하기 위해서는 내부 폐쇄망(Air-gapped Network) 환경에서의 데이터 보안, KOLAS(ISO/IEC 17025) 품질관리 규격 및 표준작업지침서(SOP)의 엄격한 준수, 그리고 비결정적 추론으로 인한 환각(Hallucination) 통제가 필수적으로 요구된다.

본 발표에서는 이러한 한계를 극복하기 위해 오픈소스 엔터프라이즈 LLM 오케스트레이션 프레임워크인 Dify를 활용하여, 법과학 감정의 전 과정을 제어하는 에이전트 기반 차세대 법과학 정보시스템(Agent-Driven Forensic Science Information System) 프로토타입을 설계하고 그 유효성을 검증한다. 제안하는 시스템은 자율 에이전트의 임의적 행동 위험을 배제하기 위해 방향성 비순환 그래프(DAG) 기반의 결정론적 워크플로우와 인간 개입(Human-in-the-Loop) 노드를 결합하여 설계되었다. 구체적으로, ① 접수 및 배정 단계에서는 의뢰서 문서를 자동 파싱하여 무결성을 사전 검증하고, 내부 규정 RAG(검색증강생성) 및 담당자 업무량·자격 DB 연동을 통해 주관·협조 부서와 최적 담당자를 자동 라우팅한다. ② 업무 분장 및 감정서 작성 단계에서는 복합 사건의 증거물 인계 스케줄을 조율하고, 병렬 분기를 통해 각 분야(부서)에 특화된 소형언어모델(sLM)과 MCP(Model Context Protocol) 기반 분석 도구를 호출하여 과거 감정 사례 벡터 DB에 기반한 분과별 감정서 초안을 생성한다. 이후 중앙 대형언어모델(LLM)이 다부서 소견 간의 시간축 및 논리적 모순을 교차 검증하여 단일 감정서로 통합한다. ③ 검토·결재 및 발송 단계에서는 AI 사전 검사 노드가 수치·단위 오기재 및 필수 규격 누락을 점검한 후 동료 감정관 피어리뷰 루프백(Loopback)과 전자결재를 거쳐 의뢰기관 발송 및 지식베이스 저장을 수행한다.

내부 폐쇄망 테스트베드 환경에서 모의 사건 시나리오를 대상으로 프로토타입을 검증한 결과, 제안 아키텍처는 부서·담당자 라우팅의 정확도와 감정서 초안의 사실적 근거 충실도를 높이는 동시에, 피어리뷰 단계의 형식적 오류 검출률을 유의미하게 향상시킬 수 있음을 확인하였다. 나아가 법적 증거능력과 절차적 투명성이 요구되는 공공 법과학 기관에서 신뢰할 수 있는 원스톱 AI 에이전트 플랫폼을 구축하기 위한 실증적 참조 아키텍처를 제시한다.



P-디지털-9

LLM을 이용한 보이스피싱 범죄자 음성 DB의 중복 제거

박찬규[1,★], 박남인, 전옥엽

[1]디지털과, 국립과학수사연구원, 원주, 대한민국

국립과학수사연구원에서 보유 중인 보이스피싱 범죄자의 통화 녹음은 2026년 11월 기준 4만여 건으로, 이를 모두 청취하려면 약 1개월 정도 소요되는 분량이다. 이 통화 녹음은 DB로 관리되어 보이스피싱 범죄 용의자의 여죄를 찾는 감정 업무에 활용되고 있다. 제공받은 통화 녹음에 중복이 존재하거나, 원본 통화 녹음을 전처리하는 과정에서 중복이 발생하여 DB에 추가되는 경우, 감정 효율뿐만 아니라 DB 조회 결과의 품질을 저하시킬 수 있다. 기존 화자 임베딩 기반의 유사도 비교는 동일 화자의 서로 다른 통화와 동일 통화의 사본을 구분하지 못하고, 파일 수준의 비교는 전처리 과정의 차이로 인해 적용이 어렵다.

본 연구는 통화 내용 수준에서 중복을 확인하기 위해 LLM(Large Language Model)을 활용한 방법을 제안한다. STT(Speech-To-Text) 모델로 통화 녹음을 텍스트로 변환한 다음, LLM으로 통화 내용을 특정할 수 있는 정보(피해자 성명, 사칭한 기관 및 담당자명, 사기 시나리오에 활용된 용의자명, 계좌 정보 등)를 추출하여 비교한다. 이 정보만으로 확인이 어려운 경우에는 대화의 전개 패턴을 비교하여 동일한 원본 통화인지 판단한다.

실험에는 A 그룹이 전처리하여 제공한 보이스피싱 통화 녹음 1,313건과 B 그룹에서 제공받은 보이스피싱 통화 녹음 10,039건을 전처리한 데이터를 사용한다. 두 그룹은 동일 기관 소속으로 데이터의 출처가 같을 것으로 추정되므로, 전처리 방식이 서로 다른 두 데이터 간에도 동일 원본 통화를 확인하여 중복을 제거할 수 있을 것으로 기대한다.

P-디지털-10

AI 에이전트 기반 망분리 환경의 네트워크 보안취약점 탐지 및 보안정책 분석 방안

장유희, 윤수영, 전성준, 배이철★

국립과학수사연구원 기획전략과, 원주, 대한민국

망분리 환경에서는 외부 클라우드 기반 보안 솔루션의 사용이 제한되어, 보안장비와 백본·스위치의 로그 및 보안정책을 내부에서 지속적으로 점검할 수 있는 체계가 필요하다. 현재의 일반적인 점검은 주기적인 수동 확인이나 장비별 개별 점검에 의존하는 경우가 많아, 점검 시점 사이에 발생한 정책 변경과 이상 징후를 놓치기 쉽다. 또한 장비별로 분산 관리되는 보안정책은 정책 간 상충이나 과다 허용과 같은 취약점이 누적되기 쉬우며, 운영자가 이를 수동으로 파악하기 어렵다. 본 연구는 AI 에이전트를 활용하여 네트워크 장비의 로그와 보안정책을 상시 모니터링하고, 보안취약점을 탐지하여 사용자에게 알리는 방안을 제안한다.

제안 에이전트는 세 가지 모듈로 구성된다. 첫째, 수집·탐지 모듈은 장비별 로그와 설정 정보를 수집하여 이상 징후와 정책 설정 오류를 탐지한다. 둘째, 정책 요약 모듈은 보안장비, 백본, 스위치의 보안정책을 하나의 화면에서 확인할 수 있도록 통합 요약을 생성한다. 셋째, 충돌 분석 모듈은 가림(shadowing), 중복(redundancy), 일반화(generalization) 등 정책 충돌 유형을 식별하고 유형별 개선 방안을 사용자에게 제시한다. 외부 API에 의존하지 않도록 온프레미스 언어 모델을 기반으로 구현하고, 규칙 기반 분석 결과를 함께 활용하여 탐지 결과의 근거를 제공한다.

제안 방법의 타당성은 망분리 환경의 실제 장비에서 추출한 보안정책 파일과 로그 파일을 기반으로 검증하며, 입력 데이터는 방화벽, 백본, 스위치의 정책 설정과 장비 로그로 구성한다. 로그는 시간 순서와 필드 형식을 통일하여 분석에 사용한다. 추출한 정책을 정책 모델로 변환하고, 로그를 정책 모델에 재생하여 규칙 매칭과 충돌 탐지를 시뮬레이션한다. 이 과정에서 실제로 사용되지 않는 규칙과 과다 허용 규칙을 식별할 수 있는지를 함께 확인한다.

제안 방법이 검증되면 정책 충돌 탐지와 정책 가시화를 자동화하여 망분리 환경의 보안정책 관리 부담을 줄일 수 있을 것으로 기대한다. 본 연구는 망분리 환경에 적합한 AI 에이전트 기반 보안취약점 탐지 체계를 제시하는 데 의의가 있으며, 향후 적용 장비와 규모를 확대하고 운영자 피드백을 반영하는 개선 구조를 연구할 계획이다.

POSTER

제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회

포스터
심리

12:30 – 13:30 | 본관 1층 복도 (e-Poster)

P-심리-1	**응급실에 내원한 여성 폭력 피해자의 비치명적 목조름: 기록 공백과 치명적 폭력 위험 신호의 법과학적 함의** 김수정 · 인하대학교 간호학과	129
P-심리-2	**Heart rate from the photoplethysmograph in the Comparison Question Test: discriminative validity and the choice of reference** 홍현기 · 국립과학수사연구원 법의검사과	130
P-심리-3	**Judicial Perceptions of Polygraph Testing in Criminal Court Decisions : A Full-Text Analysis of Korean Case Law (1973–2025)** 문정원 · 국립과학수사연구원 법의검사과	131
P-심리-4	**Improving Photoplethysmographic Pulse Amplitude Analysis in the Psychophysiological Detection of Deception: Effects of Unidirectional Signal Clipping and Response Latency** 김태호 · 국립과학수사연구원 법의검사과	132

P-심리-1

응급실에 내원한 여성 폭력 피해자의 비치명적 목조름: 기록 공백과 치명적 폭력 위험 신호의 법과학적 함의

김수정[1,★], Eunju Choi[2], Julie Valentine[3]

[1]School of Nursing, Inha University, Incheon, Republic of Korea
[2]Department of Nursing, The University of Texas MD Anderson Cancer Center, Houston, TX, USA [3]College of Nursing, University of Utah, Salt Lake City, USA

비치명적 목조름(non-fatal strangulation)은 외부 손상이 남지 않아도 의식 소실과 지연성 손상을 일으킬 수 있으며, 친밀한 관계 내 살인 위험을 높이는 고위험 폭력 신호이다. 최근 해외에서는 여성 대상 목조름 피해와 함께 성관계 중 목조르기(sexual choking) 경험이 증가하고 있다는 보고가 이어지고 있으며, 영국 등은 비치명적 목조름을 독립된 범죄로 규정하고 응급실과 법의간호 영역에서 목조름 선별·기록 체계를 갖추어 가고 있다. 반면 국내에서는 목조름에 대한 임상적·사회적 민감도가 아직 낮아, 응급실에 내원한 여성 폭력 피해자에게서 목조름이 어떻게 기록되는지조차 알려져 있지 않다. 본 연구는 신체폭행 및 성폭력 피해 여성의 목조름 기록 실태를 파악하고자 하였다.

질병관리청 응급실손상환자심층조사(EDIIS) 2019–2023년 원시자료를 이용한 후향적 단면연구로, 23개 응급실에 폭력·타살로 내원한 여성 15,941명을 분석하였다. 목조름은 손상기전으로, 성폭력은 성적 학대(KCD T74.2) 진단으로 정의하였다. 목조름의 발생 특성과 진단 기록 양상, 주거지 내 기타 신체폭행과의 차이, 성폭력 사례의 목조름 동반 기록 여부를 Fisher 정확검정과 Firth 벌점 로지스틱 회귀분석으로 분석하였다.

목조름이 기록된 여성은 70명(0.44%)이었으며, 이 중 42명(60.0%)은 주거지에서 발생하였다. 주거지 신체폭행 피해자 6,323명과 비교했을 때 연령, 의식 상태, 응급실 치료 결과에서 유의한 차이가 없었고, 일반적인 임상정보의 판별력도 제한적이었다(AUC=0.65). 목조름 사례의 주진단은 목 부위 손상 39명(55.7%), 질식 13명(18.6%)이었으며, 18명(25.7%)은 다른 진단 범주로 기록되었다. 성폭력 피해 여성 3,758명(23.6%) 중 목조름이 함께 기록된 사례는 한 건도 없었다.

국내 응급실 자료에서 목조름은 해외에서 보고되는 피해 규모에 비해 매우 드물게 기록되었고, 특히 성폭력 피해자에게서는 전혀 확인되지 않았다. 이는 실제 피해가 적다기보다 목조름을 묻고 기록하는 체계가 없어 피해가 드러나지 않은 결과로 해석된다. 해외처럼 응급실에서 목조름 경험과 관련 증상(음성 변화, 삼킴 곤란, 의식 소실 등)을 구조화된 질문으로 선별하고, 성관계 중 목조름을 포함하여 체계적으로 기록할 수 있는 자료 수집 체계가 개발되어야 한다. 이러한 자료는 피해자 진술을 뒷받침하는 객관적 근거이자 폭력 위험성 평가와 법과학적 증거 확보의 기반이 될 것이다.

P-심리-2

Heart rate from the photoplethysmograph in the Comparison Question Test: discriminative validity and the choice of reference

Hyeongi Hong[1]★, Taeho Kim[1], Hyungki Ji[1], Kipyoung Kim[1]

[1]National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea

The polygraph's peripheral pulse (PL) channel is scored by pulse-amplitude reduction, although the photoplethysmographic (PPG) waveform also yields heart rate (HR). In the Concealed Information Test (CIT), baseline-corrected HR deceleration is an established indicator; whether it transfers to the Comparison Question Test (CQT) is unknown. We analysed mock-crime CQT data (45 guilty, 43 innocent) with a PPG pipeline fixed in advance and evaluated PL line length, chart-referenced HR at 11–15 s, mean HR, baseline-corrected ΔHR, tonic HR and HRV. Line length (d = 0.47, AUC = .64) and chart-referenced HR (d = 0.46, AUC = .62) discriminated the groups; ΔHR with a 3-s pre-question baseline did not (d = 0.22). The HR effect declined as the baseline shortened (none 0.46, 10 s 0.38, 5 s 0.29, 3 s 0.20), whereas in a CIT sample the same correction increased it (0.51 to 0.87); the pre-question interval was as variable as the response window and almost uncorrelated with it. Adding HR to line length did not improve cross-validated classification (ΔAUC = +.02, p = .09), and three-chart reliability of HR was low (α = .25). After a common acceleration during question delivery and answer, HR at relevant questions remained below HR at comparison questions in guilty examinees only. PPG-derived HR has independent but small validity in the CQT, must be referenced to the chart rather than the pre-question interval, and does not add to line length; CIT indicators cannot be transferred without re-examining the reference against which the response is defined.

P-심리-3

Judicial Perceptions of Polygraph Testing in Criminal Court Decisions : A Full-Text Analysis of Korean Case Law (1973–2025)

Jeongwon Moon[1], Seojin Lee[1], Taeho Kim[1], Hyungki Ji[1], Kipyoung Kim[1], Hyeongi Hong[1]★

[1]National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea

The Supreme Court of Korea has consistently denied the admissibility of polygraph test results as evidence since its 1979 ruling (79Do547). The three preconditions formalized in the 1983 ruling (83Do712) remain the governing standard under 2005Do130, and 2016Do15526 reaffirmed that such results function only as circumstantial evidence bearing on the credibility of a statement. Yet how courts actually treat polygraph results in practice—independent of this doctrinal position—has not been examined through a comprehensive review of case law. This study analyzed 2,233 criminal court decisions (1973–2025) in which polygraph testing was substantively discussed, drawn from a full-text search of 2,472 decisions using four keywords. First, courts substantively relied on polygraph results or refusals in their reasoning ("utilized") in 55.7% of cases, exceeding the 33.9% in which they were formally excluded or discounted ("restricted"); nearly half of the exclusions were phrased not in the language of admissibility but in that of probative weight. Second, the dominant channel of use was not formal admission into evidence (13%) but auxiliary reasoning about the credibility of statements (47%), a channel the admissibility doctrine does not reach by design. Third, test results were in fact widely used (about 84% of utilized elements), but their adoption faced a double threshold. Among administered tests, content mattered: deceptive results were filtered most strongly (OR=0.53) while truthful results were relatively well adopted (OR=1.43). When tested cases were compared with untested ones, however, courts tended to rely more readily on the untested conditions: refusal passed without any threshold (OR=2.08), a defendant's own request for testing was read as a sign of innocence, and even truthful results were adopted no more readily than no test at all (OR=0.75). This asymmetry was mirrored on the victim's side (deceptive OR=0.60; refusal OR=2.05). Fourth, appellate courts were markedly more restrictive (Supreme Court OR=0.14), reliance did not decline while citation of the restrictive 2016Do15526 precedent spread through the lower courts, and adoption rates have remained fixed in the low-60% range for nearly two decades, suggesting an institutionalized practice. These findings indicate that the judicial status of polygraph evidence is determined less by formal admissibility than by a pattern of selective reception: conditional acceptance of test results and unconditional acceptance of test-related behavior.

P-심리-4

Improving Photoplethysmographic Pulse Amplitude Analysis in the Psychophysiological Detection of Deception: Effects of Unidirectional Signal Clipping and Response Latency

Taeho Kim[1], Hyungki Ji[1], Kipyoung Kim[1], Hyeongi Hong[1]★

[1]National Forensic Service, Wonju, Republic of Korea

This study proposed a unidirectional signal clipping technique that incorporates the unidirectionality of the vasomotor response at the signal-processing stage, and evaluated it using mock-crime data with established ground truth (28 guilty, 28 innocent). Crossing clipping (applied vs. not applied) with latency (2 vs. 5 s) in a 2×2 design, we compared the discrimination of guilt from innocence across the four conditions. Without clipping, the conditions did not significantly separate the groups (AUC = .610, .635), whereas with clipping both conditions showed significant discrimination and large effect sizes (AUC = .704, .705). In contrast, the difference in discrimination between the 2 s and 5 s latencies was negligible (ΔAUC = −0.001). These results suggest that pulse amplitude–based discrimination of guilt from innocence depends on the unidirectional processing of the photoplethysmographic signal rather than on the latency setting.

SPONSORS

협찬업체 소개

제50회 한국법과학회 2026 추계학술대회를 후원해 주신 협찬업체에 깊이 감사드립니다.

1 써모피셔사이언티픽 ▶ 홍보 영상 134

2 퀴아젠코리아 ▶ 홍보 영상 135

3 구정이엔티 ▶ 홍보 영상 136

4 인터페이스정보기술 137

5 프로메가코리아 ▶ 홍보 영상 138

6 한국애질런트테크놀로지 139

7 오엠에이이엔지 ▶ 홍보 영상 140

8 동아참메드 ▶ 홍보 영상 141

9 이노시뮬레이션 ▶ 홍보 영상 142

ThermoFisher SCIENTIFIC

BOOM.
PIPETTE DROP.

Fully automated extraction, including differentials*

Introducing the
Applied Biosystems™ PrepStudio™ Express DNA Extraction System

Load your samples, walk away, and return to purified DNA fractions ready for downstream analysis.



* Yeah, you heard that right.

Learn more at **thermofisher.com/prepstudio**

For Research, Forensic, or Paternity Use Only. Not for use in diagnostic procedures. This image was generated using AI technology.
© 2026 Thermo Fisher Scientific Inc. All rights reserved. All trademarks are the property of Thermo Fisher Scientific and its subsidiaries unless otherwise specified.
PTA-15164497 0726

써모피셔사이언티픽 홍보 영상 보기
클릭하거나 QR 코드를 스캔하면 영상이 재생됩니다



Give names back to the nameless

You have the power to turn dead ends into a resolution for cold cases and unidentified human remains.

We can help you analyze complex and degraded samples in any type of missing persons casework.

- Recover DNA from bone samples in under 20 minutes using the EZ2® Connect Fx
- Perform extended kinship analysis using the ForenSeq® Kintelligence Kit and MiSeq® FGx

Want to know more? Visit **www.qiagen.com/HID_missingpersons**

Trademarks: QIAGEN®, Sample to Insight®, EZ2®, VEROGEN® (Verogen Inc.); MiSeq® (Illumina, Inc.). Registered names, trademarks, etc. used in the QIAGEN website, even when not specifically marked as such, are not to be considered unprotected by law. 625S023 08/25 © 2025 QIAGEN, all rights reserved.

Sample to Insight

퀴아젠코리아 홍보 영상 보기
클릭하거나 QR 코드를 스캔하면 영상이 재생됩니다

Behind Every Stable Run

G-stem

On-site Laboratory Nitrogen Gas Generator

안정적인 분석 환경을 위한 질소 공급 솔루션



Designed for LC-MS Operation
Stable gas supply for analytical instruments

Continuous Supply
On-site nitrogen generation

Stable Pressure
Optimized for analytical instruments

Low Noise
<50 dB laboratory operation

Compact Footprint
Under-Bench installation

Optimized for
LC-MS/MS, ELSD, Sample Evaporation

Easy Maintenance
Simplified service structure

goojung

(주)구정이엔티
서울시 구로구 디지털로 31길 20, 1101호 (구로동, 에이스테크노타워 5차)
Tel. 02-3281-2374 Fax. 02-3281-3375 Web. www.goojung.com
Email. marketing@goojung.com

구정이엔티 홍보 영상 보기
클릭하거나 QR 코드를 스캔하면 영상이 재생됩니다

Forensic & CSI (Crime Scene Investigation) Solutions

Mass ID Manager



MIM is a total solution for Victims Identification in Mass Disaster. MIM supports victim identification process through combining primary & secondary matching.

DNA-LIMS (DNA Laboratory Information Management System)

DNA-LIMS supports all processes to analyze and investigate DNA information at the DNA labs.

Forensic LIMS (Forensic Laboratory Information Management System)

The system supports all processes to analyze and investigate the crime evidence at the forensic labs.



SCAS (Scientific Crime Analysis System)

The system collects crime information & provides crime-profiling service using various statistic techniques.

cEMS (Crime Evidence Management System)

The system manages physical evidence and its information at the crime scene. The system manages type, storage condition and chain of custody of evidences using bar code system and supports maintaining the initial status of evidences for admissibility.



FTIS (Footwear and Tire Information System)

The system stores common footwears and automobile tires prints in an electronic format and compares the trace at the crime scene with existing prints.

Mobile Crime Scene Investigation Laboratory



The cutting edge mobile scientific investigation laboratory to appraise and analyze evidences at the crime scene promptly. The mobile laboratory is equipped with analytical instruments for fast collection and analysis and secured communication channels to retrieve information from various systems.

INTERFACE INFOTECH www.interfaceit.co.kr

Promega

Stutter는 줄이고 판독시간은 짧게 더 많은 케이스를 해결하세요

Paradyme™ 27GY STR System

Reduced-Stutter Polymerase 기반
8 color STR 시약으로 혼합시료 Deconvolution을
더 빠르고 명확하게 판정하세요.



PCR 증폭 과정에서 생기는 스터터 피크는
혼합시료에서 소량 기여자의 대립유전자와 겹쳐 보이기 쉬워,
판독과 재검토에 많은 시간이 듭니다.
Paradyme™ 27GY STR System은 Promega의
Reduced-Stutter Polymerase(RSP)를 적용한
새로운 8-color STR 시약입니다. PCR 단계에서부터
Stutter artifacts를 크게 줄여 더 깨끗한 프로파일을 제공합니다.

제품 정보와 데이터를 확인하세요
promega.com/paradyme27GY



가능성을 새롭게 정의: 새로운 Agilent 5987A GC/MSD

실험실은 경쟁우위를 확보하기 위해 처리 시간을 단축하고 변화하는 요구에 신속하게 대응해야 합니다. Agilent 5987A GC/MSD는 이러한 요구를 충족하는 제품입니다.

5987A는 신뢰를 받아온 GC/MSD 플랫폼의 단순한 차세대 버전 그 이상입니다. 뛰어난 분석 성능과 유연성에 가동 중단 시간 단축, 간소화된 작업, 지속가능성 향상 기술까지 갖추었습니다.

뿐만 아니라, 5987A에는 Agilent GC Assist 인텔리전스가 탑재되어 있어, 시스템 상태를 사전에 모니터링 및 유지보수하고 기기 현장에서 바로 문제를 해결할 수 있습니다.



Agilent 5987A GC/MSD

자세한 내용은
explore.agilent.com/gcms-performance를 방문하세요

Agilent
Trusted Answers

DE-018073

© Agilent Technologies, Inc. 2026

Precision 3D Scanning, Wherever You Need It

3D 스캐닝부터 형상 분석과 품질 검사까지



ATOS Q

정밀 형상 측정을 위한 광학 3D 스캐너



T-SCAN hawk 2

현장에서 간편하게 쓰는 휴대용 3D 스캐너

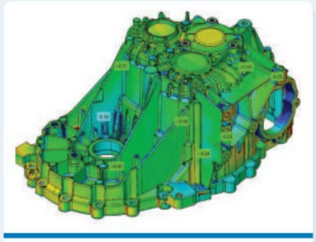
APPLICATIONS

측정 데이터를 더 넓은 활용으로



Forensics

법과학 증거물의 형상 기록과 비교를 지원합니다.



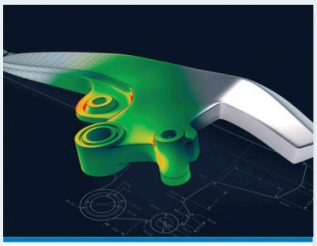
Quality Inspection

CAD 비교로 형상 편차를 확인합니다.



Maintenance

대형 구조물을 현장에서 스캔합니다.



3D Shape Analysis

3D 데이터로 제품 형상을 분석합니다.

측정 과제에 맞는 3D 스캐닝 솔루션을 만나보세요.

제품 상담 · 데모 문의

OMA
www.omagom.co.kr
Tel: 042-822-9503
E-mail: support@omagom.co.kr

오엠에이이엔지 홍보 영상 보기
클릭하거나 QR 코드를 스캔하면 영상이 재생됩니다



Clinical Chemistry

Indiko 솔루션으로 완성하는 검사실의 효율적 워크플로우

임상화학부터 약물 선별검사까지, Indiko 및 Indiko Plus 검사장비

자동화 • 고처리량
최대 350 tests/hour,
안정적인 연속 검사

유연한 운영
Random Access 방식,
다양한 검사 조합 가능

효율적인 검사실 운영
바코드 기반 자동 인식,
검사실 워크플로우 최적화

Drug of Abuse & Toxicology 주요 검사 메뉴

- ☑ Amphetamines
- ☑ Methamphetamine
- ☑ MDMA(Ecstasy)
- ☑ THC(Cannabinoids)
- ☑ Cocaine Metabolite
- ☑ Opiates
- ☑ Benzodiazepines
- ☑ Barbiturates
- ☑ PCP(Phencyclidine)
- ☑ Cotinine
- ☑ Ethylalcohol

검사실 적용 가치

신뢰도 높은 결과
질량 분석 등 확진검사와의 높은 일치도

검사 운영 효율화
대량 검체 처리와 유연한 검사 구성

규제 • 인증 대응
주요 글로벌 규제 및 인증을 만족하는 검증된 검사

Thermo Scientific Drugs of Abuse Assays 주요 특징 및 장점

Category	Features	Benefits
Accuracy	Overall ~ 95% concordance with LC-MS/MS, the gold Reference Standard: fewer false positives and false negatives	• Less time & money spent re-screening and performing unnecessary confirmatory tests • More confidence in test results
Specificity	Minimal cross-reactivity to undesired compounds	• Minimizes time, materials and expertise needed for mass spec assessment • More confidence in test results
Precision	< 10% CV; inter-assay and between-run precision	• More confidence in test results, especially around cutoff • Reliable: consistent performance day to day, week to week
Regulatory Status	*FDA Cleared, CE Mark	• Reimbursement opportunities with most healthcare insurance providers
Testing Technologies	DRI and CEDIA performance data presented in over 100 peer reviewed journal articles	• Proven technologies used by thousands of laboratories worldwide for routine testing and clinical research • confidence in the test results: consistent with results from other laboratories • Automated immunoassay allows for high throughput
Applications	Validated Instrument Parameter Applications, certified for a broad spectrum of chemistry analzyers	• Significantly reduces amount of time required to validate new assays • Supports Regulatory and Laboratory Requirements for Accreditation

thermo scientific

DONG-A CHAMMED

동아참메드 홍보 영상 보기
클릭하거나 QR 코드를 스캔하면 영상이 재생됩니다

INNO ALPS

PHYSICAL AI PLATFORM

Physical AI 검증·훈련의 완전한 생태계

AI가 현실 세계를 이해하고, 학습하고, 실제 환경에서 작동할 수 있도록
가상환경부터 물리 시스템까지 연결하는 기술을 제공합니다.



AI 지식 구축 엔진 Iris INNO ALPS

흩어진 정보를 모아 AI의 지식 자산으로 변환

근거를 보여주는 AI 검색·전자교범

학습 로그 축적, 디지털 트윈 정보 제공

합성 데이터 생성 엔진 Edelweiss INNO ALPS

실제 영상·지형 기반 실사형 합성 영상

눈·비, 낮·밤, 사람 등 조건 변환

Sim-to-Real Gap 축소, 인식 성능 검증

AI 강화 학습 엔진 Aster INNO ALPS

우주 궤도부터 UAM 항로까지 가상 환경

교범·규칙을 데이터화한 정책 학습

모델 경쟁으로 최적 AI 선발·실장비 탑재

Sim2Real 연동 엔진 Linnaea INNO ALPS

시뮬레이션 환경에서
실제 차량과 장비를 검증합니다

시뮬레이션 환경
가상 도로·공역·해상 시나리오

⇄ 반력 제어
센서 연동

실제 차량·장비
UGV · 모션 플랫폼 · 다이나모미터

LAND
무인지상차량 | 자동차 | 철도

SEA
무인수상정 | 자율운항 선박

AIR
무인항공기 | UAM

INNOSIMULATION
Simulate your Imagination

홈페이지 www.innosim.com
문의 info@innosim.com

이노시뮬레이션 홍보 영상 보기
클릭하거나 QR 코드를 스캔하면 영상이 재생됩니다