



RRPG89060084 (28.P)

法務部法醫研究所 八十九年度委託專題研究計畫期末報告書

計畫編號：IFM89-B009

計畫名稱	中文 Y 染色體 STR 序列與型別分析及法醫檢驗應用之研究
	英文 Study on Y-chromosomal STRs sequencing and genotypes, and application in forensic science.

執行機關： 法務部調查局

計畫主持人： 吳 芳 親

E-MAIL 信箱 wfcank@ms35.hinet.net

連絡電話： (02)2911-2241 轉 3742 傳真號碼 (02)2913-8599

執行期限： 八十八年七月一日至八十九年十二月三十一日

計畫名稱：Y 染色體 STR 序列與型別分析及法醫檢驗應用之研究

目 錄	頁 碼
一、目錄	(1)
二、計畫中文摘要	(2)
三、計畫英文摘要	(3)
四、計畫緣由、目的	(4)
五、研究方法	(5)
六、研究結果與討論	(6)
七、計畫成果自評	(8)
八、參考文獻	(9)
九、附圖表	(10)
十、其他 (法務部法醫研究所專題研究計畫期末報告審查表)	(47)

共 47 頁

二、計畫中文摘要

生殖過程中，Y 染色體由父親直接遺傳給兒子，Y 染色體之遺傳因子不與母親之遺傳因子重組，故同一父系所生男性後代均具有相同之基因型別，故在父系遺傳鑑定上 Y 染色體成為分析之利器，可運用於確認父已歿之同父異母兄弟關係、祖父與遺腹子之祖孫關係、大陸來台依親等案件上。

目前 Y 染色體尚無商品化試劑組上市及核酸梯子以資比對，使用者必須自行合成核酸引子，及將 Y 染色體短片段重覆性基因系統 (Y-STRs) 序列定序以定型別，如此方可與其他種族之基因資料交換研究比較。

目前調查局已將 DYS19、385、388、389I、389II、390、391、392、393 等九個 Y-STRs 系統列入案件經常性鑑定項目，分別鑑定無血緣關係檢品 DYS19 760 個、DYS385 860 個、DYS388 589 個、DYS389I 902 個、DYS389II 888 個、DYS390 892 個、DYS391 864 個、DYS392 613 個、DYS393 846 個，獲得基因異質度分別為 0.6876、0.9576、0.4330、0.6624、0.7731、0.7163、0.4696、0.6392、0.6645，計算理論累積識別力為 0.999989521；另從鑑定 584 個無血緣關係檢品中，發現 469 種單倍體基因表現型組合，其中有 59 種包含 2 至 11 個不等之相同者，實際識別力為 0.8031；再從 73 案確認父系關係案件中，發現一例突變，突變率為 1.37%。

關鍵字：Y 染色體、短片段重覆性基因、DYS19、基因異質度、單倍體基因表現型。

三、計畫英文摘要

Abstract

The Y chromosome is inherited only father to son unchangedly except by the gradual accumulation of mutation. The Y has its unique mode of inheritance and lack of recombination. The males from the same paternity have the same Y polymorphism. The male specificity of human Y chromosome makes it potentially useful in paternity testing. The half brothers, grandfather and grandson, could be identified from same paternity origin by typing Y chromosome.

The Y chromosome has no commercial kits and ladders on sale. We developed our multiplex system by synthesizing the Y chromosome specific primers and analyzing the sequencings of Y short tandem repeat (STR), and got the genotypes in order to comparing the gene databases with the other peoples in the world.

Ministry Justice Investigation Bureau had routinely typing these nine Y-specific STR loci (DYS19, DYS385, DYS388, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393). From no blood relation males specimens of 760, 860, 589, 902, 888, 892, 864, 613, 846 individuals separately analyzed the nine Y STR loci (Y-STRs), gained gene diversity 0.6876, 0.9576, 0.4330, 0.6624, 0.7731, 0.7163, 0.4696, 0.6392, 0.6645 respectively. The discriminating probability (DP) and exclusion probability (EP) were calculated for forensic using. The combined DP and EP were 0.999989521. In this study 469 haplotypes were obtained, including 59 haplotypes having the same ten loci combinations from 2 to 11 samples. The overall DP and EP were 0.8031. We fund one locus may be having mutation in 73 accepting paternity cases.

Key Words: Y Chromosome, STR, Y-STRs, DYS19, gene diversity, haplotypes.

四、計畫緣由、目的

自從 1976 年 COOK 氏發表在人類 Y 染色體發現了大量短片段縱排重覆性 DNA 序列(short tandemly repeated sequence 「STR」) 後，人類 Y 染色體被運用來區別男性個體，備受科學鑑識界(forensic science)的重視，從 1998 年起有如雨後春筍般蓬勃發展，廣泛有效地被運用。

性侵害案件如有大量精子遺留在現場或被害人體中，則易於鑑定出 DNA 之各種基因型別，易與嫌犯之 DNA 進行比對，若加害人為無精蟲或稀精蟲症患者，殘留的僅有少量之精蟲或表皮細胞，體染色體基因易與女性混淆，則不易進行比對，DNA 若經細胞分離技術抽取，亦有減損風險，而 Y 染色體鑑定技術正可補強此方面之缺失，無需分離細胞，大幅提高檢出率，有效解決案件之鑑定盲點。

由於 Y 染色體為父系遺傳，男性祖先之追蹤，Y 染色體提供便利及可信度高之鑑定方法，先從 Y-STRs 系統著手做初步認定，進而再用定序確認，以確認祖先之來源，若無血緣關係者，卻有相同之基因型別，彼此源自同一祖先之可能性仍相當高。

目前調查局已將 Y 染色體 DYS19、DYS385、DYS388、DYS389I、DYS389II、DYS390、DYS391、DYS392、DYS393 等 STR 系統納入經常性鑑定項目中，可有效解決無名男屍認領案件、血緣關係案件及性暴力案件之現有鑑定技術盲點，補強證據力，大大提高鑑別力。

五、研究方法

- (一) 材料來源：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。
- (二) 方法：依美商應用生命系統公司 (ABI) 之 STR 操作手冊之方法進行實驗。
- (三) 循環擴增條件：使用 PE 9700 PCR 機器。
 - 1、95°C 11 分鐘 1 個循環
 - 2、94°C 1 分鐘 28 個循環
 - 59°C 1 分鐘
 - 72°C 1 分鐘
 - 3、60°C 45 分鐘 1 個循環
 - 4、4°C 保存。
- (四) 試劑：
 - 1、0.5 ng/ul DNA 10ul。
 - 2、5U/ul PE Gold Taq 0.5ul。
 - 3、5 pmole/ul primer1、primer2 各 2.5ul。
 - 4、10X Promega Gold ST*R buffer 2.5ul。
 - 5、Q 級 H₂O 7.5ul。
- (五) Y-STR 之 PCR 反應可採單系統或複合系統進行實驗，單系統反應所需檢品 DNA 濃度約 0.5 至 1 ng/ul、複合系統反應約為 5 ng/ul，各引子濃度為 1 pmole/ul。

六、研究結果與討論

- (一) 在生殖過程中，Y 染色體由父親直接遺傳給兒子，Y 染色體之遺傳因子不與母親之遺傳因子重組，故同一父系所生男性後代均具有相同之基因型別，故在父系遺傳鑑定上 Y 染色體成為強而有力的分析工具，運用於父已歿之同父異母兄弟關係、祖父與遺腹子之祖孫關係、大陸來台依親等案件上血緣關係確認效益卓著。
- (二) 由於 Y STRs 僅對男性基因有鑑別效果，在男性和女性體液混合的檢品中，亦較容易將男嫌疑犯之 Y STRs 型別鑑定出來，不需要冒 DNA 減損之險，先將男性和女性細胞分離，鑑別的成功率乃大為提高。
- (三) 蒐集分析 Y 染色體 DYS19 檢品 760 個、DYS385 檢品 860 個、DYS388 檢品 589 個、DYS389I 檢品 902 個、DYS389II 檢品 888 個、DYS390 檢品 892 個、DYS391 檢品 864 個、DYS392 檢品 613 個、DYS393 檢品 846 個等不存在親緣關係的台灣地區民眾血液或唾液檢體，使用毛細管電泳機器 ABI310，利用分子量大小特性，分析 Y-STRs PCR 產物，來研究基因頻率分佈情形，以計算刑事鑑識相關之數據如 DP、EP 等，評估這些系統在刑事鑑識上之適用性，其識別力、排除率及基因異質度分別為 0.6876、0.9576、0.4330、0.6624、0.7731、0.7163、0.4696、0.6392、0.6645，計算理論累積識別力為 0.999989521 (圖一)。
- (四) Y-STRs 各系統基因頻率分佈最高及次高者：DYS19 為 15 型佔 46.18%、16 型佔 22.50%，DYS385 為 13 型佔 25.72%、12 型佔 19.70%，DYS388 為 12 型佔 72.50%、10 型佔 19.69%，DYS389I 為 9 型佔 48.56%、10 型佔 27.38%，DYS389II 為 25 型佔 31.42%、26 型佔 27.59%，DYS390 為 23 型佔 37.10%、24 型佔 32.85%，DYS391 為 10 型佔 69.55%、11 型佔 18.87%，DYS392 為 14 型佔 42.08%、13 型佔 41.92%，DYS393 為 12 型佔 48.46%、13 型佔 27.90% (圖二至圖十、表五、

表六)。

- (五) 目前 Y 染色體尚無商品化試劑組上市及核酸梯子以資比對，使用者必須自行合成核酸引子，及將 Y 染色體短片段重覆性基因系統 (Y-STRs) 序列定序以定型別，將基因型表示方式統一，如此方可與其他種族之基因資料交換研究比較，以瞭解各人種 Y 染色體之差異及相似性 (表一至表三、表八)。
- (六) 世界各血清實驗室已漸將 Y-STRs 系統，納入常態性 DNA 鑑定項目之一，並積極建立資料庫，及鑑識區別力參考資料，如 DYS19、DYS385、DYS388、DYS389I、DYS389II、DYS390、DYS391、DYS392、DYS3893 等系統之鑑定，獲得累計識別力理論值高達 0.9999 以上，但由於是單親遺傳，從鑑定 584 個無血緣關係檢品中，發現 469 種單倍體基因表現型組合，其中有 59 種包含 2 至 11 個不等之相同者，實際識別力為 0.8031 (表四)；再從 73 案確認父系關係案件中，發現一例突變，突變率為 1.37% (表七)。
- (七) DYS385 由於 I 及 II 系統之基因長度均在 361 至 437bp 範圍內，一般均以表現型表示，通常具有一或兩個基因型，在 860 個檢品中，發現兩個檢品具有三個基因型、型別均為 13-18-19，兩個檢品具有四個基因型、型別為 12-13-20-21 及 13-14-19-20 (表六)。
- (八) 臺灣人之 Y-STRs 除 DYS388 分佈頻率最高者與日本人及德國人相類似外，其餘之系統均與其他人種，諸如義大利人、西班牙人、波蘭人、日本人、德國人等均有明顯差異 (表八)。
- (九) 調查局於八十八年年初開始應用 Y-STRs 系統於檢鑑案件上，確認祖孫關係 3 案、父子關係 60 案、叔侄關係 3 案、兄弟關係 8 案、排除非父子關係 36 案、認領無名男屍 9 案、性侵害案件 4 案，應用效果良好，值得推廣運用。

七、計畫成果自評

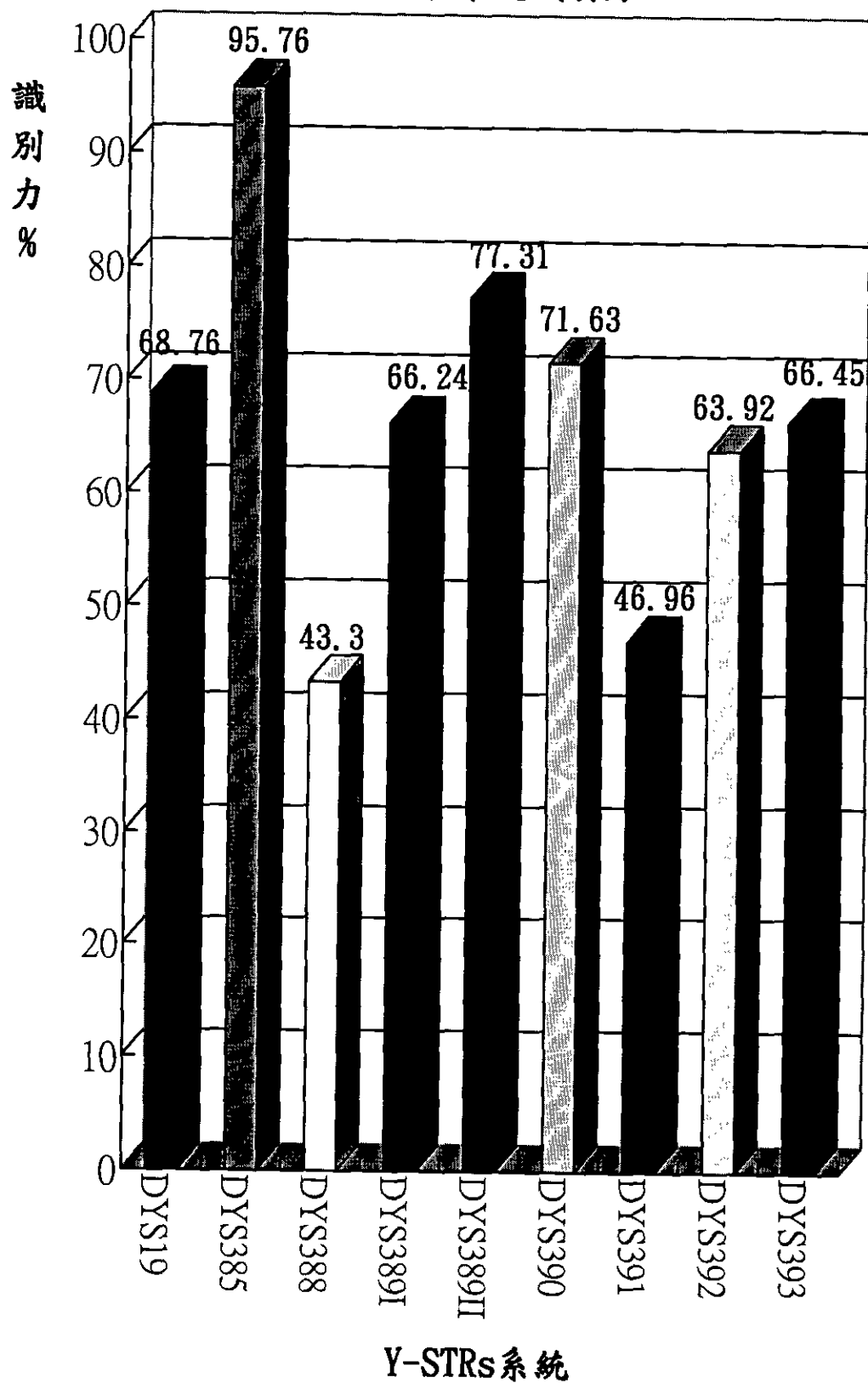
- (一) Y-STRs 系統由於可進行複合 PCR 反應，條件與一般 STR 完全相同，鑑定方法十分符合經濟效益，對案件鑑別貢獻與日俱增，成為例行性鑑定項目，已是趨勢所在，本項研究可以與世界 DNA 鑑識界同步前進。
- (二) 完成頻率分佈，可應用於累積親子關係指數之計算，以提高確認率。
- (三) 本項研究計畫在有初步結果時，即應用於實際案件上，將研究與應用結合在一起，落實知行並進。

八、参考文献

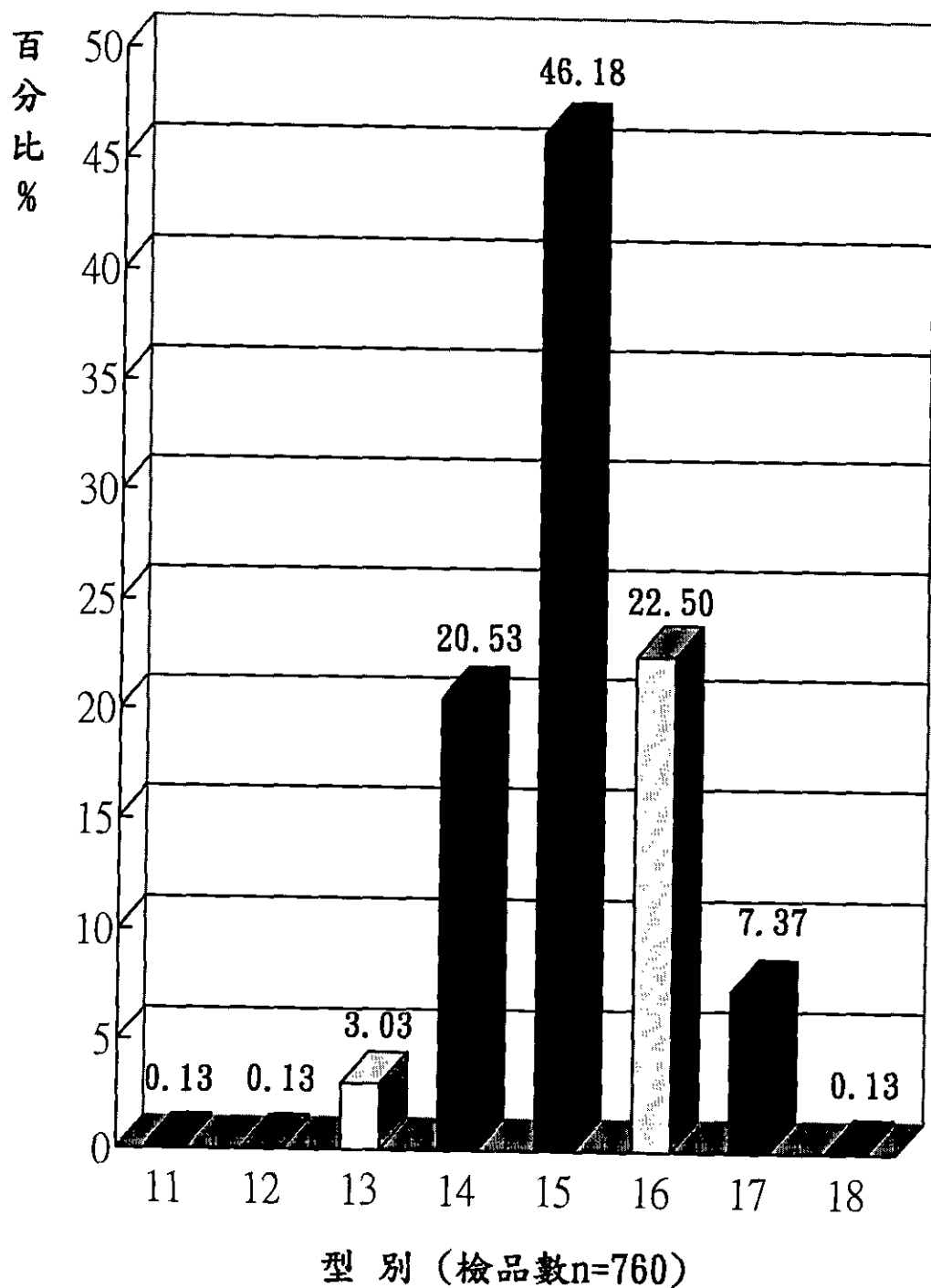
1. Furedi S, Woller J, Padar Z, Angyal M : Y-STR haplotyping in two Hungarian populations. *Int J Legal Med* 113 (1) : 38-42, 1999.
2. Nata M, Brinkmann B, Rolf B : Y-Chromosomal STR haplotypes in a population from north west Germany. *Int J Legal Med* 112 (6) : 406-408, 1999.
3. Gene M, Borrego N, Xifro A, et al : Haplotype frequencies of eight Y-Chromosome STR loci in Barcelona (North-East Spain). *Int J Legal Med* 112 (6) : 403-405, 1999.
4. Brinkmann C, Forster P, et al : Human Y-Chromosomal STR haplotypes in a Kurdish population sample. *Int J Legal Med* 112 (3) : 181-183, 1999.
5. Schultes T, Hummel S, et al : Amplification of Y-Chromosomal STRs from ancient skeletal material. *Hum Genet* 104 (2) : 164-166, 1999.
6. Karafet TM, Zegura SL, et al : Ancestral Asian sources of new world Y-Chromosome founder haplotypes. *Am J Hum Genet* 64 (3) : 817-831, 1999.
7. Minaguchi K : The DYS19 system in the Japanese population and its detection using teeth as a source of DNA. *Bull Tokyo Dent Coll* 40 (1) : 21-26, 1999.
8. Honda K, Roewer L, et al : Male DNA typing from 25-year-old vaginal swabs using Y-Chromosomal STR polymorphisms in a retrieval request case. *J Forensic Sci* 104 (2) : 164-166, 1999.
9. Perez-Lezaun A, Calafell F, et al : Sex-specific migration patterns in Central Asian populations, revealed by analysis of Y-Chromosome short tandem repeats and mtDNA. *Am J Hum Genet* 65 (1) : 208-219, 1999.
10. Lahermo P, Savontaus ML, et al : Y Chromosomal polymorphisms reveal founding lineages in the Finns and the Saami. *Eur J Hum Genet* 7 (4) : 447-458, 1999.
11. Cooke H. : Repeated sequences specific to human males., *Nature* 262:182-186, 1976.
12. Tyler-Smith C. : Structure of repeated sequences in the centromeric region of the human Y chromosome. *Dev Suppl* 101-93-100, 1987.

九、附圖表

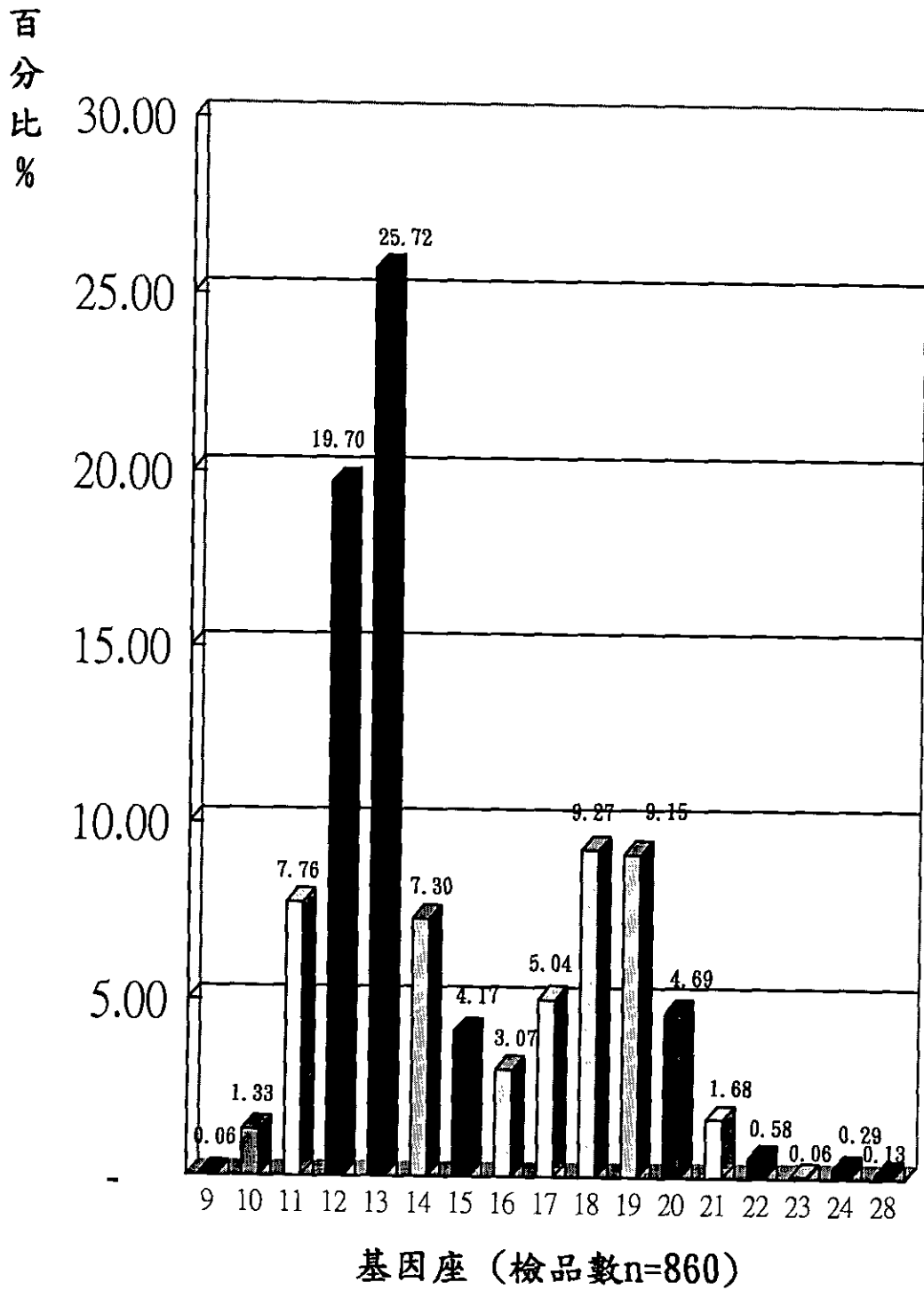
圖一：Y染色體各系統識別力



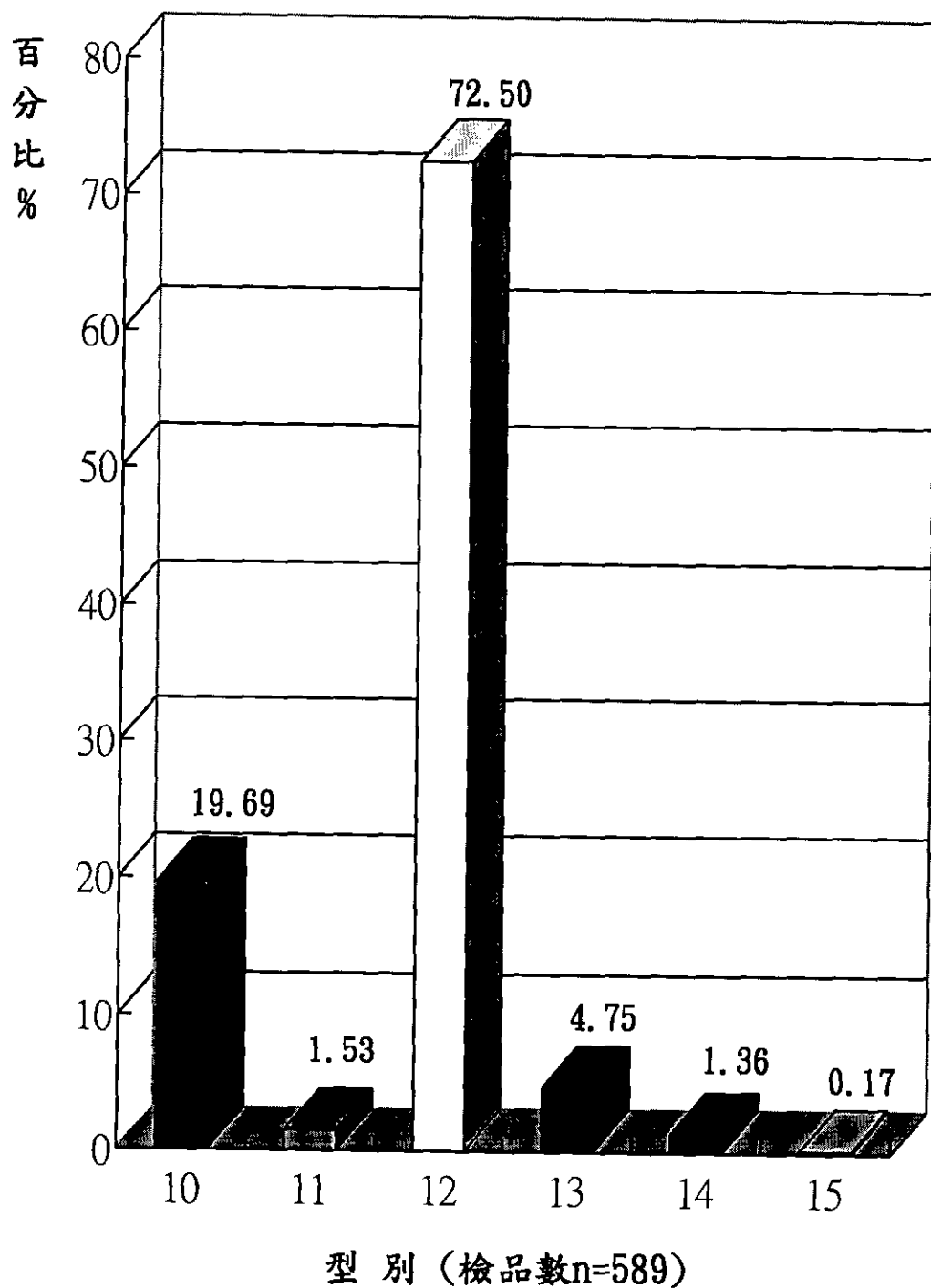
圖二：Y染色體DYS19系統
型別分佈情形



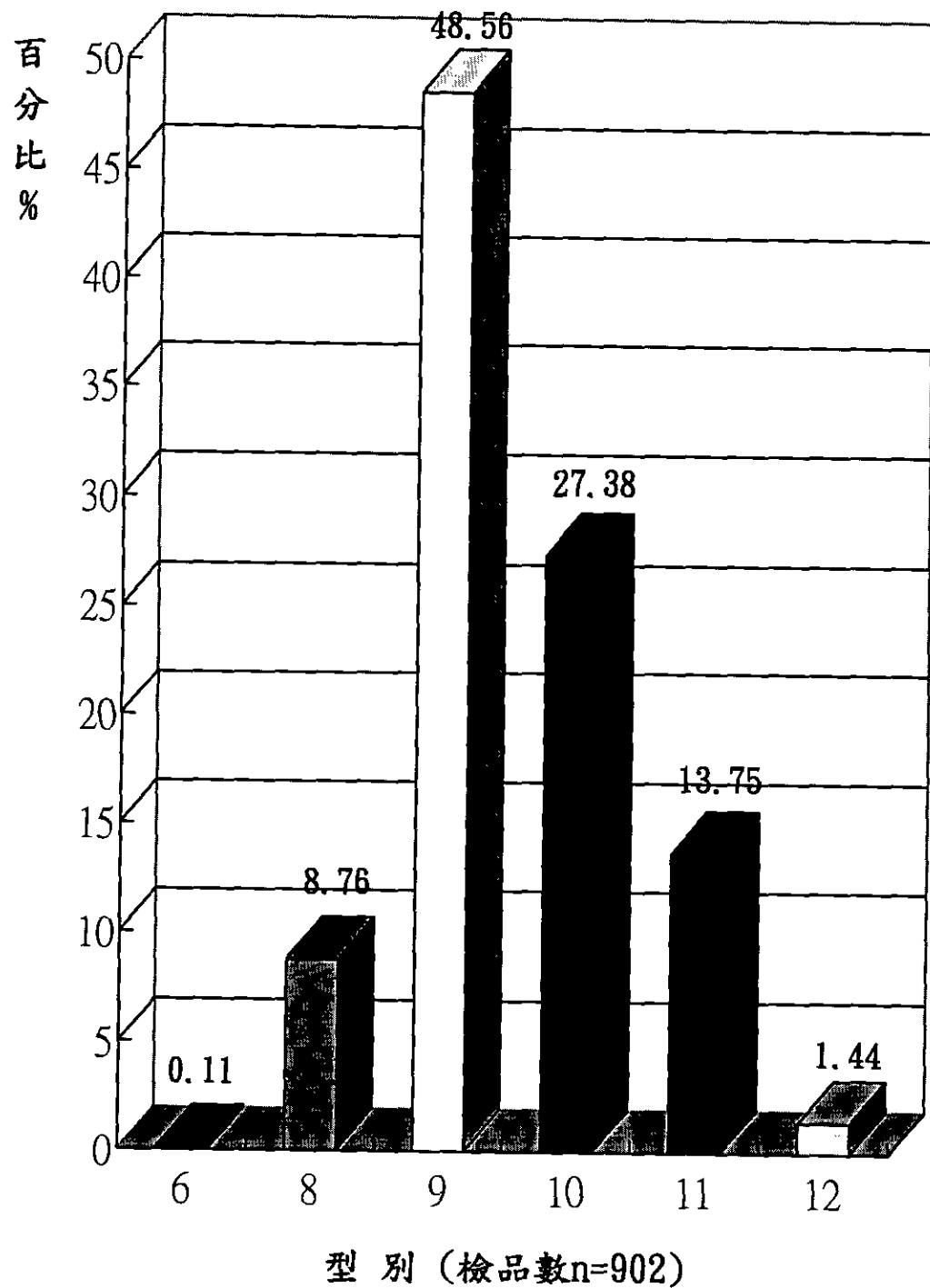
圖三：Y染色體DYS385I/II系統
基因分佈情形



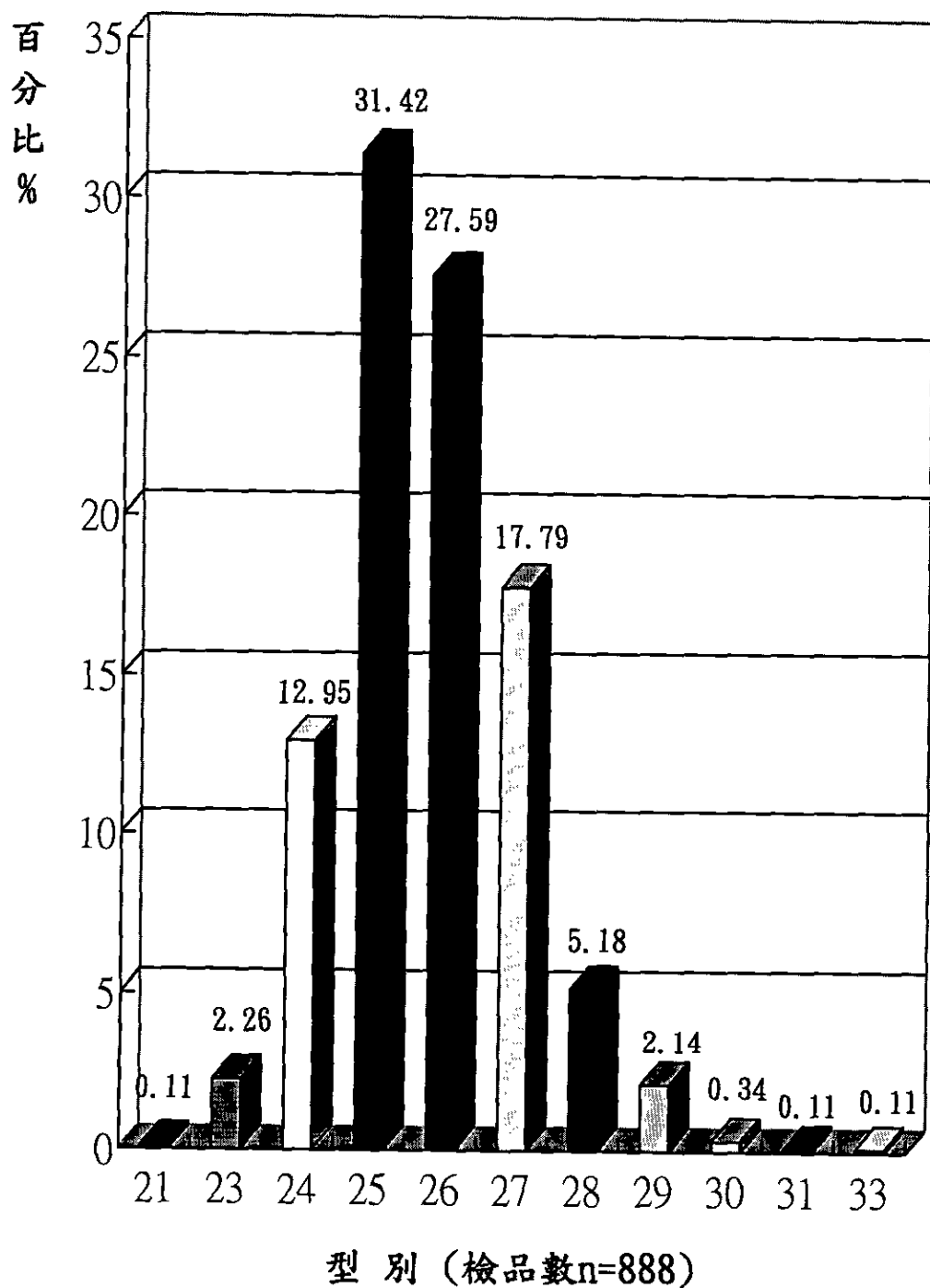
圖四：Y染色體DYS388系統
型別分佈情形



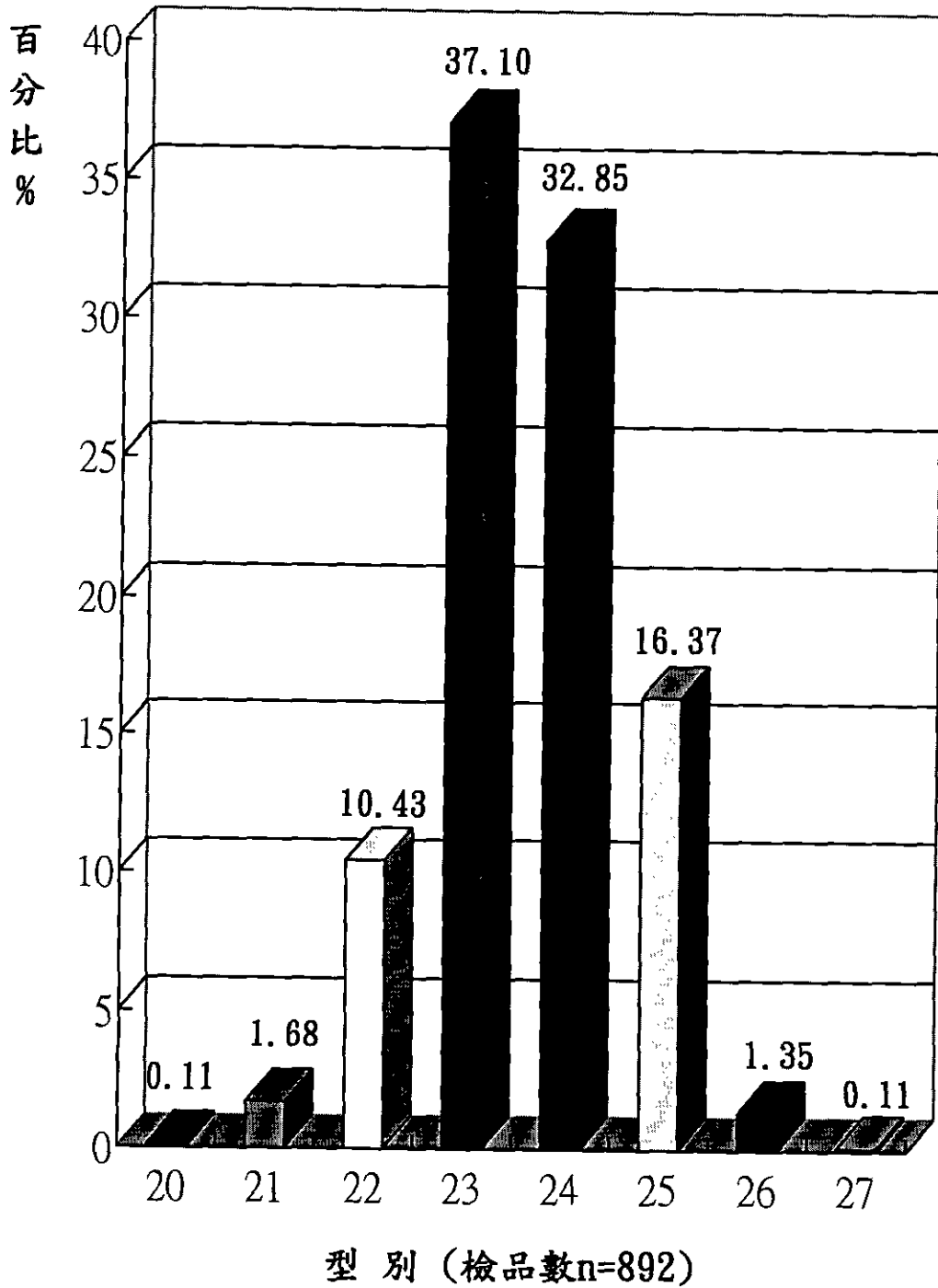
圖五：Y染色體DYS389I系統
型別分佈情形



圖六：Y染色體DYS389II系
統型別分佈情形



圖七：Y染色體DYS390系統
型別分佈情形



表一：DYS 各系統引子序列

基因座	複製放大反應之核酸引子序列	基因資料庫
Lucus	PCR primer sequence (5'-3')	Genome Data Base
DYS19	CTA-CTG-AGT-TTC-TGT-TAT-AGT ATG-GCA-TGT-AGT-GAG-GAC-A	121409
DYS385	AGC-ATG-GGT-GAC-AGA-GCT-A TGG-GAT-GCT-AGG-TAA-AGC-TG	316257
DYS388	GTG-AGT-TAG-CCG-TTT-AGC-GA CAG-ATC-GCA-ACC-ACT-GCG	365729
DYS389	CCA-ACT-CTC-ATC-TGT-ATT-ATC-TAT-G TCT-TAT-CTC-CAC-CCA-CCA-GA	366108
DYS390	TAT-ATT-TTA-CAC-ATT-TTT-GGG-CC TGA-CAG-TAA-AAT-GAA-CAC-ATT-GC	366115
DYS391	CTA-TTC-ATT-CAA-TCA-TAC-ACC-CA GAT-TCT-TTG-TGG-TGG-GTC-TG	366118
DYS392	TCA-TTA-ATC-TAG-CTT-TTA-AAA-ACA-A AGA-CCC-AGT-TGA-TGC-AAT-GT	456509
DYS393	GTG-GTC-TTC-TAC-TTG-TGT-CAA-TAC AAC-TCA-AGT-CCA-AAA-AAT-GAG-G	456649

表二：DYS19、385、388、389、390、391、392、393 等系統之序列

DYS19

一致性結構(Consensus structure)

P1(21bp) - gttttttaat atatatatag tattatatat atagtgttat atatatatag
 tgttt (TAGA)₃ tagg (TAGA)_n tatagtgaca ctctccttaa ccagatgga ctctct
 - P2(19bp)

等位基因型別 Allele(bp)

序列 Sequence

- 12(182) : P1(21bp) - 55bp - (TAGA)₃ - 4bp - (TAGA)₉ - 35bp - P2(19bp)
 13 (186) : P1(21bp) - 55bp - (TAGA)₃ - 4bp - (TAGA)₁₀ - 35bp - P2(19bp)
 14 (190) : P1(21bp) - 55bp - (TAGA)₃ - 4bp - (TAGA)₁₁ - 35bp - P2(19bp)
 15 (194) : P1(21bp) - 55bp - (TAGA)₃ - 4bp - (TAGA)₁₂ - 35bp - P2(19bp)
 16 (198) : P1(21bp) - 55bp - (TAGA)₃ - 4bp - (TAGA)₁₃ - 35bp - P2(19bp)
 17 (202) : P1(21bp) - 55bp - (TAGA)₃ - 4bp - (TAGA)₁₄ - 35bp - P2(19bp)
 18 (206) : P1(21bp) - 55bp - (TAGA)₃ - 4bp - (TAGA)₁₅ - 35bp - P2(19bp)

DYS385

一致性結構(Consensus structure)

P1(19bp) - g acaccatgcc aaacaacaac aaagaaaaGA AAtGAAAttc
 aGAAA(ggaa)₃gga (GAAA)₂gt aaaaaa(GAAA)₂ (gagaaaa)₂ (GAAA)₂ga
 gaaGAAAgAG AAagagGAAA ga(GAAA)₂ (ggaa)₅ gg(GAAA)_n gagaaaaaGA
 AA(gga)₂ct atgtaattgg aatagataga ttatTTTTTA aaatTTTTTT attacTTTTA
 cagTTTTTTT aaatgccgcc atttca(GAAA)₂tctggg cagcagccct tac -
 P2(20bp)

等位基因型別 Allele(bp)

序列 Sequence

- 9 (361) : P1(19bp) - 163bp - (GAAA)₉ - 123bp - P2(20bp)
 10 (365) : P1(19bp) - 163bp - (GAAA)₁₀ - 123bp - P2(20bp)
 11 (369) : P1(19bp) - 163bp - (GAAA)₁₁ - 123bp - P2(20bp)
 12 (373) : P1(19bp) - 163bp - (GAAA)₁₂ - 123bp - P2(20bp)

- 13 (377) : P1(19bp) - 163bp - (GAAA)₁₃ - 123bp - P2(20bp)
 14 (381) : P1(19bp) - 163bp - (GAAA)₁₄ - 123bp - P2(20bp)
 15 (385) : P1(19bp) - 163bp - (GAAA)₁₅ - 123bp - P2(20bp)
 16 (389) : P1(19bp) - 163bp - (GAAA)₁₆ - 123bp - P2(20bp)
 17 (393) : P1(19bp) - 163bp - (GAAA)₁₇ - 123bp - P2(20bp)
 18 (397) : P1(19bp) - 163bp - (GAAA)₁₈ - 123bp - P2(20bp)
 19 (401) : P1(19bp) - 163bp - (GAAA)₁₉ - 123bp - P2(20bp)
 20 (405) : P1(19bp) - 163bp - (GAAA)₂₀ - 123bp - P2(20bp)
 21 (409) : P1(19bp) - 163bp - (GAAA)₂₁ - 123bp - P2(20bp)
 22 (413) : P1(19bp) - 163bp - (GAAA)₂₂ - 123bp - P2(20bp)

DYS388

一致性結構(Consensus structure)

P1(20bp) - tatatacata ttatgaaac (ATT)_n tgagacggac tctcgctctg
 tcgccaggc tggag - P2(18bp)

等位基因型別 Allele(bp) 序列 Sequence

- 9 (119) : P1(20bp) - 19bp - (ATT)₉ -35bp - P2(18bp)
 10 (122) : P1(20bp) - 19bp - (ATT)₁₀ -35bp - P2(18bp)
 11 (125) : P1(20bp) - 19bp - (ATT)₁₁ -35bp - P2(18bp)
 12 (128) : P1(20bp) - 19bp - (ATT)₁₂ -35bp - P2(18bp)
 13 (131) : P1(20bp) - 19bp - (ATT)₁₃ -35bp - P2(18bp)
 14 (134) : P1(20bp) - 19bp - (ATT)₁₄ -35bp - P2(18bp)
 15 (137) : P1(20bp) - 19bp - (ATT)₁₅ -35bp - P2(18bp)
 16 (140) : P1(20bp) - 19bp - (ATT)₁₆ -35bp - P2(18bp)

DYS389-I

一致性結構(Consensus structure)

P1(25bp) -TATC (TGTC)₃ (TATC)_n cct ccctcTATCa atcTATCtat tTATCtagca
 gtccatcatc tatctatgac attcttctgc tactcaggga taattgtgtt cctcaagtaa
 cacttgca TGTCtgga caatttggc agttgcactg ggatgggtgt tctcgca -

P2(20bp)

等位基因型别 Allele(bp)	序列 Sequence
6 (235) : P1(20bp) - 16bp - (TATC) ₆ - 150bp - P2(20bp)	
7 (239) : P1(20bp) - 16bp - (TATC) ₇ - 150bp - P2(20bp)	
8 (243) : P1(20bp) - 16bp - (TATC) ₈ - 150bp - P2(20bp)	
9 (247) : P1(20bp) - 16bp - (TATC) ₉ - 150bp - P2(20bp)	
10 (251) : P1(20bp) - 16bp - (TATC) ₁₀ - 150bp - P2(20bp)	
11 (255) : P1(20bp) - 16bp - (TATC) ₁₁ - 150bp - P2(20bp)	
12 (259) : P1(20bp) - 16bp - (TATC) ₁₂ - 150bp - P2(20bp)	

DYS389-II

一致性結構(Consensus structure)

P1(25bp) - (tg)₃ (TCTG)_n (TCTA)_m tcattatacc tacttctgta tccaactctc
 atctgtatta TCTAtgta (TCTG)₃ (TCTA)_p tccctccctc tatcaatcta
 tctatttatc tagcagtcca tcacttatct atgacattct tctgctactc agggataatt
 gtgttcctca agtaaacactt ggcaatgtct ggaacaatt ttggcagttg cactgggatg
 ggtgttctcg ca - P2(20bp)

等位基因型别 Allele(bp)	序列 Sequence
21 (347) : P1(25bp) - 6bp - (TCTG) ₄ (TCTA) ₁₁ - 60bp - (TCTA) ₆ -152bp - P2(20bp)	
22 (351) : P1(25bp) - 6bp - (TCTG) ₄ (TCTA) ₁₁ - 60bp - (TCTA) ₇ -152bp - P2(20bp)	
23 (355) : P1(25bp) - 6bp - (TCTG) ₄ (TCTA) ₁₁ - 60bp - (TCTA) ₈ -152bp - P2(20bp)	
24 (359) : P1(25bp) - 6bp - (TCTG) ₅ (TCTA) ₁₀ - 60bp - (TCTA) ₉ -152bp - P2(20bp)	
25 (363) : P1(25bp) - 6bp - (TCTG) ₄ (TCTA) ₁₂ - 60bp - (TCTA) ₉ -152bp - P2(20bp)	
26 (367) : P1(25bp) - 6bp - (TCTG) ₅ (TCTA) ₁₁ - 60bp - (TCTA) ₁₀ -152bp - P2(20bp)	
27 (371) : P1(25bp) - 6bp - (TCTG) ₅ (TCTA) ₁₁ - 60bp - (TCTA) ₁₁ -152bp - P2(20bp)	
28 (375) : P1(25bp) - 6bp - (TCTG) ₅ (TCTA) ₁₁ - 60bp - (TCTA) ₁₂ -152bp - P2(20bp)	
29 (379) : P1(25bp) - 6bp - (TCTG) ₅ (TCTA) ₁₁ - 60bp - (TCTA) ₁₃ -152bp - P2(20bp)	
30 (383) : P1(25bp) - 6bp - (TCTG) ₅ (TCTA) ₁₄ - 60bp - (TCTA) ₁₁ -152bp - P2(20bp)	

DYS390

一致性結構(Consensus structure)

P1(23bp) - ctgcattttg gtacccata atatat (TCTA)₂ (TCTG)_n (TCTA)_m TCTG
(TCTA)₄ TCA (TCTA)₂ tctttccttg tttctgagta tacacatt - P2(23bp)

等位基因型別 Allele(bp)

序列 Sequence

- 21 (203) : P1(23bp) - 34bp - (TCTG)₈ (TCTA)₈ TCTG(TCTA)₄ - 39bp - P2(23bp)
22 (207) : P1(23bp) - 34bp - (TCTG)₇ (TCTA)₁₀ TCTG(TCTA)₄ - 39bp - P2(23bp)
23 (211) : P1(23bp) - 34bp - (TCTG)₈ (TCTA)₁₀ TCTG(TCTA)₄ - 39bp - P2(23bp)
24 (215) : P1(23bp) - 34bp - (TCTG)₈ (TCTA)₁₁ TCTG(TCTA)₄ - 39bp - P2(23bp)
25 (219) : P1(23bp) - 34bp - (TCTG)₈ (TCTA)₁₂ TCTG(TCTA)₄ - 39bp - P2(23bp)
26 (223) : P1(23bp) - 34bp - (TCTG)₈ (TCTA)₁₃ TCTG(TCTA)₄ - 39bp - P2(23bp)

DYS391

一致性結構(Consensus structure)

P1(23bp) - TATC(tgtc)₃ (TATC)_n tgcctat ctgcctgcct acctatccct ctatggcaat
tgcttgcaac caggagatt ttattcccag gagatatttg gctatgtctg acaacaattt
ttttggttgt cacaaatggg atgaatgta ctggcatctg gtgggtggag cccagagatg
ctgctcaaca ccctacagtg cacaaga - P2(20bp)

等位基因型別 Allele(bp)

序列 Sequence

- 8 (275) : P1(23bp) - 16bp - (TATC)₈ - 184bp - P2(20bp)
9 (279) : P1(23bp) - 16bp - (TATC)₉ - 184bp - P2(20bp)
10 (283) : P1(23bp) - 16bp - (TATC)₁₀ - 184bp - P2(20bp)
11 (287) : P1(23bp) - 16bp - (TATC)₁₁ - 184bp - P2(20bp)
12 (291) : P1(23bp) - 16bp - (TATC)₁₂ - 184bp - P2(20bp)
13 (295) : P1(23bp) - 16bp - (TATC)₁₃ - 184bp - P2(20bp)

DYS392

一致性結構(Consensus structure)

P1(25bp) - ctaat ttgatttcaa gtgtttgta tttaaagcc aagaaggaaa
acaaatTTTT ttcttgatc accatttatt t (ATT)_n t actaaggaat gggattggta
ggtttaatga tcctctggt ttgacttctt tgagatattt ccagactact ttccacttg
actgtaggaa ttt - P2(20bp)

等位基因型別 Allele(bp)

序列 Sequence

- 9 (242) : P1(25bp) - 76bp - (ATT)₉ - 94bp - P2(20bp)
10 (245) : P1(25bp) - 76bp - (ATT)₁₀ - 94bp - P2(20bp)
11 (248) : P1(25bp) - 76bp - (ATT)₁₁ - 94bp - P2(20bp)
12 (251) : P1(25bp) - 76bp - (ATT)₁₂ - 94bp - P2(20bp)
13 (254) : P1(25bp) - 76bp - (ATT)₁₃ - 94bp - P2(20bp)
14 (257) : P1(25bp) - 76bp - (ATT)₁₄ - 94bp - P2(20bp)
15 (260) : P1(25bp) - 76bp - (ATT)₁₅ - 94bp - P2(20bp)
16 (263) : P1(25bp) - 76bp - (ATT)₁₆ - 94bp - P2(20bp)

DYS393

一致性結構(Consensus structure)

P1(24bp) - (AGAT)_n (atgt)₂ cttttctatg agacata - P2(22bp)

等位基因型別 Allele(bp)

序列 Sequence

- 10 (111) : P1(24bp) - (AGAT)₁₀ - 25bp - P2(22bp)
11 (115) : P1(24bp) - (AGAT)₁₁ - 25bp - P2(22bp)
12 (119) : P1(24bp) - (AGAT)₁₂ - 25bp - P2(22bp)
13 (123) : P1(24bp) - (AGAT)₁₃ - 25bp - P2(22bp)
14 (127) : P1(24bp) - (AGAT)₁₄ - 25bp - P2(22bp)
15 (131) : P1(24bp) - (AGAT)₁₅ - 25bp - P2(22bp)
16 (135) : P1(24bp) - (AGAT)₁₆ - 25bp - P2(22bp)
-

表三：DYS 各系統型別與鹼基對值

系統	型別	鹼基對值 (bp)	ABI310 ROX500 測得 bp 值	系統	型別	鹼基對值 (bp)	ABI310 ROX500 測得 bp 值
DYS19	12	182	181.03	DYS389-II	21	347	349.75
	13	186	185.08		22	351	未發現
	14	190	189.23		23	355	257.47
	15	194	193.17		24	359	361.32
	16	198	197.29		25	363	365.27
	17	202	200.92		26	367	369.27
	18	206	204.55		27	371	373.12
DYS385	9	361	352.66		28	375	377.12
	10	365	356.66		29	379	380.84
	11	369	360.64		30	383	384.94
	12	373	364.37	DYS390	21	203	202.61
	13	377	368.09		22	207	206.81
	14	381	371.76		23	211	210.83
	15	385	375.29		24	215	214.72
	16	389	379.44		25	219	218.83
	17	393	383.08		26	223	222.69
	18	397	386.69	DYS391	8	275	272.19
	19	401	390.76		9	279	276.33
	20	405	394.74		10	283	280.37
21	409	398.31	11		287	284.53	
22	413	402.15	12		291	288.46	
DYS388	10	122	119.01	13	295	292.51	
	11	125	122.11	DYS392	9	242	240.22
	12	128	125.06		10	245	243.22
	13	131	128.09		11	248	246.22
	14	134	131.07		12	251	249.22
	15	137	134.12		13	254	252.22
DYS389-I	6	235	235.03		14	257	255.22
	7	239	未發現		15	260	258.22
	8	243	243.01		16	263	261.22
	9	247	247.02	DYS393	10	111	108.72
	10	251	251.07		11	115	112.60
	11	255	255.12		12	119	116.58
	12	259	259.09		13	123	120.58
			14		127	124.55	
			15		131	128.41	
			16		135	132.52	
			17	139	136.51		

表四：檢品之 DYS19、385I/II、388、389I/II、390、391、392、
393 系統之單倍體基因表現型組合

總數	584	檢	DYS	DYS	DYS	DYS	DYS	DYS	DYS	DYS	DYS	DYS
序號	相同	品別	19	385	385	388	389	389	390	391	392	393
	數			-I	-II		-I	-II				
H1	1		11	12	12	12	9	27	23	10	12	12
H2	1	A1C	12	12	20	14	11	27	25	11	14	13
H3	3		13	11	12	12	10	27	22	10	14	14
H4	1		13	11	12	12	10	27	23	10	14	13
H6	1		13	12	12	12	10	27	22	10	14	14
H7	1		13	12	12	12	10	28	22	10	14	14
H5	1		13	12	15	12	9	27	24	10	12	12
H8	1		13	12	16	12	9	25	23	10	12	12
H9	2		13	12	16	14	9	25	23	11	12	12
H10	1		13	12	18	12	9	25	25	10	13	12
H11	1	A2C	13	13	14	12	9	25	24	10	14	13
H12	1	A3C	13	14	16	12	10	27	23	10	12	12
H13	1		13	14	20	12	10	26	24	9	14	14
H14	1		13	14	21	12	11	27	24	9	14	14
H15	1		13	15	21	12	10	26	24	9	14	14
H16	1		13	15	21	12	11	27	24	9	14	13
H17	1	D1	13	15	22	12	11	27	24	9	14	13
H18	1		13	16	20	10	11	28	24	6	14	14
H19	1		14	10	12	12	9	26	25	10	14	14
H20	1		14	11	11	11	10	25	24	11	16	13
H21	1		14	11	11	12	10	27	22	11	13	11
H22	1		14	11	11	13	11	26	23	10	14	13
H23	1		14	11	12	12	11	27	24	11	15	14
H24	1		14	11	12	12	11	28	23	10	14	13
H25	1		14	11	12	13	11	26	23	11	14	13
H26	1		14	11	12	13	11	27	23	11	14	13
H27	1		14	11	13	12	11	27	23	10	14	13
H28	1		14	11	14	12	10	26	21	10	15	13
H29	1		14	11	16	12	10	25	24	11	14	12
H30	1		14	11	18	12	6	21	23	10	16	13
H31	1	A4C	14	12	12	13	11	28	23	10	14	13
H32	1	A5G	14	12	13	12	10	26	22	10	15	13
H33	1		14	12	13	12	10	27	24	11	15	13

H34	2	14	12	16	12	9	25	23	10	12	12	
H35	1	14	12	16	12	9	25	23	11	12	12	
H36	1	14	12	16	12	9	26	23	10	12	12	
H37	2	<i>D2</i>	14	12	17	10	9	25	24	10	14	12
H38	1	14	12	17	10	9	26	24	10	15	12	
H39	1	14	12	18	10	9	25	24	10	13	12	
H40	2	14	12	19	12	11	27	24	9	13	12	
H41	1	14	13	13	10	9	26	24	10	14	12	
H42	1	14	13	13	12	11	27	22	10	14	13	
H43	1	14	13	16	10	9	24	24	10	14	12	
H44	1	<i>A6C</i>	14	13	17	10	9	24	24	11	14	12
H45	1	14	13	17	10	9	24	25	11	14	12	
H46	1	14	13	17	10	9	25	23	10	14	12	
H47	4	14	13	17	10	9	25	25	10	14	12	
H48	1	14	13	17	10	9	26	24	10	14	12	
H49	1	14	13	17	10	9	27	24	10	14	12	
H50	1	14	13	17	10	10	26	25	10	14	12	
H51	2	<i>A7C</i>	14	13	18	10	9	23	24	10	14	14
H52	1	14	13	18	10	9	24	24	10	15	12	
H53	1	14	13	18	10	9	25	24	10	14	12	
H54	1	14	13	18	10	10	24	24	10	14	14	
H55	2	14	13	18	10	10	25	25	10	14	12	
H56	1	14	13	18	12	9	23	24	10	14	14	
H57	1	<i>A8B</i>	14	13	18	12	10	26	25	10	13	15
H58	1	<i>A9T</i>	14	13	18	12	11	27	24	9	13	12
H59	1	14	13	19	10	9	23	24	10	14	12	
H60	2	<i>A10T</i>	14	13	19	10	9	23	24	10	14	13
H61	1	14	13	19	10	9	24	23	10	15	12	
H62	2	14	13	19	10	9	24	24	10	14	12	
H63	1	14	13	19	10	9	24	25	10	15	12	
H64	5	<i>D3</i>	14	13	19	10	9	24	25	11	14	12
H65	2	14	13	19	10	9	25	24	10	14	12	
H66	1	14	13	19	10	9	25	25	10	14	12	
H67	1	14	13	19	10	9	25	26	10	15	12	
H68	1	14	13	19	10	10	26	24	10	14	12	
H69	1	14	13	19	10	11	27	25	11	13	12	
H70	1	14	13	19	12	10	26	25	10	13	15	
H71	1	14	13	19	12	10	26	26	11	13	12	

H72	1	14	13	19	12	11	27	26	11	13	12	
H73	1	14	13	20	10	9	23	24	10	14	12	
H74	2	14	13	20	10	9	24	24	10	14	12	
H75	1	14	13	20	10	9	24	24	11	14	12	
H76	1	14	13	20	10	10	25	24	10	13	12	
H77	2	14	13	21	12	10	26	24	10	13	12	
H78	1	14	13	22	12	10	26	24	10	13	12	
H79	1	<i>A11C</i>	14	13	22	12	10	28	23	10	12	13
H80	1		14	14	14	12	9	25	23	10	14	13
H81	1		14	14	16	10	9	25	24	10	14	12
H82	1		14	14	16	12	9	25	23	10	12	12
H83	1		14	14	17	10	9	25	25	10	15	12
H84	1		14	14	19	10	9	24	25	11	14	12
H85	1	<i>D4</i>	14	14	19	10	9	25	23	10	15	12
H86	1		14	14	19	10	9	25	24	10	14	12
H87	1		14	14	20	10	9	24	24	10	14	12
H88	1		14	14	20	10	9	25	24	10	14	12
H89	1	<i>A12C</i>	14	14	21	10	9	24	23	10	14	14
H90	1		14	15	17	10	9	25	23	10	14	12
H91	1		14	15	18	10	9	25	20	10	14	12
H92	7	<i>A13C</i>	14	15	18	10	9	25	23	10	14	12
H93	1		14	15	18	10	9	25	23	11	14	12
H94	1		14	15	18	10	10	25	22	10	14	12
H95	1		14	15	19	10	9	24	23	10	14	12
H96	1		14	15	19	10	9	24	24	10	14	12
H97	7		14	15	19	10	9	25	23	10	14	12
H98	1		14	15	19	10	9	25	24	10	14	12
H99	1		14	15	19	10	9	26	23	10	14	12
H100	1		14	15	19	10	10	26	23	10	14	12
H101	2	<i>A14B</i>	14	15	20	10	9	25	23	10	14	12
H102	1	<i>A15C</i>	14	15	20	10	9	25	23	11	14	12
H103	2		14	15	20	10	9	26	23	10	14	12
H104	1		14	15	21	10	9	24	24	10	14	12
H105	1		14	17	17	10	9	25	25	10	14	12
H106	1		14	17	20	10	9	25	23	10	14	12
H107	1		15	10	11	12	11	27	23	10	14	12
H108	1	<i>A16C</i>	15	10	13	12	10	26	22	10	15	13
H109	1		15	10	13	12	10	26	23	10	15	13

H110	1	15	10	17	12	11	28	23	10	13	13	
H111	1	15	10	17	12	11	29	23	10	13	13	
H112	1	15	11	11	12	10	27	22	10	13	12	
H113	1	<i>A17C</i>	15	11	11	12	11	26	22	10	13	12
H114	1		15	11	11	14	10	25	23	10	11	15
H115	1	<i>A18C</i>	15	11	12	12	9	25	23	10	12	12
H116	1		15	11	12	12	10	26	24	10	17	12
H117	1		15	11	13	12	10	27	22	8	13	12
H118	1		15	11	13	12	10	27	23	10	13	12
H119	1		15	11	14	12	10	25	22	10	15	13
H120	1		15	11	16	13	9	24	24	10	13	13
H121	2		15	11	17	12	9	25	23	10	12	12
H122	1		15	11	17	12	10	27	23	9	12	12
H123	1		15	11	17	13	9	25	21	10	11	12
H124	1		15	11	18	13	9	25	23	10	12	12
H125	1		15	11	18	13	11	27	23	10	12	14
H126	1		15	11	19	12	9	25	23	10	12	12
H127	1	<i>A19T</i>	15	11	19	12	10	26	23	11	13	12
H128	1		15	11	19	13	10	27	22	10	11	14
H129	1		15	11	19	13	11	29	23	11	11	15
H130	1		15	12	12	12	9	26	25	11	12	12
H131	1		15	12	12	12	10	25	25	12	13	12
H132	1		15	12	12	12	10	26	23	10	12	12
H133	1	<i>A20C</i>	15	12	12	12	11	27	23	10	14	13
H134	1		15	12	12	13	11	29	23	10	14	13
H135	1		15	12	12	15	9	25	23	10	12	12
H136	1		15	12	13	11	9	26	23	10	13	12
H137	4	<i>D5</i>	15	12	13	12	9	25	23	10	14	13
H138	2		15	12	13	12	9	25	24	10	14	13
H139	1		15	12	13	12	9	26	23	10	14	12
H140	1		15	12	13	12	9	26	23	10	14	13
H141	1		15	12	13	12	9	26	23	11	12	12
H142	1	<i>D6</i>	15	12	13	12	9	26	23	11	14	13
H143	1		15	12	13	12	10	25	24	11	17	13
H144	1		15	12	13	12	10	25	25	11	13	12
H145	1		15	12	13	12	10	26	23	10	14	13
H146	1		15	12	13	13	11	29	21	10	14	13
H147	1		15	12	14	13	10	27	25	10	11	13

H148	1	15	12	15	12	9	25	24	10	12	12
H149	1	15	12	15	12	9	25	24	11	13	12
H150	1	<i>D7</i>	15	12	15	12	9	26	23	10	13
H151	1		15	12	15	12	9	26	23	10	13
H152	1	<i>D8</i>	15	12	15	12	9	26	24	11	13
H153	1		15	12	15	12	9	28	23	10	13
H154	1		15	12	15	12	11	27	24	10	13
H155	1		15	12	16	12	9	24	23	10	13
H156	1		15	12	16	12	9	25	23	10	12
H157	1	<i>A21C</i>	15	12	16	12	9	26	23	10	12
H158	1	<i>D9</i>	15	12	16	12	9	26	25	10	13
H159	1		15	12	16	12	10	26	23	9	14
H160	1		15	12	16	12	11	28	24	10	13
H161	1		15	12	16	12	11	29	23	10	14
H162	1		15	12	17	10	9	25	24	10	13
H163	1		15	12	17	11	9	26	23	10	13
H164	1		15	12	17	12	9	25	23	11	12
H165	1	<i>A22C</i>	15	12	17	12	9	25	23	11	13
H166	1		15	12	17	12	9	26	23	10	12
H167	1		15	12	17	12	9	26	23	11	13
H168	2	<i>A23C</i>	15	12	17	12	10	26	24	10	13
H169	1	<i>A24T</i>	15	12	17	12	10	27	25	11	13
H170	1		15	12	17	12	11	26	24	10	13
H171	1	<i>D10</i>	15	12	17	12	11	27	24	10	13
H172	1	<i>A25C</i>	15	12	17	12	11	27	24	10	13
H173	1		15	12	17	14	10	27	23	10	11
H174	1		15	12	18	10	8	24	23	10	12
H175	1		15	12	18	10	10	26	24	10	14
H176	1		15	12	18	11	9	25	22	10	13
H177	2	<i>A26C</i>	15	12	18	11	9	26	23	10	13
H178	1		15	12	18	12	9	25	23	10	12
H179	1		15	12	18	12	9	25	25	10	13
H180	1		15	12	18	12	9	26	23	10	12
H181	1		15	12	18	12	9	26	24	11	13
H182	1	<i>A27T</i>	15	12	18	12	10	26	24	10	14
H183	1		15	12	18	12	10	27	23	10	13
H184	1	<i>A28C</i>	15	12	18	12	10	27	23	11	13
H185	1		15	12	18	12	10	27	24	10	14

H224	1	15	13	13	12	9	25	24	10	14	13
H225	1	15	13	13	12	9	25	24	11	13	13
H226	2	15	13	13	12	9	26	23	10	14	13
H227	1	15	13	13	12	9	26	23	11	13	13
H228	11 A36C	15	13	13	12	9	26	23	11	14	13
H229	1	15	13	13	12	9	26	23	11	14	14
H230	1	15	13	13	12	9	26	23	12	14	13
H231	1	15	13	13	12	9	26	24	10	14	13
H232	1	15	13	13	12	9	26	24	11	14	13
H233	2	15	13	13	12	9	27	23	11	14	13
H234	2	15	13	13	12	10	26	23	11	14	13
H235	1	15	13	13	12	10	26	24	10	14	13
H236	2	15	13	13	12	10	27	23	11	14	13
H237	1	15	13	13	12	11	27	23	10	14	13
H238	1	15	13	13	12	11	28	26	10	11	13
H239	1 A37C	15	13	13	13	9	25	23	11	14	13
H240	1	15	13	13	13	9	27	23	10	14	13
H241	1	15	13	14	11	9	26	23	10	15	13
H242	1	15	13	14	12	9	24	23	10	14	13
H243	3 A38C	15	13	14	12	9	25	22	10	14	13
H244	1	15	13	14	12	9	25	22	11	14	14
H245	4	15	13	14	12	9	25	23	10	14	13
H246	1	15	13	14	12	9	25	23	11	14	13
H247	4	15	13	14	12	9	26	23	10	14	13
H248	3	15	13	14	12	9	26	23	11	14	13
H249	1 A39C	15	13	14	12	9	26	24	10	14	13
H250	2	15	13	14	12	9	27	23	11	14	13
H251	1	15	13	14	12	10	25	23	10	14	13
H252	1	15	13	14	12	10	27	22	10	15	13
H253	1 D12	15	13	14	12	10	27	23	10	14	13
H254	1	15	13	14	14	10	27	25	11	11	13
H255	1	15	13	14	14	11	28	25	10	11	13
H256	1	15	13	15	12	9	25	22	10	14	13
H257	1 D13	15	13	16	10	9	24	24	10	15	12
H258	1	15	13	16	10	11	27	24	10	14	12
H259	1	15	13	16	12	9	26	24	10	12	12
H260	1 D14	15	13	16	13	9	25	24	10	13	14
H261	1 A40C	15	13	16	13	9	25	24	12	13	14

H262	2	15	13	17	10	9	25	24	10	14	12
H263	1	15	13	17	12	11	27	24	11	13	14
H264	1 A41C	15	13	17	12	11	28	25	11	13	13
H265	1	15	13	18	10	9	23	24	10	14	13
H266	1 D15	15	13	18	10	9	25	24	10	14	12
H267	1	15	13	18	12	9	24	23	10	13	12
H268	1 A42C	15	13	18	12	11	26	24	10	13	14
H269	1	15	13	18	12	11	27	24	10	13	15
H270	1 A43C	15	13	18	12	11	29	24	10	13	14
H271	1	15	13	18	13	11	28	24	10	13	14
H272	1	15	13	19	12	9	24	26	10	13	12
H273	1 D16	15	13	19	12	9	26	24	10	13	12
H274	3 A44T	15	13	19	12	10	27	24	11	13	14
H275	1	15	13	19	12	10	27	25	10	13	12
H276	1	15	13	19	12	11	27	24	11	13	14
H277	1	15	13	19	12	11	28	24	10	13	13
H278	1	15	13	20	10	9	24	24	10	14	12
H279	1	15	13	20	12	9	28	25	10	13	12
H280	1	15	13	20	12	10	26	24	10	13	13
H281	1	15	13	20	12	11	26	24	10	13	12
H282	1	15	13	20	12	11	30	24	10	13	14
H283	1	15	13	20	13	9	25	23	10	13	13
H284	1	15	13	21	12	10	25	24	11	14	12
H285	3	15	13	21	12	10	26	24	10	13	12
H286	1	15	13	21	12	10	26	25	11	14	12
H287	1	15	13	21	12	10	27	24	10	13	13
H288	1	15	13	21	12	10	27	25	10	13	12
H289	1	15	13	21	12	10	28	24	10	13	12
H290	2	15	13	21	12	11	26	24	10	13	12
H291	1	15	13	22	12	10	26	24	10	13	12
H292	1	15	13	28	12	10	26	24	10	13	13
H293	1	15	13	28	12	10	27	24	10	13	13
H294	1	15	13	18-19	12	11	27	25	11	13	14
H295	1	15	14	14	12	9	25	22	10	15	13
H296	1	15	14	14	12	9	25	23	10	14	13
H297	1	15	14	16	12	9	26	25	10	14	15
H298	1	15	14	17	10	9	25	24	10	14	12
H299	1 A45C	15	14	17	12	10	27	24	10	14	14

H376	1	16	12	19	12	9	26	25	10	13	12
H377	1	16	12	19	12	9	26	25	11	13	12
H378	3	16	12	19	12	9	27	25	11	13	12
H379	1	16	12	19	12	9	28	25	10	13	12
H380	1	16	12	19	12	10	26	24	11	13	12
H381	1	16	12	19	12	10	26	25	10	13	12
H382	1 D19	16	12	19	12	10	29	23	10	13	13
H383	3	16	12	19	12	11	27	24	10	13	14
H384	1	16	12	19	13	9	25	25	10	13	12
H385	1	16	12	20	12	9	24	25	10	13	12
H386	1	16	12	20	12	9	26	25	9	13	12
H387	1	16	12	20	12	10	26	23	11	13	14
H388	1	16	12	20	12	10	28	23	10	13	12
H389	1	16	12	20	12	11	27	24	10	13	14
H390	1	16	12	22	12	9	25	25	10	13	12
H391	1	16	13	13	12	9	24	23	9	14	13
H392	4 A60C	16	13	13	12	9	24	23	10	14	12
H393	2 A61C	16	13	13	12	9	25	23	10	14	13
H394	1	16	13	13	12	9	25	23	10	15	13
H395	1	16	13	13	12	9	25	23	11	14	13
H396	1	16	13	13	12	9	25	25	10	13	12
H397	2 A62T	16	13	13	12	9	26	23	10	14	13
H398	5	16	13	13	12	9	26	23	11	14	13
H399	1	16	13	13	12	9	28	23	11	14	13
H400	1 D20	16	13	13	12	10	25	25	10	13	12
H401	2 D21	16	13	14	12	9	25	23	10	14	13
H402	1	16	13	14	12	10	26	23	10	14	13
H403	1	16	13	18	12	8	25	25	11	13	13
H404	1	16	13	18	12	9	24	24	11	13	13
H405	1 A63C	16	13	18	12	11	29	24	10	11	14
H406	1	16	13	19	10	10	26	25	10	13	14
H407	1	16	13	19	12	8	25	25	11	13	14
H408	1	16	13	19	12	9	24	25	10	13	12
H409	1	16	13	20	12	9	25	24	10	13	12
H410	1	16	13	20	12	9	25	24	11	13	12
H411	1 A64C	16	13	20	12	9	26	23	10	13	12
H412	1 D22	16	13	20	12	9	26	23	10	13	13
H413	1 A65C	16	13	20	12	9	26	24	10	13	13

H414	1	A66C	16	13	20	12	9	26	24	11	12	12
H415	1		16	13	20	12	9	27	25	10	13	12
H416	1		16	13	20	12	10	25	24	10	13	12
H417	1	D23	16	13	20	12	10	25	26	9	14	12
H418	1	A67T	16	13	21	12	10	26	24	10	13	12
H419	1		16	13	24	12	10	27	24	10	13	13
H420	1		16	14	14	11	9	25	23	10	14	13
H421	1		16	14	14	12	9	25	23	10	14	13
H422	1	A68C	16	14	15	12	9	25	23	10	13	13
H423	1	A69C	16	14	15	12	9	25	23	10	14	14
H424	1	m-case	16	14	17	12	9	24	25	10	13	12
H425	1		16	14	17	12	10	29	21	10	11	14
H426	1	m-case	16	14	18	12	9	24	25	10	13	12
H427	1	A70C	16	14	18	12	9	26	24	10	13	12
H428	1		16	15	19	12	8	24	24	11	13	14
H429	1		17	11	18	12	11	24	23	10	11	14
H430	1		17	11	18	13	10	26	23	11	11	15
H431	1		17	12	12	12	9	24	23	10	12	12
H432	1		17	12	12	12	11	26	25	11	13	12
H433	1		17	12	12	12	11	27	25	11	13	13
H434	1		17	12	13	12	9	24	24	10	13	12
H435	1		17	12	18	12	9	24	24	10	14	12
H436	1	D24	17	12	18	12	9	25	23	10	13	12
H437	1		17	12	18	12	10	26	25	9	13	12
H438	1		17	12	18	12	10	29	25	10	13	12
H439	1		17	12	19	12	9	25	26	10	14	12
H440	1		17	12	19	12	9	26	26	10	13	12
H441	1		17	12	19	12	9	27	24	10	13	12
H442	1		17	12	19	12	9	27	25	11	13	12
H443	2		17	12	19	12	10	27	24	10	13	12
H444	1		17	12	19	12	10	27	25	10	13	12
H445	1		17	12	19	12	10	28	24	10	13	12
H446	1		17	12	20	12	9	25	24	10	13	12
H447	1		17	12	20	12	9	25	24	11	13	13
H448	1		17	12	20	12	9	26	24	10	13	12
H449	2	A71C	17	12	20	12	10	26	25	10	13	12
H450	1		17	13	13	12	9	26	23	11	14	13
H451	1		17	13	13	12	10	26	25	10	13	12

H452	<i>I</i>	17	13	17	12	9	24	25	9	13	12
H453	<i>I A72T</i>	17	13	17	12	9	24	26	9	13	12
H454	<i>I</i>	17	13	17	12	9	25	24	10	13	12
H455	<i>I</i>	17	13	17	12	10	25	24	10	13	13
H456	<i>I</i>	17	13	18	12	9	25	23	11	14	14
H457	<i>I</i>	17	13	18	12	10	27	24	11	13	14
H458	<i>I</i>	17	13	19	12	8	23	25	10	13	12
H459	<i>I</i>	17	13	19	12	10	25	25	10	13	12
H460	<i>I A73C</i>	17	13	19	12	10	25	27	10	13	12
H461	<i>I</i>	17	13	19	12	10	27	24	10	13	12
H462	<i>I</i>	17	13	20	12	9	24	24	10	14	13
H463	<i>I</i>	17	13	21	12	10	26	25	10	13	12
H464	<i>I</i>	17	13	22	12	10	28	24	10	13	12
H465	<i>I</i>	17	13	23	10	10	27	24	10	13	12
H466	<i>I</i>	17	14	18	12	9	25	25	10	13	12
H467	<i>I</i>	17	15	18	12	9	24	25	10	13	12
H468	<i>I</i>	17	15	20	12	9	24	23	10	13	13
H469	<i>I</i>	18	11	12	12	10	26	25	10	13	12

備註：

A：承認案。

D：否認案。

B：確認兄弟關係。

C：確認父子關係。

G：確認祖孫關係。

T：刑案確認父系關係。

m-case：突變案例。

表六：DYS385 表現型頻率分佈情形

檢品總數 = 860			基因異質度=0.957566252	
序號	DYS385 表現型	觀察數	分佈頻率	分佈頻率平方
1	9-18	1	0.001162791	1.35208E-06
2	10-10	2	0.002325581	5.40833E-06
3	10-11	10	0.011627907	0.000135208
4	10-12	1	0.001162791	1.35208E-06
5	10-13	2	0.002325581	5.40833E-06
6	10-15	1	0.001162791	1.35208E-06
7	10-16	2	0.002325581	5.40833E-06
8	10-17	3	0.003488372	1.21687E-05
9	11-11	21	0.024418605	0.000596268
10	11-12	18	0.020930233	0.000438075
11	11-13	4	0.004651163	2.16333E-05
12	11-14	4	0.004651163	2.16333E-05
13	11-15	4	0.004651163	2.16333E-05
14	11-16	8	0.009302326	8.65333E-05
15	11-17	10	0.011627907	0.000135208
16	11-18	19	0.022093023	0.000488102
17	11-19	11	0.012790698	0.000163602
18	11-20	2	0.002325581	5.40833E-06
19	11-21	2	0.002325581	5.40833E-06
20	12-12	33	0.038372093	0.001472418
21	12-13	31	0.036046512	0.001299351
22	12-14	5	0.005813953	3.38021E-05
23	12-15	9	0.010465116	0.000109519
24	12-16	22	0.025581395	0.000654408
25	12-17	34	0.039534884	0.001563007
26	12-18	60	0.069767442	0.004867496
27	12-19	57	0.06627907	0.004392915
28	12-20	32	0.037209302	0.001384532
29	12-22	2	0.002325581	5.40833E-06
30	12-24	2	0.002325581	5.40833E-06
31	13-13	97	0.112790698	0.012721741
32	13-14	35	0.040697674	0.001656301
33	13-15	2	0.002325581	5.40833E-06
34	13-16	8	0.009302326	8.65333E-05
35	13-17	22	0.025581395	0.000654408

36	13-18	34	0.039534884	0.001563007
37	13-19	54	0.062790698	0.003942672
38	13-20	28	0.03255814	0.001060032
39	13-21	19	0.022093023	0.000488102
40	13-22	4	0.004651163	2.16333E-05
41	13-24	1	0.001162791	1.35208E-06
42	13-28	2	0.002325581	5.40833E-06
43	14-14	7	0.008139535	6.6252E-05
44	14-15	2	0.002325581	5.40833E-06
45	14-16	4	0.004651163	2.16333E-05
46	14-17	10	0.011627907	0.000135208
47	14-18	23	0.026744186	0.000715251
48	14-19	17	0.019767442	0.000390752
49	14-20	5	0.005813953	3.38021E-05
50	14-21	3	0.003488372	1.21687E-05
51	14-22	3	0.003488372	1.21687E-05
52	15-15	1	0.001162791	1.35208E-06
53	15-16	3	0.003488372	1.21687E-05
54	15-17	2	0.002325581	5.40833E-06
55	15-18	17	0.019767442	0.000390752
56	15-19	16	0.018604651	0.000346133
57	15-20	8	0.009302326	8.65333E-05
58	15-21	4	0.004651163	2.16333E-05
59	15-22	1	0.001162791	1.35208E-06
60	15-23	1	0.001162791	1.35208E-06
61	16-16	2	0.002325581	5.40833E-06
62	16-18	1	0.001162791	1.35208E-06
63	16-20	1	0.001162791	1.35208E-06
64	17-17	2	0.002325581	5.40833E-06
65	17-18	1	0.001162791	1.35208E-06
66	17-20	1	0.001162791	1.35208E-06
67	18-18	1	0.001162791	1.35208E-06
68	20-20	1	0.001162791	1.35208E-06
69	24-24	1	0.001162791	1.35208E-06
70	12-13-20-21	1	0.001162791	1.35208E-06
71	13-14-19-20	1	0.001162791	1.35208E-06
72	13-18-19	2	0.002325581	5.40833E-06

表八：Y-STRs 臺灣住民與其他入種頻率分佈比較表

基因座	等位 基因 型別	臺灣 住民 分佈 頻率%	義大 利人 分佈 頻率%	西班 牙人 分佈 頻率%	德國 人分 佈頻 率%	波蘭 北方 人分 佈頻 率%	日本 人分 佈頻 率%	美國 人分 佈頻 率%
DYS 19	11	0.13						
	12	0.13						
	13	3.03	10.00	16.13	5.60	3.35	5.40	
	14	20.53	61.00	62.36	46.00	17.99	7.10	
	15	46.18	22.00	13.98	22.40	28.87	45.70	
	16	22.50	7.00	6.45	17.20	28.87	19.00	
	17	7.37		1.07	8.80	20.08	22.30	
	18	0.13				0.84	0.50	
DYS 385	9	0.06		0.54	0.20			
	10	1.33	0.80	0.54	4.80			
	11	7.76	16.00	21.50	26.60			
	12	19.70	7.20	12.36	3.60			
	13	25.72	13.20	12.90	8.20			
	14	7.30	19.60	29.56	34.20			
	15	4.17	10.40	12.90	11.20			
	16	3.07	14.40	7.00	5.40			
	17	5.04	8.80	1.62	3.00			
	18	9.27	4.40	1.08	2.20			
	19	9.15	4.40		0.60			
	20	4.69	0.40					
	21	1.68	0.40					
	22	0.58						
	23	0.06						
24	0.29							
28	0.13							
DYS 388	9						0.5	
	10	19.69					1.0	
	11	1.53			3.6		12.0	
	12	72.50			82.9		80.5	
	13	4.75			8.1		5.5	

	14	1.36			2.7			
	15	0.17			1.8			
	16				0.9			
DYS 389I	6	0.11						
	7							
	8	8.76			0.80			
	9	48.56	16.00	16.38	18.00			
	10	27.38	65.00	61.21	68.80			
	11	13.75	17.00	20.69	12.40			
	12	1.44	2.00	1.72				
DYS 389II	21	0.11						
	22							
	23	2.26						
	24	12.95	1.00	1.72	1.60			
	25	31.42	14.00	13.80	15.60			
	26	27.59	45.00	52.59	39.20			
	27	17.79	32.00	19.83	28.00			
	28	5.18	6.00	10.34	11.20			
	29	2.14	2.00	0.86	3.20			
	30	0.34						
	31	0.11		0.86	1.20			
	32							
33	0.11							
DYS 390	19					0.40		
	20	0.11						
	21	1.68	1.00	2.59	0.80	0.80	7.00	9.00
	22	10.43	6.00	3.45	8.40	8.00	21.00	17.00
	23	37.10	19.00	26.27	25.60	15.66	36.00	46.00
	24	32.85	63.00	53.45	32.80	28.11	14.00	24.00
	25	16.37	11.00	13.79	30.40	42.97	21.00	2.00
	26	1.35			2.00	3.60		
	27	0.11				0.40		2.00
DYS 391	6	0.12						
	7							
	8	0.58						
	9	10.42	3.00					