

法務部法醫研究所

九十年度委託專題研究計畫期末報告

計畫編號：IFM90-B03

計畫名稱	中文 DNA 氮鹼基序列單分子多型性分析法醫檢驗運用之研究
	英文 Study on SNP polymorphism for forensic application

執行機關： 法務部調查局

計畫主持人： 蒲長恩

E-MAIL信箱 pu4431@ms14.hinet.net

連絡電話： 02-29112241-3741

傳真號碼 02-29138599

執行期限： 90.2.1—90.12.31

計畫名稱：DNA 氮鹼基序列單分子多型性分析
法醫檢驗運用之研究

目 錄

	頁碼
一、目錄	36
二、計畫中文摘要	37
三、計畫英文摘要	38
四、計畫緣由、目的	39
五、研究方法	40
六、研究結果與討論	42
七、計畫成果自評	44
八、參考文獻	44
九、附圖表	45
十、其他 (附錄)	62

二、研究計畫中文摘要：（請勿超過一千字）

關鍵字：SNP，多型性，刑事鑑識

SNP 係指 DNA 氮鹼基序列上某一氮鹼基分子種類之變化，即某一氮鹼基分子替換為不同之氮鹼基分子，此種雙對偶基因系統，其中分佈頻率較低者至少有 1% 之頻率。根據美國健康部(NIH)的研究，這種 DNA 單氮鹼基多型系統(Single Nucleotide Polymorphisms)，在人類基因體上約有六百萬到三千萬處之多，即 100 至 1000 氮鹼基不等長度即包含乙處變化。截至 90.11.20 為止，已有 3,895,421 個 SNP 被發現，運用複合式 SNP 系統對於族群遺傳、藥物設計、刑事科學、癌症基因之定位及遺傳疾病之診斷特別有效，SNP 可謂繼 STR 多型系統之後，最具有發展潛力及最適合自動化偵測之系統。

近年來，隨著基因工程的進展，增進了刑事科學領域中之 DNA 鑑定技術的運用，而現今最常用的 DNA STR 多型性系統，不但數據穩定，而且其區別率非常高，重覆率僅有數十億分之一，惟尚有些缺點包括分析時間仍約需六小時始有結果，效率並不高，且檢驗方法晶片化亦有困難。反之因 SNPs 系統係單氮鹼基分子之變化，檢驗方法晶片已然可行，選擇可用之 SNP 點位，為 DNA 鑑識晶片化預為準備極有必要。本研究選擇十個 SNP 點位(SNP 4579 等)，氮鹼基長度介於 150 至 208 間適用於腐敗檢體者，分析各點位基本頻率分布情形，發現此些雙對偶基因系統，雙基因之分布從極不平均之 1.00/0.00(SNP 4552, 4592)至分布平均之 0.55/0.45(SNP 4579)均存在，經計算其異合子率(Het)、區別率(DP)、父權平均排除率(EP)等法醫檢驗常用數據，SNP 4593 具有最高之 DP 及 EP，分別為 0.638 及 0.188，而 SNP 4552, 4592 之 DP 及 EP 則均為 0，經檢視各系統之區別率並不高，但如併同運用，仍可高達 0.9963，足以做為目前 DNA STR 系統之輔助，其中 5 個點位 SNP 4551, 4579, 4591, 4593, 4671，因對偶基因頻率分布尚屬平均，區別率約為 0.5，得候選為晶片化之點位。

三、計畫英文摘要：請於五百字內就本計畫要點作一概述，並依計畫性質自訂

關鍵詞。

Key Words: SNP, Polymorphism, Forensic Science, population genetics

SNPs are single base pair positions in genomic DNA at which different sequence alternatives (alleles) exist in normal individuals in some population(s), wherein the least frequent allele has an abundance of 1% or greater. According to NIH, there are 6 million to 30 million Single Nucleotide Polymorphisms in human genome, in other word, there is a SNP in every 100 to 1000 base pair. By the date of Nov. 20, 2000, there were 3,895,421 SNPs found, the naturally occurring sequence variation contribute 90% abundance of human DNA polymorphism, and the renewed and extensive research will have a major impact upon population genetics, drug development, forensic, cancer and disease research. SNPs system may become the most popular forensic technique after the well-developed STRs systems.

The CODIS 13 STR systems are stable and with a very high discriminating power are well applied in forensic world, but there are two defects need to be overcome, the first one is that at least six hours still needed for a test, from DNA extraction, PCR reaction to typing. Another defect for STR systems is that it is difficult to design probes for reverse dot blotting because the polymorphism is length polymorphism instead of sequence polymorphism. For the further development in forensic examination, it is suitable to design a fast and high discriminating typing method such as bio-microchip method, but before developing it, finding out the most powerful SNP loci for Chinese living in Taiwan is imperatively.

In this study, ten loci of SNP (SNP 4579 etc), PCR product length between 150 and 208(useful for degraded samples examination), were chosen for population study, alleles frequencies distribution were determined, in these bi-allele systems, the SNP 4552, 4572 has the most unbalanced distribution 1.00 / 0.00, and the frequencies distribution for SNP 4579 was 0.55/0.45 fully balanced. The forensic parameters Het, DP, and EP for the ten loci were also calculated, the SNP 4593 had the highest DP and EP, that were 0.638, 0.188 respectively, and the loci SNP 4592 had the lowest DP and EP, both of them were equal to 0, comparing to STR systems, all the loci of SNP has low DP and EP, but multiplex SNP systems with microchip examination techniques would compensate that, in this study the cumulative DP for all the ten systems was 0.996337, enough to be auxiliary techniques for forensic DNA examination, besides, SNP 4551, 4579, 4591, 4593, 4671 with the DP about 0.5 are prospect loci for future forensic microchip DNA examination.

(請詳細填寫，如篇幅不足，請自行複製)

四、計畫緣由、目的

自1984年DNA鑑定技術RFLP，即DNA片段長度多態性指紋法，被建立及1985年PCR技術發明以來，鑑識科學有了大幅的進步，新的DNA鑑定方法及系統不斷被建立，從DQA1、PM點墨法、D1S80長片段重覆多態性分析法，演進到目前最爲通用的STR鑑定法，惟隨著人類基因組DNA的解碼，人類個體間DNA的差異除原來大家熟知的長度變化以外，同位置單氮鹼基分子之不同(SNP)於最近更受到極大之重視，不斷有新發現的SNP點位發表，而此種SNP多型性約佔DNA所有多型性之90%(1)。

SNP係指DNA氮鹼基序列上某一氮鹼基分子種類之變化，即某一氮鹼基分子替換爲不同之氮鹼基分子，此種對偶基因系統，其中分佈頻率較低者至少有1%之頻率(3)。根據美國健康部(NIH)的研究，這種DNA單氮鹼基多型系統(Single Nucleotide Polymorphisms)，在人類基因體上約有六百萬到三千萬處之多，即100至1000氮鹼基不等長度即包含乙處變化。截至89.9.15爲止，已有95位學者對96個族群以許多不同的方法分析，共計發表803,557個SNP點位於此網路資料庫中(2)，這種多點位雙對偶基因的SNP系統對於族群遺傳、藥物設計、刑事科學、癌症基因之定位及遺傳疾病之診斷特別有效，SNP可謂繼STR多型系統之後，最具有發展潛力及最足以自動化偵測之系統(3)。

近年來，隨著基因工程的進展，增進了刑事科學領域中之DNA鑑定技術的運用，而現今最常用的DNA STR 13型系統，不但系統穩定，而且其區別率非常高，重覆率僅有數十億分之一(4)，唯一的缺點是從DNA抽提、PCR複製到電泳分析依作者估計仍需近五小時之時間，在極講求效率分秒必爭的檢驗領域中，難免遭人效率不高之憾。另現有之STR系統由於係運用毛細管或膠片電泳方式分析PCR產物DNA片段長度，如果改爲設計PCR產物相對氮鹼基序列探針，以點墨法直接觀察DNA片段長度重覆數之多寡並不可行，反之因SNPs系統係單氮鹼基分子之變化，以點墨法偵測並不困難，如能設計合適之引子，配以適當之套件，亦能以現今最自動化之毛細管電泳儀分析，操作更加簡便，將來“DNA晶片”技術(5,6)成熟後，如能省略PCR步驟，將抽出可以使SNP鑑定過程之手工部份減到最低，全部流程將縮短爲十數分鐘內。

另Barbujani等多位學者比較黑猩猩與人類DNA序列之異同後認爲，人類DNA上之SNP與黑猩猩DNA上之SNP大都不同，而人與人之間則約有85%共有，而另有15%之SNP分佈有較傾向特定族群之情形(7)，對於中國人SNP多型性之研究，已有大陸胡姓學者1999年發表於dbSNP資料庫之52個分析漢民族所得點位(2)，其他關於中國人之SNP研究並不多見，爲求於台灣地區運用此先進之系統，亟需篩選臺灣地區中國人高區別率之SNPs基因座，並驗證其有效性以推廣運用，不但可以增加刑事鑑識人別辨識之鑑定方法，並爲本土化之DNA人身鑑定生物晶片預爲準備。

五、研究方法

- 一、 檢品來源：法醫研究所送鑑案件、各院檢送鑑案件及本局受理民眾申請血緣關係鑑定案相關受驗人。
- 二、 本研究所用套件為 SnapShot(ABI 公司產製)，其原理為對於檢體 DNA，使用 SNP 相關基因座引子，配以 PCR 套件試劑進行 PCR 反應，將整段含 SNP 點位之 DNA 片段複製出來，再將此 PCR 產物純化，使其與 SNP 偵測試劑(SnaPshot ddNTP Primer Extension Reaction)作用，此試劑中之引子恰黏合於欲測 SNP 點位之前一氮鹼基位置，因受 ddNTP 之影響，僅能增生一氮鹼基分子，由於四種分子分別標識不同螢光，即能以 DNA 雷射自動分析儀分析，偵測該 SNP 點位之 DNA 分子種類(參閱附錄二)。
- 三、 SNP 實驗操作步驟：
 - 1、 檢體 DNA PCR 反應：依文獻記載(參附錄三)，略加修飾後進行進行 PCR 反應。
PCR 試劑：
100 pmol/ul p1: 0.125 ul.
100 pmol/ul p2: 0.125ul.
dNTP(10X): 2.5 ul.
Taq(Thermal): 0.5ul.
Q water: 12ul.
DNA template 10ul(5 ng/ul).

PCR 條件：
(1) 95°C 10 分鐘
94°C 1 分鐘 25 個循環
56°C 30 秒鐘
72°C 30 秒鐘

(2) 4°C 保存。
 - 2、 PCR 產物純化處理：去除核酸引子 (primer) 及鹼基 (dNTPs)。
 - (1) 以瑞典 Phamacia 公司生產之 Exo SAP 處理 PCR 產物。
 - (2) 10ul PCR 產物，加 Exo SAP 4 ul，37°C 靜置 30 分鐘，以

80°C 靜置 15 分鐘。

3、SNP 之 PCR 操作：

- (1) SNP PCR 反應試劑：美商 ABI 公司生產之 SNP SNaPshot 反應試劑 5ul、SNP 引子 3ul (5pmol/ul)、純化後之 DNA PCR 產物 3ul (0.15pmol/ul)、Q 級 H₂O 4ul。
- (2) 96°C 10 秒鐘 25 個循環
50°C 5 秒鐘
60°C 30 秒鐘
- (3) 4°C 保存。

4、移除沒有黏合之螢光鹼基 ([F]ddNTP) 及去除干擾因子。

- (1) 將 1ul 小牛腸磷酸酵素 (calf intestinal phosphatase 【CIP】) 加至 SNP PCR 產物中，37°C 保溫反應 1 小時。
- (2) 72°C 反應 15 分鐘，以破壞磷酸酵素之活性。
- (3) 72°C 處理後，在上 ABI310 核酸自動分析儀進行電泳分析 SNP 前均以 4°C 保存。

四、SNP 點位頻率分布計算：參考學者 HU 於 SNP 資料庫(2)，發表之 SNP 點位資料，選擇其中頻率分布較平均之點位十處(詳如附錄一)，進行實驗，獲得各檢體之 SNP 點位型別後，設計 EXCEL 樣板計算對偶基因頻率後，再參考文獻(8,9)，以自撰之 EXCEL 巨集程式計算 Het(observed heterozygosity), PD(power of discrimination), EP(exclusion probability)等法醫檢驗相關評估數據，做為評估 SNP 點位之指標。

五、蒐集存在親緣關係之家庭成員血液檢體，驗證 SNP 點位遺傳法則。

六、製做血跡斑、精液斑及唾液斑等，模擬暴力犯罪現場遺留之證物，以驗證 SNP 點位之腐敗及微量檢體適用性。

七、等倍序列稀釋受測 DNA，進行 SNP 分析，以瞭解 DNA 濃度與峰值 (PEAK)間之關係。

六、研究結果與討論

1. 依本研究所建立 SNP 之檢鑑技術，檢體經進行 DNA PCR 反應、DNA PCR 產物純化、進行 SNP PCR 反應、SNP 延展反應、ABI310 核酸分析儀毛細管電泳，獲得 SNP 點位鹼基明確之圖譜（圖一），A 鹼基呈現綠色圖譜、T 鹼基呈現紅色圖譜、G 鹼基呈現藍色圖譜、C 鹼基呈現黃色圖譜。
2. SNP 延展反應步驟為檢測 SNP 點位成敗的重要關鍵，SNP PCR 產物在經過 0.5 單位蝦鹼性磷酸酵素（SAP）或 1 單位小牛腸磷酸酵素（CIP）37°C 保溫反應 1 小時後，再以 72°C 溫熱 15 分鐘，以破壞磷酸酵素之活性，SNP 點位即可獲得明確結果，否則電泳圖譜將十分紊亂，無法判定結果（圖二）；另 PCR 引子若去除不夠完全，則會出現非期望之電泳螢光尖峰（圖三）。
3. 經檢測 SNP 4549,4551,4571,4572,4579,4591,4592,4593,4595 及 4671 等點位之雙對偶基因分布頻率，詳如表一。其中分布最平均者為 SNP 4579 C=0.55，T=0.45；最不平均者為 SNP 4552 G=0.00，T=1.00 及 SNP 4592，C=0.00，T=1.00，推測可能因取樣檢體較少（僅 48 人及 60 人），導致偶然造成之偏差所致。
在受檢測的十個點位中，如以 PD 值為選用 SNP 點位之指標，並以 0.5 為標準，則 SNP 4551, 4579, 4591, 4593, 4671 均具有法醫鑑識運用價值。
4. 列表比較本次研究所得各點位頻率及 Hu,1999 發表之頻率數據，其中完全符合者為 SNP 4591，差異 0.1 以上者為 SNP 4549, SNP 4592, SNP 4579, SNP 4592 及 SNP 4595，惟顯著機率均未小於 0.05。
5. 檢測 SNP 點位鹼基若以單一 PCR 反應，檢測單一鹼基，人力物力成本太高，不合經濟效益，因此研發複合式檢測法，乃為時勢所趨，本研究將 3-4551、4-4552、39-4671 三個 SNP 點位引子等比例混合，進行 PCR 及 SNP PCR，獲得 3-4551 及 39-4671 點位明確之鹼基圖譜，而 4-4552 點位卻無法判別（圖六），初步證實複合式檢測法可行，為使 SNP 檢鑑技術實際應用於鑑定案，宜再尋找適合進行複式 PCR 的點位引子及設計不同長度之 SNP 黏合引子，予以實現。
6. 運用 SNP 之 3-4551 點位應用在 9 件父子血緣關係承認案上，均無矛盾，在 11 件否認案中，排除一案（部分數據如圖五），與本點位之平均排除率（EP=0.168）稍有差距；39-4671 點位應用在 9 件父子血緣關係承認案上，均無矛盾，在 11 件否認案中，無排除案（本點位之

EP=0.138，部分數據如圖六)，兩點位均符合遺傳法則，排除率則稍低，僅為 9% (1/11)，增加偵測點位數即可以再提高排除率。

7. 對於刑事案件之證物，如血跡斑、唾液斑及骨骼等，均能以本 SNP 檢測法檢測，分析結果如表四，不受 DNA 來源之影響。
8. 將受測檢體三個之 DNA 從濃度 5ng/ul 等倍序列稀釋至 0.625ng/ul 濃度，再分別檢測 SNP 4551, 4579, 4591, 4592 等點位之峰值，依圖七、八、九、十所示，對於濃度低至 0.625ng/ul 之 DNA 尚能檢出基因型，惟基因型之峰值並不隨 DNA 濃度降低而降低，甚至有隨 DNA 濃度降低而峰值反而升高之情形，推測可能係因 DNA 濃度低，反而使得 SNP 延展引子得以充分作用所導致。

七、計畫成果自評

1. 獲得十座 SNP 點位對偶基因頻率分佈頻率數據，瞭解本地區頻率分佈數據無法以中國大陸研究所得數據取代。必須進行本土性研究，以獲得更多統計資料。
2. 依本研究所用材料與方法得以撰寫現階段 DNA SNP 鑑定標準化工作程序。

建議事項

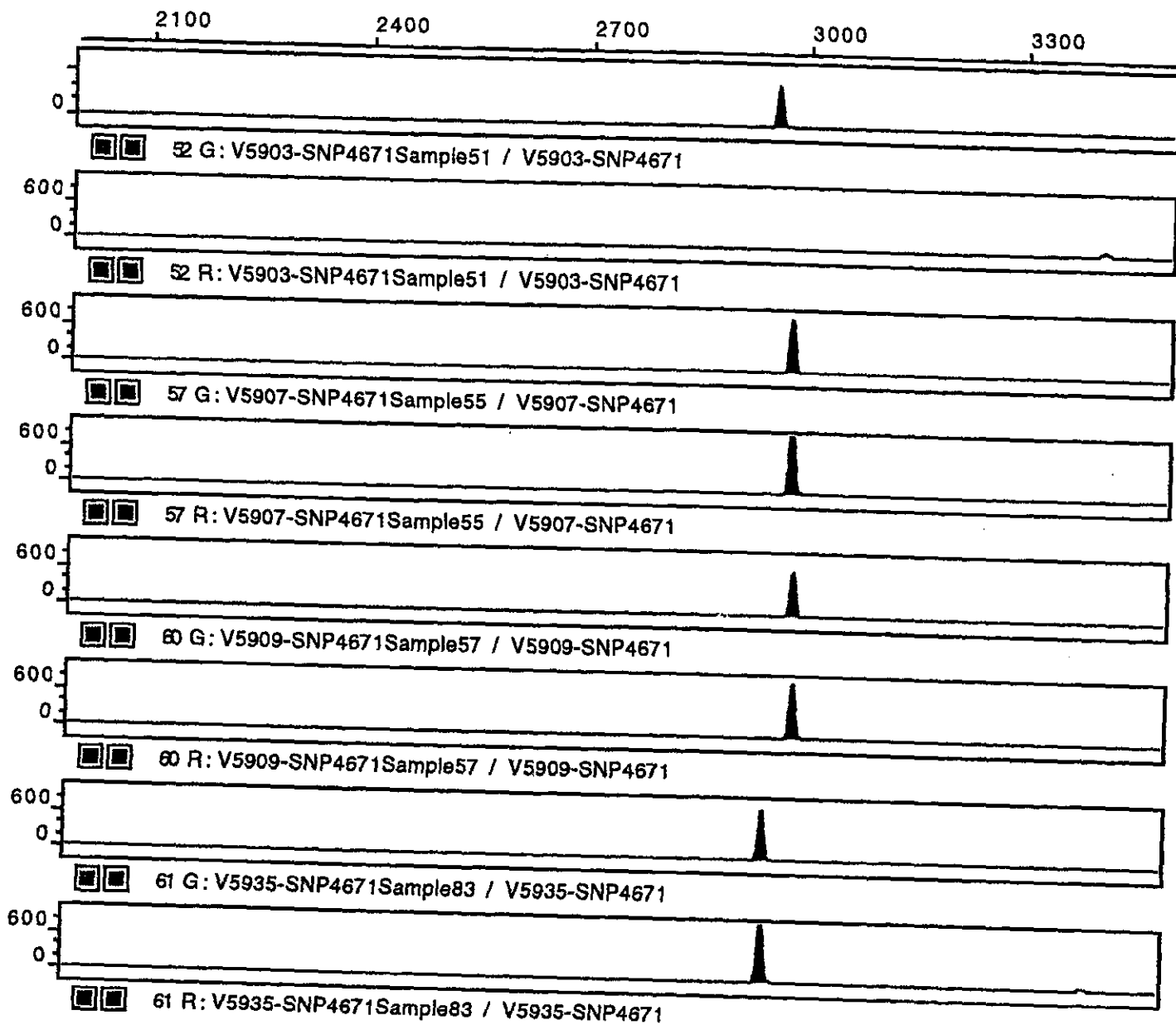
1. 建立以 ABI 310 DNA 片段自動分析儀檢測 SNP 點位之標準化工作程序。
2. 持續篩檢台灣地區區別率高而且 PCR 產物較短之 SNP 點位，為法醫鑑識 DNA 晶片化作準備。

八、參考文獻

1. Collins, F.S. et al, A DNA polymorphism discovery resource for research on human genetic variation. *Genome Res.* 8(1998) 1229-1231.
2. dbSNP, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/SNP/>, established by the National Center for Biotechnology Information, USA.
3. Brookes, A.J. et al, The essence of SNPs, *Gene* 234(1999) 177-186.
4. Pu, C.E. et al : DNA STR profiling of Chinese population in Taiwan determined by using an automated sequencer, *Forensic Science International*, 97(1998) 47-51.
5. Wang D.G. et al, *Science*, 1998, 280, 1077-1082.
6. Chee M. et al, *Science*, 1996, 274, 610-614.
7. Barbujani, G. et al, An apportionment of human DNA diversity. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 94(1997), 4516-4519.
8. R. Fisher, Standard calculations for evaluating a blood group system. *Heredity* 1951;5:95-102.
9. C. Brenner, J. Morris, Paternity index calculations in single locus hypervariable DNA probes: Validation and other studies. In *Proceedings of the International Symposium on Human Identification*, Promega Corporation, 1989, pp.21-53.

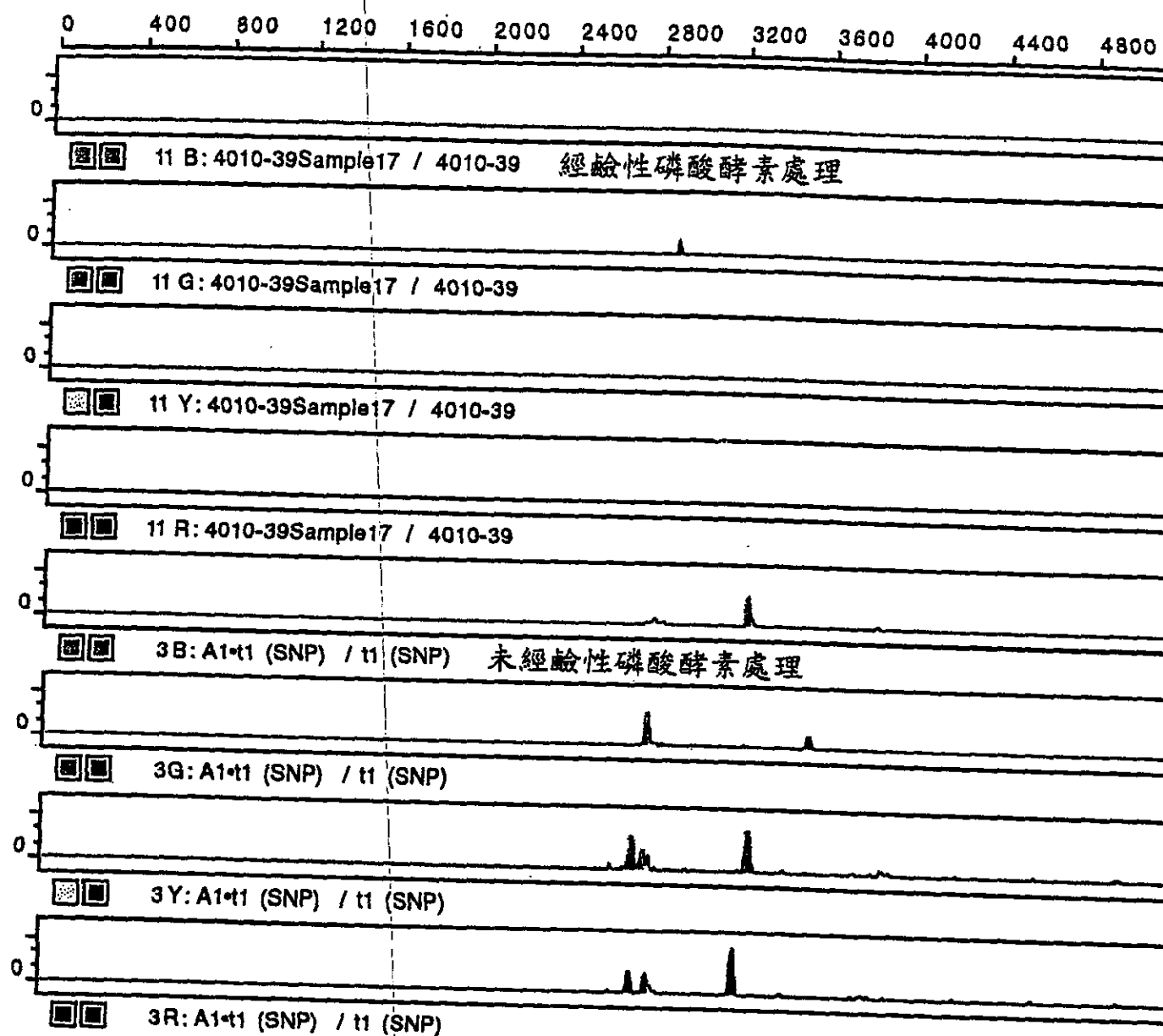
九、附圖表

圖一： SNP 多型性電泳圖譜



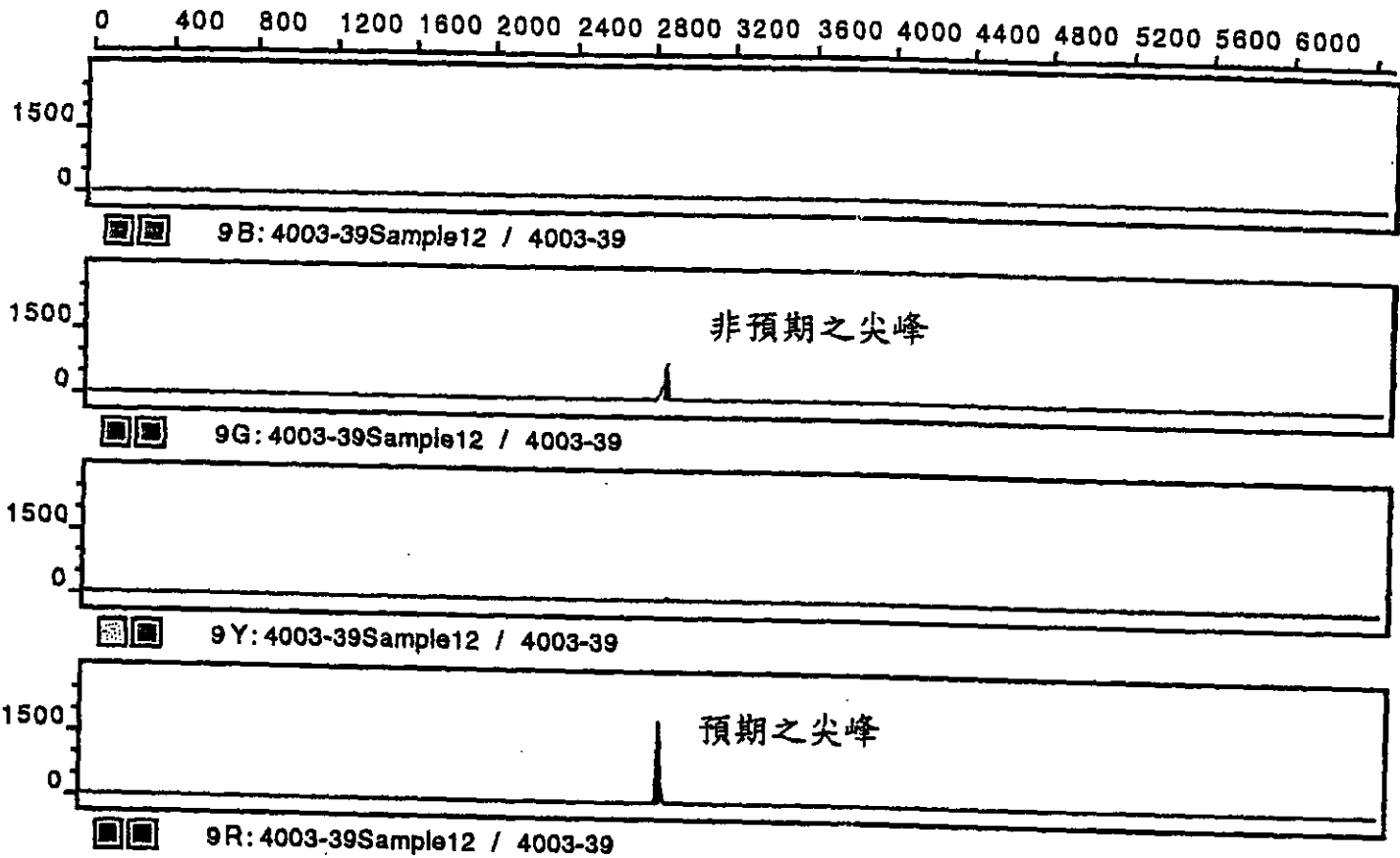
Dye/Sample Peak	Minutes	Size	Peak Height	Peak Area	Data Point
52G, 1	10.85		535	4026	2959
57G, 1	10.94		885	6681	2983
57R, 1	10.95		1090	8652	2985
60G, 1	10.97		741	5569	2990
60R, 1	10.97		901	6771	2992
61G, 1	10.84		852	6475	2954
61R, 1	10.84		1081	8361	2955

圖二： SNP 有無經驗性磷酸酵素處理之電泳比較圖



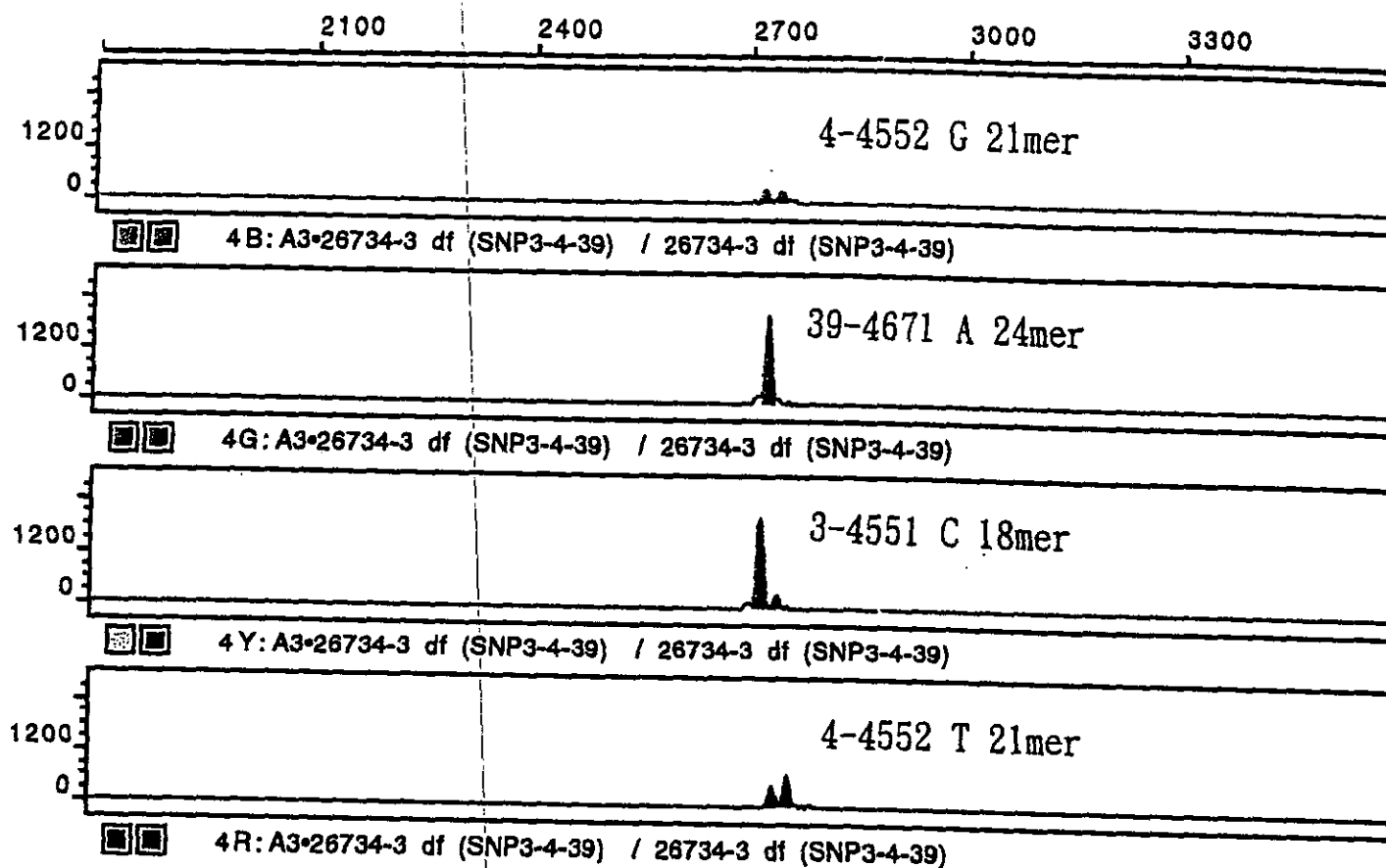
Dye/Sample Peak	Minutes	Size	Peak Height	Peak Area	Data Point
11G, 4	10.58		2102	14826	2885
3B, 31	11.84	79.59	4206	61071	3229
3G, 31	10.16	31.58	4512	54655	2770
3G, 107	12.92	112.83	1605	27322	3523
3Y, 11	9.94	25.44	4375	78460	2709
3Y, 14	10.13	30.67	2764	26487	2761
3Y, 25	11.93	82.13	5387	112171	3252
3R, 6	9.94	25.44	2974	50722	2709
3R, 10	10.22	33.29	2620	33717	2787
3R, 18	11.69	75.00	6244	95024	3187

圖三：PCR 引子殘留導致 SNP 出現非預期之電泳螢光尖峰情形



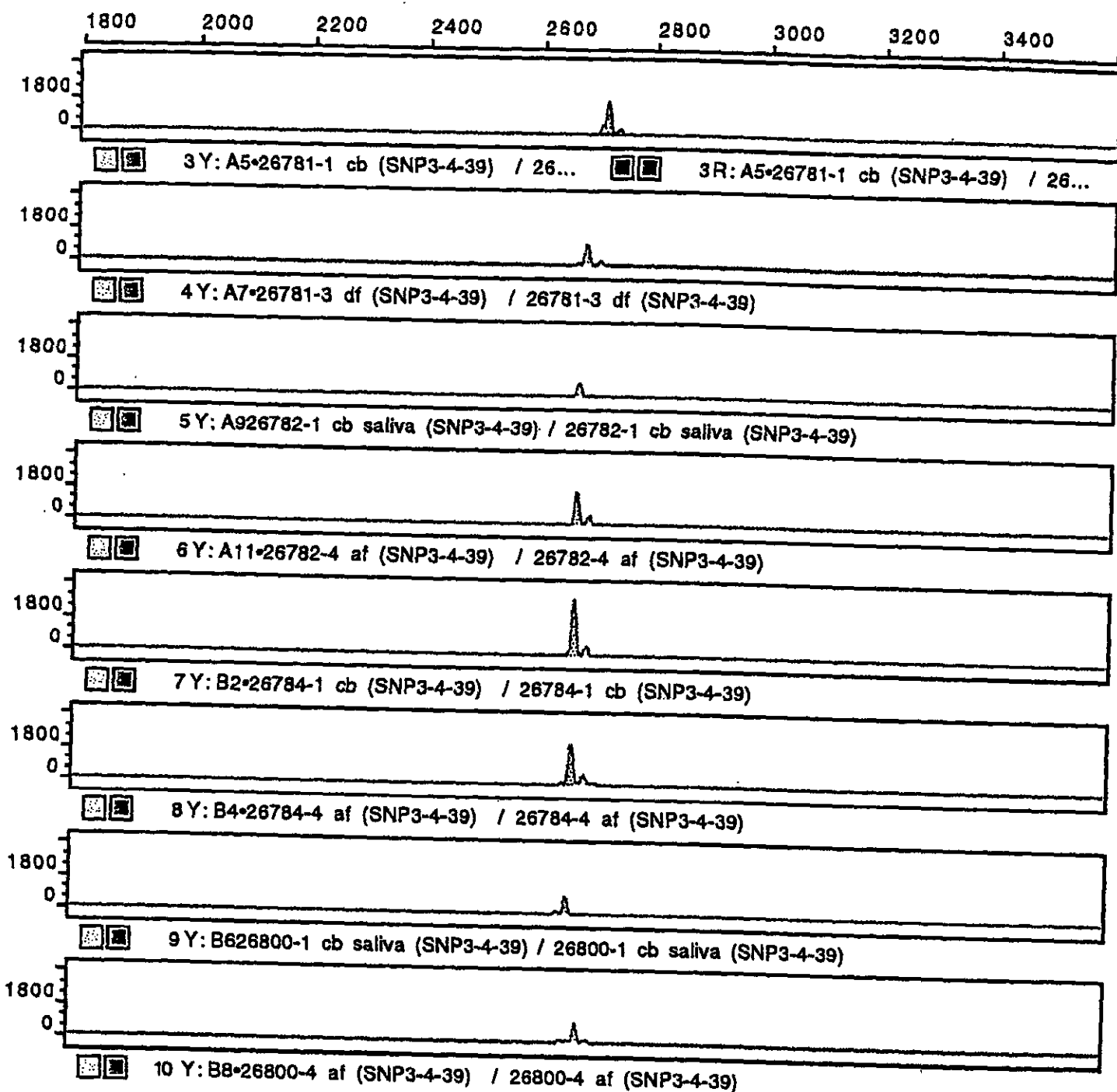
Dye/Sample Peak	Minutes	Size	Peak Height	Peak Area	Data Point
9G, 5	10.57		817	5854	2881
9R, 1	10.54		1882	14074	2874

圖四：複合式 SNP 之電泳圖譜



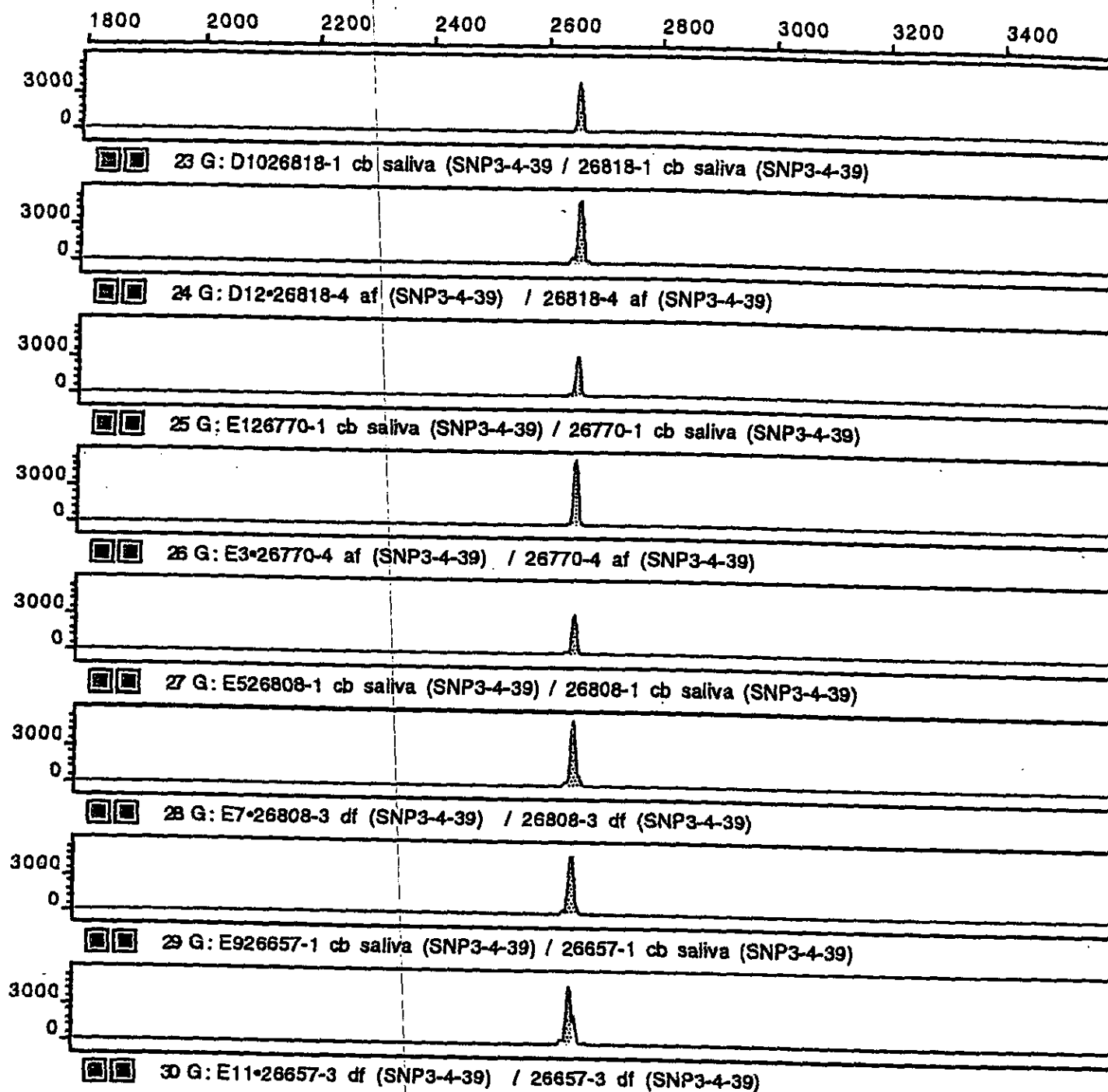
Dye/Sample Peak	Minutes	Size	Peak Height	Peak Area	Data Point
4B, 37	9.98		334	2451	2720
4B, 38	10.06		302	3555	2744
4G, 32	10.00		2130	16281	2727
4Y, 4	9.97		2121	17178	2718
4Y, 5	10.06		328	2445	2742
4R, 2	10.04		542	5912	2738
4R, 3	10.12		795	5957	2760

圖五：複合式 SNP 之 3-4551 點位電泳圖譜



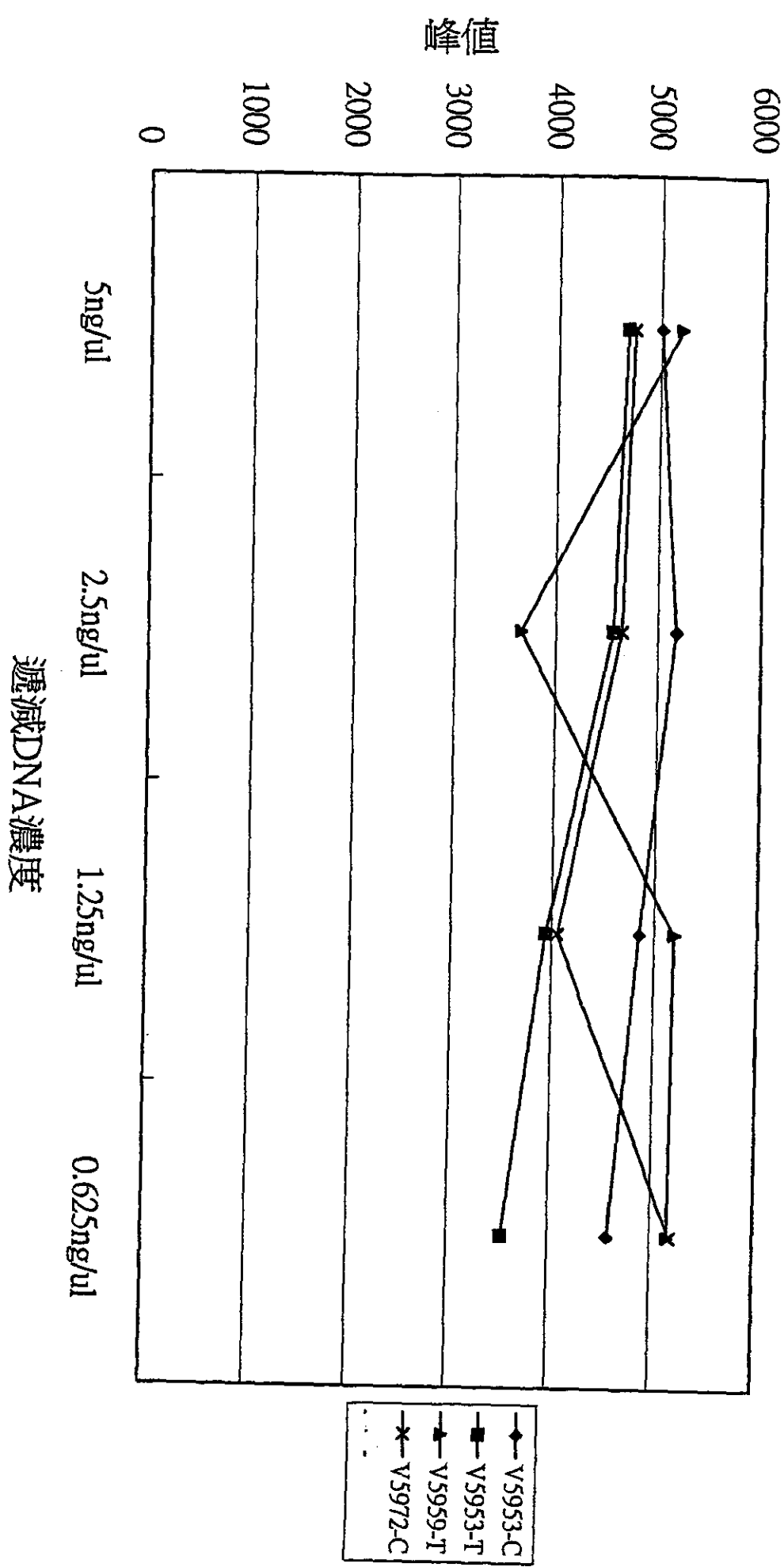
Dye/Sample Peak	Minutes	Size	Peak Height	Peak Area	Data Point
3R, 3	9.96		1792	13132	2716
4Y, 5	9.84		1159	9678	2682
5Y, 3	9.80		827	6336	2672
6Y, 3	9.79		1783	13910	2670
7Y, 3	9.79	34.83	3137	23696	2669
8Y, 4	9.79	32.74	2337	18435	2668
9Y, 2	9.77		972	7992	2663
10Y, 6	9.85		1126	8083	2684

圖六：複合式 SNP 之 39-4671 點位電泳圖譜

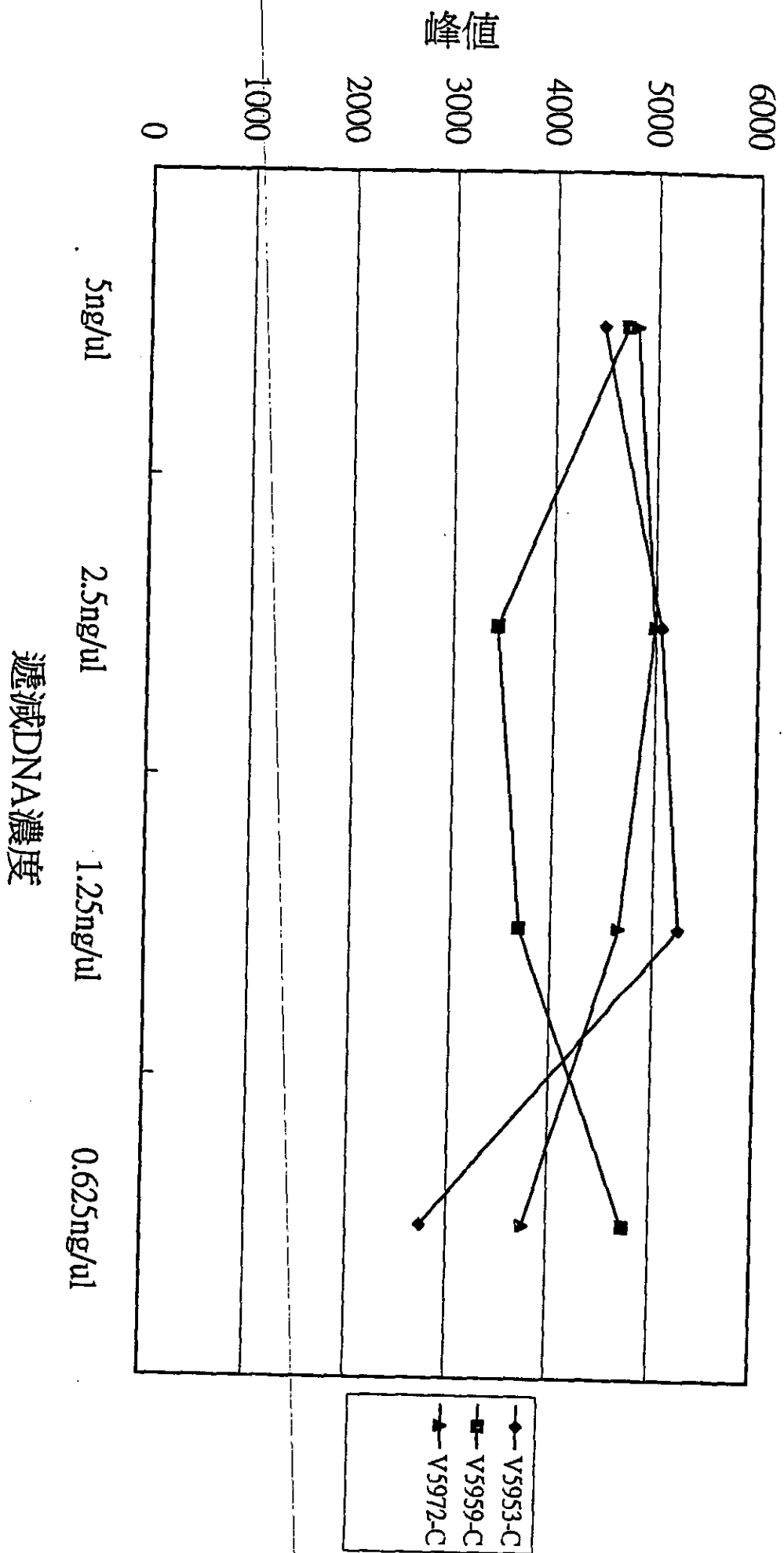


Dye/Sample Peak	Minutes	Size	Peak Height	Peak Area	Data Point
23G, 42	9.75		4069	29200	2657
24G, 38	9.76		5188	47664	2661
25G, 41	9.75		3262	25280	2659
26G, 39	9.75		5649	41043	2657
27G, 43	9.75		3259	25208	2657
28G, 42	9.75	29.11	5435	47885	2657
29G, 40	9.74		5034	47994	2656
30G, 34	9.74		4820	36100	2656

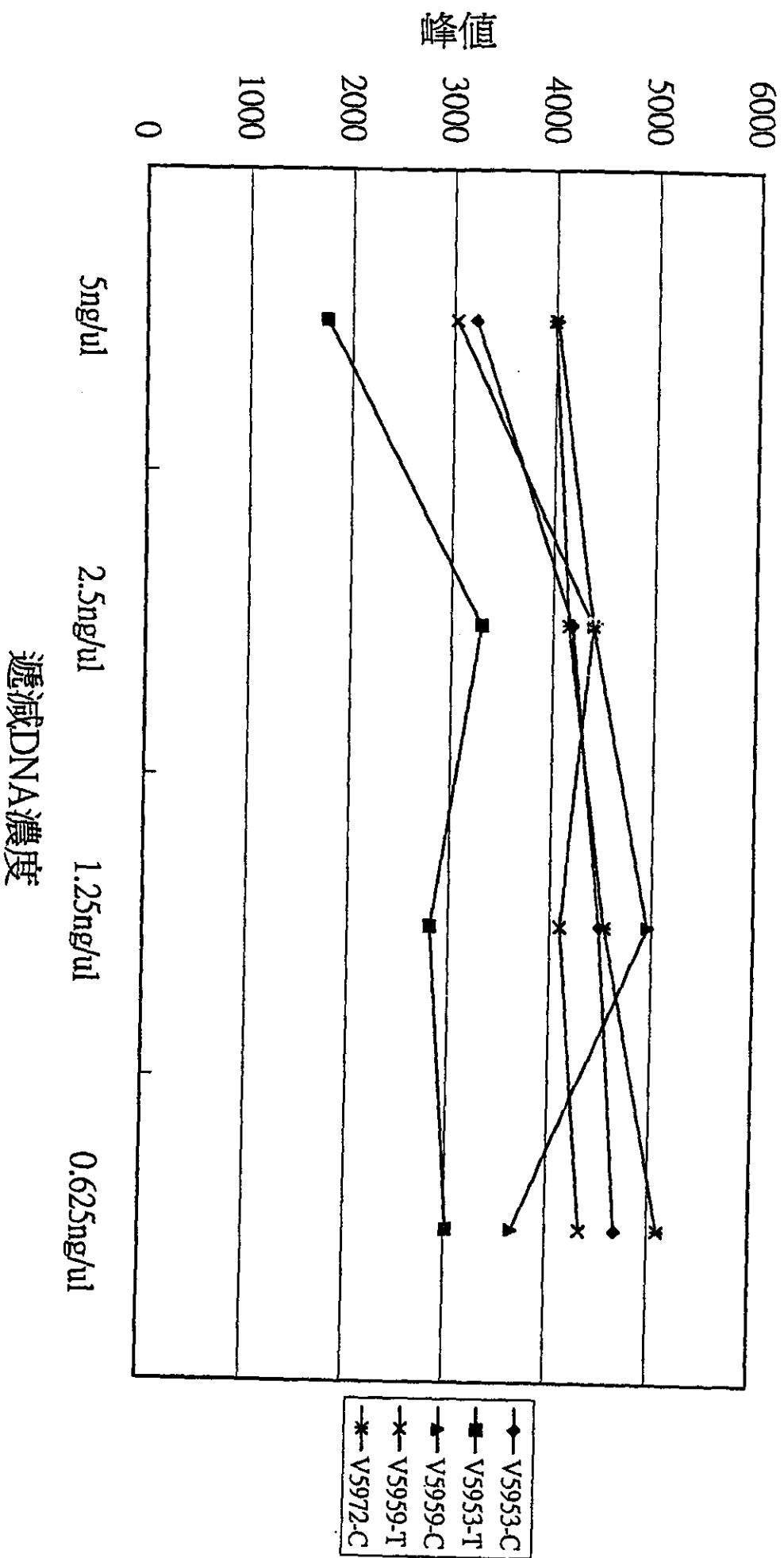
圖七 SNP 4591 濃度與峰值關係圖



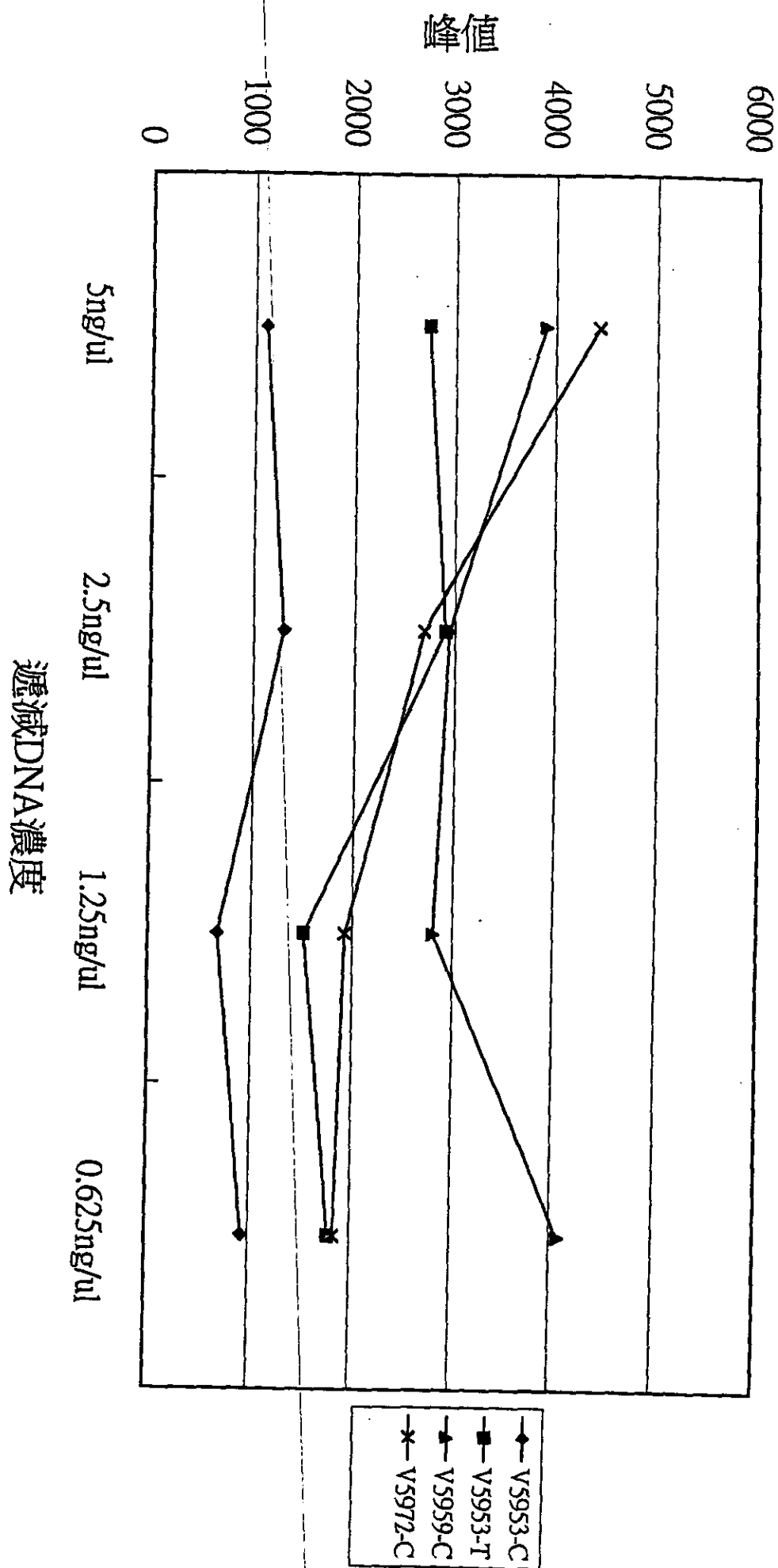
圖八 SNP 4592濃度與峰值關係圖



圖九.SNP 4551濃度與峰值關係圖



圖十 SNP 4579 濃度與峰值關係圖



表一SNP 4549,4551,4571,4572,4579,4591,4592,4593,4595及4671基因分布頻率表

點位: 4549

編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2
V5601	G	G	V5621	G	G	V5641	-	-	V5661	-	-	V5681	G	G
V5602	G	G	V5622	G	G	V5642	G	G	V5662	-	-	V5682	G	A
V5603	G	G	V5623	G	G	V5643	G	G	V5663	G	A	V5683	G	G
V5604	G	G	V5624	G	G	V5644	G	G	V5664	G	G	V5684	G	G
V5605	A	A	V5625	G	G	V5645	G	G	V5665	-	-	V5685	G	A
V5606	G	G	V5626	G	G	V5646	-	-	V5666	G	A	V5686	-	-
V5607	G	A	V5627	G	G	V5647	-	-	V5667	G	A	V5687	-	-
V5608	G	A	V5628	G	G	V5648	-	-	V5668	G	G	V5688	G	G
V5609	G	G	V5629	G	G	V5649	G	G	V5669	G	G	V5689	-	-
V5610	G	A	V5630	G	G	V5650	G	G	V5670	G	A	V5690	G	G
V5611	G	A	V5631	G	G	V5651	-	-	V5671	G	A	V5691	G	A
V5612	G	A	V5632	G	G	V5652	-	-	V5672	G	A	V5692	G	G
V5613	G	G	V5633	G	G	V5653	-	-	V5673	G	G	V5693	G	G
V5614	G	A	V5634	G	G	V5654	-	-	V5674	A	A	V5694	G	G
V5615	G	G	V5635	A	A	V5655	G	G	V5675	G	G	V5695	G	A
V5616	-	-	V5636	-	-	V5656	-	-	V5676	G	G	V5696	G	G
V5617	G	G	V5637	-	-	V5657	G	A	V5677	G	A	V5697	G	G
V5618	G	G	V5638	G	A	V5658	-	-	V5678	G	A	V5698	G	G
V5619	G	G	V5639	-	-	V5659	-	-	V5679	G	G	V5699	G	G
V5620	G	G	V5640	-	-	V5660	-	-	V5680	G	G	V5700	-	-

基因型	個數	比例	表現型 計算值	表現型 期望值	ChiTest p值
A=	26	0.1711	0.0395	0.0293	0.9974
C=	0		0.2632	0.2836	
G=	126	0.8289	0.6974	0.6872	
T=	0				
	152	1	1		

點位: 4551

編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2
V5941	T	T	V5968	T	T	V5987	T	T
V5949	C	T	V5969	C	T	V5988	T	T
V5950	T	T	V5970	T	T	V5989	C	T
V5951	C	T	V5971	T	T	V5990	T	T
V5952	C	C	V5972	C	C	V5991	C	T
V5953	C	T	V5973	T	T	V5992	C	T
V5954	C	T	V5974	T	T	V5993	C	T
V5955	C	T	V5975	T	T	V5994	C	C
V5956	C	T	V5976	T	T	V5995	C	T
V5957	T	T	V5977	C	T	V5996	T	T
V5958	T	T	V5978	T	T			
V5959	C	T	V5979	T	T			
V5960	C	T	V5980	T	T			
V5961	C	T	V5981	C	T			
V5962	C	T	V5982	C	T			
V5963	C	T	V5983	C	T			
V5965	T	T	V5984	C	T			
V5966	C	T	V5985	T	T			
V5967	C	T	V5986	T	T			

基因型	個數	比例	表現型 計算值	表現型 期望值	ChiTest p值
A=	0			0.0977	0.8541
C=	30	0.3125	0.0625	0.4297	
G=	0		0.5	0.4727	
T=	66	0.6875	0.4375		
	96	1			

點位:		4552						
編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2
V6801	T	T	V6821	T	T	V6841	T	T
V6802	T	T	V6822	T	T	V6842	T	T
V6803	T	T	V6823	T	T	V6843	T	T
V6804	T	T	V6824	T	T	V6844	T	T
V6805	T	T	V6825	T	T	V6845	T	T
V6806	T	T	V6826	T	T	V6846	T	T
V6807	T	T	V6827	T	T	V6847	T	T
V6808	T	T	V6828	T	T	V6848	T	T
V6809	T	T	V6829	T	T	V6849	T	T
V6810	T	T	V6830	T	T	V6850	T	T
V6811	T	T	V6831	T	T	V6851	T	T
V6812	T	T	V6832	T	T	V6852	T	T
V6813	T	T	V6833	T	T	V6853	T	T
V6814	T	T	V6834	T	T	V6854	T	T
V6815	T	T	V6835	T	T	V6855	T	T
V6816	T	T	V6836	T	T	V6856	T	T
V6817	T	T	V6837	T	T	V6857	T	T
V6818	T	T	V6838	T	T	V6858	T	T
V6819	T	T	V6839	T	T	V6859	T	T
V6820	T	T	V6840	T	T	V6860	T	T

基因型	個數	比例	表現型 計算值	表現型 期望值	ChiTest p值
A=	0		1	1	1
C=	0				
G=	0				
T=	120	1			
	120	1			

點位:		4571													
編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	
V5601	T	T	V5621	T	T	V5641	-	-	V5661	-	-	V5681	T	T	
V5602	T	T	V5622	T	T	V5642	T	T	V5662	-	-	V5682	G	T	
V5603	T	T	V5623	T	T	V5643	T	T	V5663	-	-	V5683	T	T	
V5604	T	T	V5624	T	T	V5644	T	T	V5664	-	-	V5684	T	T	
V5605	G	G	V5625	T	T	V5645	T	T	V5665	-	-	V5685	G	T	
V5606	T	T	V5626	T	T	V5646	-	-	V5666	G	T	V5686	-	-	
V5607	G	T	V5627	T	T	V5647	-	-	V5667	G	T	V5687	-	-	
V5608	G	T	V5628	T	T	V5648	-	-	V5668	T	T	V5688	T	T	
V5609	T	T	V5629	T	T	V5649	T	T	V5669	T	T	V5689	-	-	
V5610	G	T	V5630	T	T	V5650	T	T	V5670	G	T	V5690	T	T	
V5611	G	T	V5631	T	T	V5651	-	-	V5671	G	T	V5691	G	T	
V5612	G	T	V5632	T	T	V5652	-	-	V5672	G	T	V5692	T	T	
V5613	T	T	V5633	T	T	V5653	-	-	V5673	T	T	V5693	T	T	
V5614	G	T	V5634	T	T	V5654	-	-	V5674	G	G	V5694	T	T	
V5615	T	T	V5635	G	G	V5655	T	T	V5675	T	T	V5695	G	T	
V5616	T	T	V5636	-	-	V5656	-	-	V5676	T	T	V5696	T	T	
V5617	T	T	V5637	-	-	V5657	-	-	V5677	G	T	V5697	T	T	
V5618	T	T	V5638	G	T	V5658	-	-	V5678	G	T	V5698	T	T	
V5619	T	T	V5639	-	-	V5659	-	-	V5679	T	T	V5699	T	T	
V5620	T	T	V5640	-	-	V5660	-	-	V5680	T	T	V5700	-	-	

基因型	個數	比例	表現型 計算值	表現型 期望值	ChiTest p值
A=	0		0.0203	0.0263	0.9422
C=	0		0.1216	0.2717	
G=	24	0.1622	0.8581	0.702	
T=	124	0.8378			
	148	1	1		

點位: 4572

編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2
V5901	C	C	V5921	C	C	V5941	C	C
V5902	C	C	V5922	C	C	V5942	C	C
V5903	C	T	V5923	C	C	V5943	C	C
V5904	C	C	V5924	C	C	V5944	C	C
V5905	C	C	V5925	C	T	V5945	C	C
V5906	C	C	V5926	C	C	V5946	C	T
V5907	C	C	V5927	C	C	V5947	-	-
V5908	C	C	V5928	C	C	V5948	C	C
V5909	C	C	V5929	C	C			
V5910	C	C	V5930	C	C			
V5911	C	T	V5931	C	C			
V5912	C	C	V5932	C	C			
V5913	C	C	V5933	C	C			
V5914	C	C	V5934	C	C			
V5915	C	C	V5935	C	C			
V5916	C	C	V5936	C	C			
V5917	C	C	V5937	C	C			
V5918	C	T	V5938	C	C			
V5919	C	C	V5939	C	C			
V5920	C	C	V5940	C	C			

基因型	個數	比例	表現型 計算值	表現型 期望值	ChiTest p值
A=	0		0	0.0028	0.9984
C=	89	0.9468	0.1064	0.1007	
G=	0		0.8936	0.8964	
T=	5	0.0532			
	94	1	1		

點位: 4579

編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2
V5901	C	T	V5921	C	T	V5941	C	C	V5961	T	T	V5981	T	T
V5902	T	T	V5922	C	C	V5942	C	C	V5962	C	C	V5982	C	T
V5903	C	T	V5923	C	T	V5943	C	T	V5963	T	T	V5983	C	T
V5904	C	T	V5924	C	C	V5944	C	T	V5964	C	T	V5984	C	C
V5905	C	C	V5925	T	T	V5945	T	T	V5965	C	C	V5985	C	C
V5906	C	C	V5926	T	T	V5946	C	C	V5966	T	T	V5986	T	T
V5907	C	C	V5927	C	C	V5947	C	T	V5967	C	C	V5987	C	T
V5908	T	T	V5928	C	T	V5948	T	T	V5968	C	T	V5988	T	T
V5909	C	T	V5929	C	T	V5949	C	C	V5969	T	T	V5989	C	T
V5910	C	C	V5930	C	C	V5950	C	T	V5970	C	T	V5990	C	C
V5911	C	T	V5931	C	C	V5951	C	T	V5971	C	C	V5991	T	T
V5912	C	T	V5932	C	C	V5952	C	T	V5972	C	C	V5992	C	T
V5913	C	T	V5933	C	T	V5953	C	T	V5973	T	T	V5993	C	T
V5914	T	T	V5934	C	C	V5954	C	T	V5974	T	T	V5994	C	C
V5915	C	T	V5935	C	C	V5955	C	T	V5975	C	T	V5995	C	T
V5916	C	C	V5936	C	T	V5956	C	C	V5976	T	T	V5996	-	-
V5917	C	C	V5937	C	C	V5957	C	T	V5977	T	T	V5997	-	-
V5918	C	C	V5938	C	T	V5958	C	T	V5978	T	T	V5998	-	-
V5919	C	T	V5939	C	T	V5959	C	C	V5979	C	T	V5999	-	-
V5920	C	C	V5940	C	T	V5960	T	T	V5980	C	T	V6000	-	-

基因型	個數	比例	表現型 計算值	表現型 期望值	ChiTest p值
A=	0		0.1105	0.1955	0.7286
C=	106	0.5579	0.2105	0.4933	
G=	0		0.6789	0.3112	
T=	84	0.4421			
	190	1	1		

點位:		4591						
編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2
V5949	C	T	V5968	T	T	V5987	T	T
V5950	T	T	V5969	C	T	V5988	C	T
V5951	T	T	V5970	T	T	V5989	C	C
V5952	T	T	V5971	C	T	V5990	T	T
V5953	C	T	V5972	C	C	V5991	C	T
V5954	T	T	V5973	C	T	V5992	T	T
V5955	T	T	V5974	C	T	V5993	T	T
V5956	T	T	V5975	C	T	V5994	C	C
V5957	T	T	V5976	T	T	V5995	T	T
V5958	T	T	V5977	T	T	V5996	T	T
V5959	T	T	V5978	T	T			
V5960	T	T	V5979	C	T			
V5961	T	T	V5980	T	T			
V5962	T	T	V5981	T	T			
V5963	C	T	V5982	T	T			
V5964	C	T	V5983	C	T			
V5965	T	T	V5984	T	T			
V5966	T	T	V5985	T	T			
V5967	T	T	V5986	C	T			

基因型	個數	比例	表現型 計算值	表現型 期望值	ChiTest p值
A=	0		0.0625	0.0434	0.9933
C=	20	0.2083	0.2917	0.3299	
G=	0		0.6458	0.6267	
T=	76	0.7917			
	96	1	1		

點位:		4592						
編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2
V5949	C	C	V5969	C	C	V5989	C	C
V5950	C	C	V5970	C	C	V5990	C	C
V5951	C	C	V5971	C	C	V5991	C	C
V5952	C	C	V5972	C	C	V5992	C	C
V5953	C	C	V5973	C	C	V5993	C	C
V5954	C	C	V5974	C	C	V5994	C	C
V5955	C	C	V5975	C	C	V5995	C	C
V5956	C	C	V5976	C	C	V5996	C	C
V5957	C	C	V5977	C	C			
V5958	C	C	V5978	C	C			
V5959	C	C	V5979	C	C			
V5960	C	C	V5980	C	C			
V5961	C	C	V5981	C	C			
V5962	C	C	V5982	C	C			
V5963	C	C	V5983	C	C			
V5964	C	C	V5984	C	C			
V5965	C	C	V5985	C	C			
V5966	C	C	V5986	C	C			
V5967	C	C	V5987	C	C			
V5968	C	C	V5988	C	C			

基因型	個數	比例	表現型 計算值	表現型 期望值	ChiTest p值
A=	0		1	1	1
C=	96	1			
G=	0				
T=	0				
	96	1			

點位: 4593

編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2
V6801	C	T	V6820	C	C	V6839	C	C
V6802	C	T	V6821	C	C	V6840	C	T
V6803	C	C	V6822	C	C	V6841	T	T
V6804	T	T	V6823	C	T	V6842	C	T
V6805	C	T	V6824	C	T	V6843	C	C
V6806	T	T	V6825	C	T	V6844	T	T
V6807	T	T	V6826	C	T	V6845	T	T
V6808	C	T	V6827	C	C	V6846	C	T
V6809	C	T	V6828	C	T	V6847	C	C
V6810	C	T	V6829	C	C	V6848	T	T
V6811	C	C	V6830	C	C			
V6812	C	T	V6831	T	T			
V6813	C	T	V6832	C	T			
V6814	C	T	V6833	C	T			
V6815	C	T	V6834	C	T			
V6816	C	T	V6835	C	T			
V6817	C	T	V6836	C	T			
V6818	C	T	V6837	T	T			
V6819	C	C	V6838	C	C			

基因型	個數	比例	表現型 計算值	表現型 期望值	ChiTest p值
A=	0		0.1458	0.2101	0.9873
C=	52	0.5417	0.5417	0.4965	
G=	0		0.2708	0.2934	
T=	44	0.4583			
	96	1	0.9583		

點位: 4671

編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2	編號	基因1	基因2
V5901	T	T	V5921	A	A	V5941	A	A
V5902	T	T	V5922	A	T	V5942	A	A
V5903	A	A	V5923	T	T	V5943	A	T
V5904	A	A	V5924	A	A	V5944	A	T
V5905	A	T	V5925	A	A	V5945	A	T
V5906	A	A	V5926	A	A	V5946	A	A
V5907	A	T	V5927	A	A	V5947	A	A
V5908	A	A	V5928	A	A	V5948	A	A
V5909	A	T	V5929	T	T			
V5910	A	A	V5930	A	A			
V5911	A	T	V5931	A	T			
V5912	A	A	V5932	A	A			
V5913	A	A	V5933	A	A			
V5914	A	A	V5934	A	A			
V5915	A	T	V5935	A	T			
V5916	A	A	V5936	A	A			
V5917	A	A	V5937	A	A			
V5918	A	A	V5938	A	A			
V5919	A	T	V5939	A	A			
V5920	A	A	V5940	A	A			

基因型	個數	比例	表現型 計算值	表現型 期望值	ChiTest p值
A=	76	0.7917	0.0833	0.0434	0.9711
C=	0		0.25	0.3299	
G=	0		0.6667	0.6267	
T=	20	0.2083			
	96	1	1		

表二 SNP 點位頻率分布及法醫檢驗相關數據表

NCBI code	SNP 4549	SNP 4551	SNP 4552	SNP 4571	SNP 4572
N	152	96	120	148	94
A	0.17	-	-	-	-
C	-	0.31	-	-	0.95
G	0.83	-	-	0.16	-
T	-	0.69	1.00	0.84	0.05
Het	0.282	0.438	0	0.269	0.095
PD	0.445	0.581	0	0.429	0.176
MEP	0.121	0.168	0	0.116	0.045
NCBI code	SNP 4579	SNP 4591	SNP 4592	SNP 4593	SNP 4671
N	170	96	96	96	96
A	-	-	-	-	0.79
C	0.5484	0.21	1.00	0.54	-
G	-	-	-	-	-
T	0.4516	0.79	-	0.46	0.21
Het	0.459	0.332	0	0.506	0.332
PD	0.633	0.498	0	0.638	0.498
MEP	0.183	0.138	0	0.188	0.138

*Het(observed heterozygosity), PD(power of discrimination), EP(exclusion probability),
 N: Number of Chromosome.
 *'-' 表示未發現此種對偶基因。

表三 SNP 點位頻率分布比較表

NCBI code	Allele distribution 本次研究	N	Allele distribution Hu(1999)	N	比較	P 值
4549	A = 0.17 / G = 0.83	152	A = 0.50 / G = 0.50	4,000	0.33	0.509
4551	C = 0.31 / T = 0.69	96	C = 0.33 / T = 0.67	4,000	0.02	0.966
4552	C = 0.00 / T = 1.00	120	G = 0.40 / T = 0.60	4,000	0.40	0.414
4571	G = 0.16 / T = 0.84	96	G = 0.50 / T = 0.50	4,000	0.34	0.497
4572	C = 0.95 / T = 0.05	94	C = 0.83 / T = 0.17	4,000	0.12	0.749
4579	C = 0.55 / T = 0.45	190	C = 0.45 / T = 0.55	4,000	0.11	0.840
4591	C = 0.21 / T = 0.79	96	C = 0.21 / T = 0.79	4,000	0	1.000
4592	A = 0.00 / C = 1.00	96	A = 0.71 / C = 0.29	4,000	0.71	0.118
4593	C = 0.54 / T = 0.45	96	C = 0.56 / T = 0.44	4,000	0.02	0.988
4671	A = 0.79 / T = 0.21	96	A = 0.75 / T = 0.25	4,000	0.04	0.926

N= No. of chromosome

表四 刑事證物 SNP 點位檢出情形表

證物種類	SNP 4551	SNP 4591
肋骨	T: 5156	T: 5133
唾液	C: 4729, T: 4194	C: 5047, T: 4763
血跡	T: 3209	T: 4836

註：DNA 濃度為 5ng/ul。

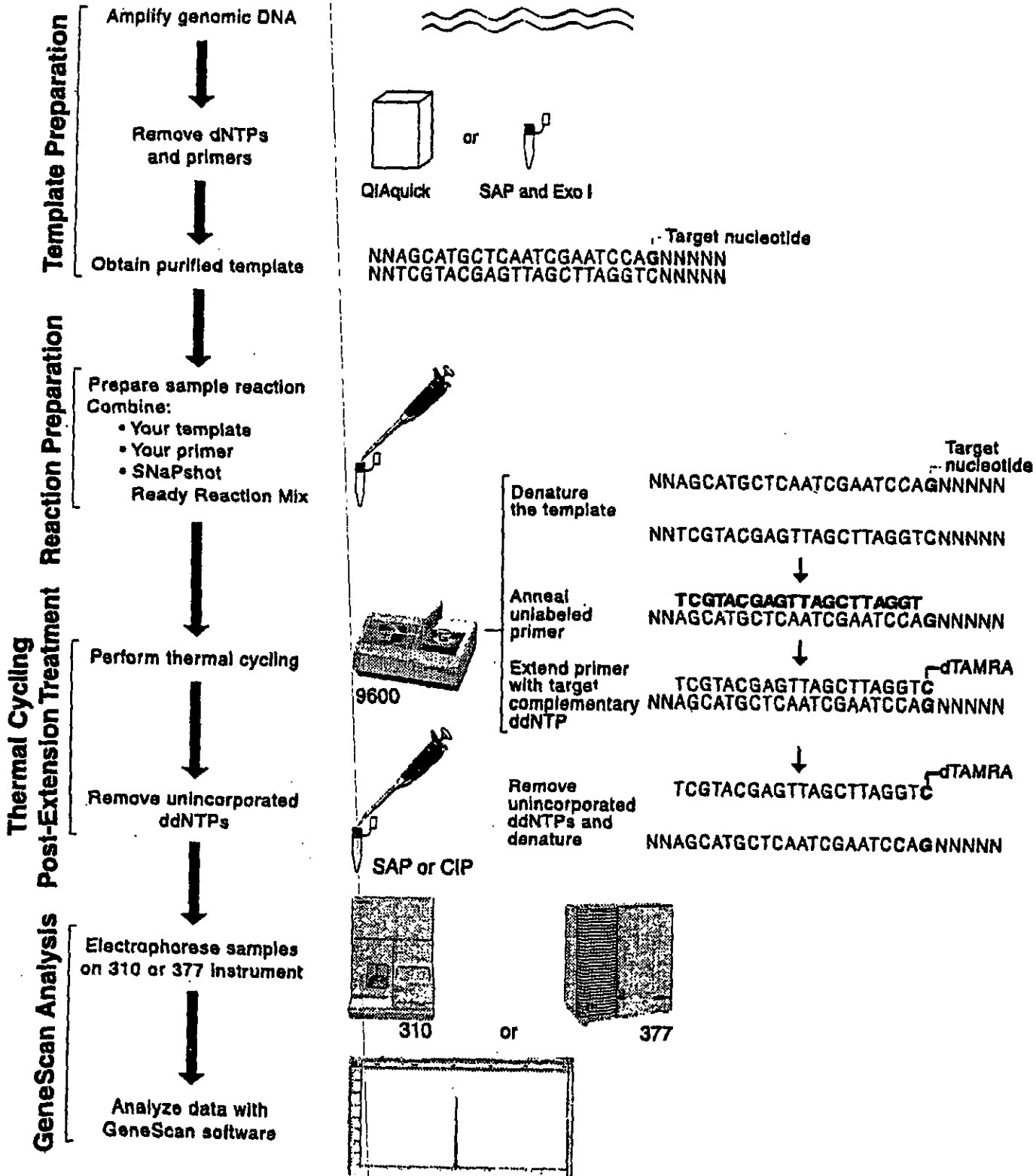
十、其他（附錄）

1. 本研究所使用十個 SNP 點位，DNA 長度、引子資料及 DNA 片段序列會整表。
2. Overview of the Procedure of ABI Priism SnaPshot ddNTP Primer Extension Kit.
3. NCBI Assay ID 4549 原始資料。

本研究所使用十個 SNP 點位，DNA 長度、引子資料及 DNA 片段序列會整表。

NCBI code	Length	Forward Primer	Backward Primer	Sequences	Allele distribution
4549	208	TTACCTT CCA AACCAGG CC	CCCTAAA GAA GGGATGC TGA	[ttaccttccaaaccaggcc]actttggagaaagaaagagaatgc tattaatcaataagccaagacaataggactcctggggtagaccaa gatgggcagtcaccatacaccatcattcctgccacagaacctttgc acatgctgccctccctactccgcactcacctgtctaattgggacct gaagct[tcagcatcccttctt taggg]	Allele: A = 0.5 / G = 0.5
4552	193	ACAACAT GTGAAAG AAGATAT GTTG	CAGCAGC ATAGCAG ATGAGTG	acaacatgtgaaagaagatatgtgtcttactcacagtggaggca ttttctagctgtgttgatt[G/T]ggcttccctatagattcaggac ccataactctgttctcactcatctgctatgctgctg	Allele: G = 0.4 / T = 0.6
4551	150	AAGAAA AGCACAT ACATTC CAG	AGTTGTC CGGAATC CCTCC	[aagaaaagcacatacattccag]aattttgaaaagttcactctg cagcagctgaatggcagatggctctgcgatgagttccttctcgtt aagtgtggatatac[T/C]tggcttgcaccggacacctttac[g gaggattccggacaact]	C = 0.33 / T = 0.67
4571	208	TTACCTT CCAAACC AGGCC	CCCTAAA GAAGGG ATGCTGA	[ttaccttccaaaccaggcc]actttggagaaag[T/G]aagaga atgctattaatcaataagccaagacaatagggactacctggggtg gaccaagatgggcagtcaccatacaccatcattcctgccacagaa cctttgcacatgctgccctccctactccgcactcacctgtctaattg ggacctgaagct[tcagcatcccttctttaggg]	G = 0.5 / T = 0.5
4572	205	TGACACA GCATCAA TTTCATG A	CCCTGAG AGCTCCG AAGG	[tgacacagcatcaattcatga]atactttgaaagggccattagaa aaaataagagccaatttgggtcatttgagaaacatttccagcacaat tacagtgggggcacgggcccgttcggctccagctgggtttccca gatgcaacaat[C/T]gcggttctgcttctccactggtggggat ggggatcgcg[ccctcggagctctcagg]	C = 0.83 / T = 0.17
4579	150	AAGAAA AGCACAT ACATTC CAG	AGTTGTC CGGAATC CCTCC	[aagaaaagcacatacattccag]aattttgaaaagttcactctg cagcagctgaatggcagatggctctgcgatgagttccttctcgtt aagtgtggatatacttggcttgac[T/C]ggacacctttac[g gaggattccggacaact]	C = 0.45 / T = 0.55
4591	154	GAGCAGA AGGCAAG AGCG	GCCAAAT TTTGTTG AATGAAT G	[gagcagaaggcaagagcg]gcaagatgagtttgagcgttgat tccaaaggcctcatctggagcctcgggaaagtctggtcc[T/C] acatctgcccgccctccagccctcccagccctcctctgtttc tt[catcattcaacaaaattggc]	C = 0.21 / T = 0.79
4592	154	GAGCAGA AGGCAAG AGCG	GCCAAAT TTTGTTG AATGAAT G	t[gagcagaaggcaagagcg]gcaagatgagtttgagcgttgat ttccaaaggcctcat[A/C]tggagcctcgggaaagtctggtcct acatctgcccgccctccagccctcccagccctcctctgtttc tt[catcattcaacaaaattggc]tgg	A = 0.71 / C = 0.29
4593	175	ATGCCCT ATGGTTC TTGTAAG G	TACCCAC TGTGAGG TAGAATG G	[atgccctatggttcttgaagg]atgtttctcatagaaatcacggat ag[C/T]atcaccagcttacagccactatctacagaatttaca tggaacctacagcctcattagaaaaacttagcatgcaatttcata aagaaattaatgaatgat[ccattctacctcacagtgggta]	C = 0.56 / T = 0.44
4671	223	AAACACA CAGAATC ATCAAAG C	GTGGAAA CCAAAAC TGTTCA	[aaacacacagaatcatcaaagc]ac[A/T]atctgtgtttgagat aatgatagtctgagtcacctatgtaagaagtaactctgaaatagta ggatagtattatcatttctgtaatagattcacctctcageaattggtc tgtttcattctatggaaactctccgactgtaatttcattctatggaa actccccatactgtaat[tggacagttttggtttccac]	A = 0.75 / T = 0.25

Overview of the Procedure





[SNP Record](#)

SNP Details

[Cancel](#)

[SNP Home](#)

[dbSNP](#)

[Summary](#)

[How To](#)

[Submit](#)

[Genome](#)

[SNP RFA](#)

[FAQ](#)

[RefSNP](#)

[Summary](#)

[Info](#)

[FTP](#)

[SERVER](#)

[Database](#)

[Schema](#)

[Blast SNP](#)

[Submission](#)

[Form](#)

[Search](#)

[Main Search](#)

[By Submitter](#)

[New Batches](#)

[Method](#)

[Population](#)

[Publication](#)

[By Gene](#)

[Name](#)

[Chromosome](#)

[Report](#)

SNP:

Handle|local_snp_id: HU-CHINA | 22-1706-2
NCBI Assay Id(ss#): 4549
Reference SNP Id(rs#): 4242

STS:

Handle|local_STS_Id: HU-CHINA|
STS Accession: G43204
ID_gi: 4192121

Map Information:

Organism: Homo sapiens
dbSTS:
Gene Symbol:
Gene Name:
dbSNP:
Gene Name:
Chromosome: 22
map: 19.80 cR from top of Chr22 linkage group

Contact Information:

Submitted by: Thomas Hudson
Email: thudson@genome.wi.mit.edu

Citation:

PMID: 98248615
Title: Large-scale identification, mapping, and genotyping of polymorphisms in the human genome
Author: Wang, D.G.; Fan, J.B.; Siao, C.J.; Berno, A.; Young, P.; Sapolsky, R.; Ghandour, G.; Fe-utz, R.; Chee, M.; Lander, E.S.
Year: 1998
Status: published

Clone Information:

Clone id: ----

DNA type: cDNA

PCR METHODS

Protocol: WI-STS
Template: 10 ng
Primer: each 5 pM
dNTPs: 4 nM
Taq Polymerase: 0.5 U
Total Vol: 20 uL

Buffer: WI-STS
Mg2+: 1.5 mM
KCl: 50 mM
Tris-HCl: 10 mM
Gelatin: .001 %

PCR_profile:

size: 208
Presoak: 94 degrees C for 4.00 minutes
Denaturation: 94 degrees C for 50.0 seconds
Annealing: 58 degrees C for 1.50 minutes
Polymerization: 72 degrees C for 1.00 minutes
PCR Cycles: 30

Thermal Cycler: custom built by IAS, Costar, Cambridge MA

ForwardPrimer: TTACCTTCCA AACCAGGCC
BackwardPrimer: CCCTAAGAA GGGATGCTGA
Primer ACC: H52172

SEQUENCE:

(Highlighted are alleles and primers.)

[ttaccttcc aaaccaggcc]actttggag aaagnaagag aatgctatta atcaataagc
caagacaata gggact[G/A]cctggggta gaccaagatg ggcagtcacc atacaccatc
attcctgcc acaaaccttt gcacatgctg cctccctac tccgcactca cctgtctaat
tgggacctga agct[tcagc atcccctctt taggg]

From SNP Database:

Submitter Handle: HU-CHINA
Submitter Batch ID: 3/99
Release Date: Mar 15 1999 5:27PM
Molecular type: Genomic
No. of Chromosomes sampled: Not available-Origin Publication
Synonym defined:
Organism: Homo sapiens
Submitter Method ID: DGGE
Citation:
Human Genomic Diversity Between Ethnic Populations

[View citation details](#)

NCBI Assay ID: 4549
Submitter SNP ID: 22-1706-2
Synonyms:
LOCUSID: Not available
Submitter STS ID:
STS Accession: G43204
GenBank Accession:
Length: 126

Flanking Sequence Information:

5' Assay: ACTTTGGAGA AAGGAAGAGA ATGCTATTAA TCAATAAGCC AGGACAATAG GGAC

Observed: G/A

3' Flank: CCTGGGGTAG ACCAAGATGG GCAGTCACCA TACTCTCTG CCACAGAACC TTTG
CTGCCCTCCC

Allele Frequency Information:

POP Batch Id: 3/99:

Submitter Handle: HU-CHINA
Submitter Method ID: DGGE

Handle|PopulationID: HU-CHINA|Han
No. of Chromosomes Sampled: 4000

Allele: A = 0.5 / G = 0.5

Handle|PopulationID: HU-CHINA|Cau
No. of Chromosomes Sampled: 460

Allele: A = 0.5 / G = 0.5

法務部法醫研究所專題研究計畫期末報告審查表

計畫名稱			計畫編號	
執行機關			計畫主持人	
<p>審查意見：</p> <p>一、是否達成預期目標</p> <p>是 <input type="checkbox"/> 否 <input type="checkbox"/>：原因</p> <p>二、報告之組織條理（研究架構及方法）是否適當</p> <p>極優 <input type="checkbox"/> 優 <input type="checkbox"/> 可 <input type="checkbox"/> 尚可 <input type="checkbox"/> 差 <input type="checkbox"/></p> <p>三、資料分析是否正確妥當</p> <p>極優 <input type="checkbox"/> 優 <input type="checkbox"/> 可 <input type="checkbox"/> 尚可 <input type="checkbox"/> 差 <input type="checkbox"/></p> <p>四、所提建議及報告之結論對本所是否具有參考價值</p> <p>極具 <input type="checkbox"/> 有 <input type="checkbox"/> 尚可 <input type="checkbox"/> 無 <input type="checkbox"/> 參考價值</p> <p>五、建立之分析方法及研究結論對本所是否具有應用價值</p> <p>極具 <input type="checkbox"/> 有 <input type="checkbox"/> 尚可 <input type="checkbox"/> 無 <input type="checkbox"/> 應用價值</p> <p>六、總評</p>				
審查人簽章		日期		

格式廿六

（篇幅不足，請自行複製使用）

第 頁