

ICS 35.040  
CCS L 71



# 中华人民共和国国家标准

GB/T 26237.14—2023

代替 GB/T 26237.14—2019

## 信息技术 生物特征识别数据交换格式 第 14 部分:DNA 数据

Information technology—Biometric data interchange formats—  
Part 14:DNA data

(ISO/IEC 19794-14:2013, MOD)

GB/T 26237.14—2023

中华人民共和国  
国家标准  
信息技术 生物特征识别数据交换格式  
第 14 部分:DNA 数据  
GB/T 26237.14—2023

中国标准出版社出版发行  
北京市朝阳区和平里西街甲 2 号(100029)  
北京市西城区三里河北街 16 号(100045)  
网址 www.spc.net.cn  
总编室:(010)68533533 发行中心:(010)51780238  
读者服务部:(010)68523946  
中国标准出版社秦皇岛印刷厂印刷  
各地新华书店经销

开本 880×1230 1/16 印张 9 字数 273 千字  
2023 年 5 月第一版 2023 年 5 月第一次印刷

书号: 155066 · 1-72901 定价 152.00 元

如有印装差错 由本社发行中心调换  
版权专有 侵权必究  
举报电话:(010)68510107



GB/T 26237.14-2023



码上扫一扫 正版服务到

2023-05-23 发布

2023-12-01 实施



国家市场监督管理总局 发布  
国家标准化管理委员会

## 目 次

前言 .....	I
引言 .....	IV
1 范围 .....	1
2 规范性引用文件 .....	1
3 术语和定义 .....	2
4 缩略语 .....	3
5 符合性 .....	3
6 DNA 数据格式 .....	4
附录 A (规范性) DNA XML 模式 .....	30
附录 B (资料性) 家系图构建示例 .....	50
附录 C (资料性) DNA 分型试剂盒 .....	58
附录 D (规范性) DNA 位点 .....	87
附录 E (资料性) 数据记录示例 .....	92
附录 F (规范性) 符合性测试方法 .....	96

## 前 言

本文件按照 GB/T 1.1—2020《标准化工作导则 第 1 部分:标准化文件的结构和起草规则》的规定起草。

本文件是 GB/T 26237《信息技术 生物特征识别数据交换格式》的第 14 部分,GB/T 26237 已发布如下部分:

- 第 1 部分:框架;
- 第 2 部分:指纹细节点数据;
- 第 3 部分:指纹型谱数据;
- 第 4 部分:指纹图像数据;
- 第 5 部分:人脸图像数据;
- 第 6 部分:虹膜图像数据;
- 第 7 部分:签名/签字时间序列数据;
- 第 8 部分:指纹骨架数据;
- 第 9 部分:血管图像数据;
- 第 10 部分:手形轮廓数据;
- 第 11 部分:签名/签名处理的动态数据;
- 第 13 部分:声音数据;
- 第 14 部分:DNA 数据。

本文件代替 GB/T 26237.14—2019《信息技术 生物特征识别数据交换格式 第 14 部分:DNA 数据》,与 GB/T 26237.14—2019 相比,除结构调整和编辑性改动外,主要技术变化如下:

- a) 删除了“脱氧核糖核酸”“基因组”“线粒体”“个体识别率”“祖源”“表型”“单倍型”“新一代测序技术”“流动 DNA 处置单元”和“快速 DNA 处置单元”10 个术语(见 2019 年版的第 4 章);
- b) 删除了“iSNPs”“NGS”“PISNPs”“UTC”4 个缩略语,增加了“ICS”“ID”和“iUT”3 个缩略语(见 2019 年版的第 5 章);
- c) 增加了关于符合性测试的要求(见第 5 章);
- d) 删除了 D.2.4 常染色体 SNP 位点、D.2.5 Y-SNP 位点、D.2.6 X-SNP 位点、D.2.7 线粒体 SNP 位点(见 2019 年版的附录 D);
- e) 增加了符合性测试方法(见附录 F)。

本文件修改采用 ISO/IEC 19794-14:2013《信息技术 生物特征识别数据交换格式 第 14 部分:DNA 数据》。

本文件与 ISO/IEC 19794-14:2013 相比做了下述结构调整:

- a) 第 2 章对应 ISO/IEC 19794-14:2013 中的第 3 章;
- b) 第 3 章对应 ISO/IEC 19794-14:2013 中的第 4 章;
- c) 第 4 章对应 ISO/IEC 19794-14:2013 中的第 5 章;
- d) 第 5 章对应 ISO/IEC 19794-14:2013 中的第 2 章;
- e) 将原 6.4.1 DNA 记录通用数据头结构的悬置段改为 6.4.1.1 DNA 记录通用数据头组成,将原 6.4.2 表述元数据的悬置段改为 6.4.2.1 表述元数据结构,将原 6.4.3.1 DNA 信息的悬置段改为 6.4.3.1.1 DNA 信息结构,将原 6.4.3.2 DNA 分型数据的悬置段改为 6.4.3.2.1 DNA 分型数

据类型；

- f) 增加了表 29~表 36,表 37~表 51 对应 ISO/IEC 19794-14:2013 的表 29~表 43,增加了表 52~表 63,表 64 对应 ISO/IEC 19794-14:2013 的表 44;
- g) 附录 A 对应 ISO/IEC 19794-14:2013 中的附录 B。附录 B 和附录 F 为根据修改件内容增加,附录 E 为自主增加。

本文件与 ISO/IEC 19794-14:2013 的技术差异及其原因如下:

- a) 增加了规范性引用文件 GB/T 1988—1998,以便在我国范围内对本文件更好地理解与应用(见 6.4.3.2.11.2);
- b) 增加了规范性引用文件 GB/T 2659—2000,以便在我国范围内对本文件更好地理解与应用(见表 F.1 和表 F.2);
- c) 用规范性引用的 GB/T 26237.1—2022 替换了 ISO/IEC 19794—1:2011 和 ISO/IEC 19794—1:2011/Amd 2,两者的一致性程度为修改(见第 3 章、第 6 章和附录 F);
- d) 增加了规范性引用文件 GB/T 29859—2013,因为引用了该文件的术语(见第 3 章);
  - a) 增加了术语中的“单核苷酸多态性”,以便于读者理解后文中“SNP”的相关内容。删除了“脱氧核糖核酸”“个体识别力”因后文中未提到该两术语。删除了“快速 DNA 处置单元”“流动 DNA 处置单元”,因该两术语在文中仅出现一次,故以注的形式体现;
  - b) 增加了表 1、表 4、表 25、表 26、表 31、表 32、表 35、表 36、表 39、表 40、表 41、表 42、表 43、表 44、表 45、表 46、表 47、表 48、表 51、表 53、表 54、表 58、表 59、表 60、表 61、表 62、表 63 中“长度(Byte)”列,便于更好地理解与应用本文件;
  - c) 删除了表 3 中“国家代码”行,以便在我国范围内更好地理解与应用本文件;
  - d) 更改“GPS”为“BDS”,以便在我国范围内对本文件更好地理解与应用(见 6.4.2.9);
  - e) 增加了表 7 中“X-STR”“SNP”“Y-SNP”“X-SNP”行,删除了“电泳图谱”以符合行业实际应用情况。增加了表 15 中的“中国合格评定国家认可委员会实验室认可”“中国计量认证”行,删除了“ISO/IEC 17025 认证”“GLP 验证”“AABB 认证”“ISO/ILAC Guild 19 认证”,以便在我国范围内对本文件更好地理解与应用。将表 7 中的“核 DNA 检测”行拆分为“血型检验”“人类血(斑)确证试验”“人类精液(斑)确证试验”“常染色体 STR 及性别检测”“X 染色体 STR 检测”行,以便与实际行业使用情况匹配;
- f) 增加了表 22 中“X-STR 分型图谱”“SNP 分型”“Y-SNP 分型”“X-SNP 分型”“单倍型分型”“NGS 测序数据”,以便与实际行业使用情况匹配;
- g) 增加了 X-STR 分型图谱、SNP 分型、Y-SNP 分型、X-SNP 分型、单倍型分型、NGS 测序数据,以便与实际行业使用情况匹配(见 6.4.3.2.4、6.4.3.2.6、6.4.3.2.7、6.4.3.2.8、6.4.3.2.9 和 6.4.3.2.11);
- h) 增加 D.1.3 X-STR 位点、D.2 高通量测序 DNA 分型技术检测位点,以便与实际行业使用情况匹配;
- i) 更改了附录 D 中的 DNA 分型试剂盒和 DNA 位点,添加我国国内主流 DNA 分型试剂盒包含的 DNA 位点,以便在我国范围内对本文件更好地理解与应用。

本文件纳入了 ISO/IEC 19794-14:2013/Amd 1:2016 的修正内容,所涉及条款的外侧页边空白位置用垂直双线(∥)进行了标示。

请注意本文件的某些内容可能涉及专利。本文件的发布机构不承担识别专利的责任。

本文件由全国信息技术标准化技术委员会(SAC/TC 28)提出并归口。

本文件起草单位:深圳华大基因科技有限公司、中国电子技术标准化研究院、西安交通大学、深圳华

大基因股份有限公司、厦门市熠成信息技术有限公司、山西医科大学、华南理工大学、深圳市生命科技产学研联盟、深圳华大基因科技有限公司、广东省公安厅刑事技术中心、天复(东莞)标准技术有限公司、临汾市公安局。

本文件主要起草人:郭小森、王文峰、赖江华、张洪波、高升杰、沈悦生、吴昊、刘倩颖、苏立伟、宋继伟、杜红丽、严江伟、李泽琴、李倩一、李海燕、郑飞雪、杨越、王秋娟、庞坤杰、高昀露、石红岩、李陶莎、武庆超、魏曙光、穆豪放、姜华艳、王成、张雷、尹焯。

## 引 言

GB/T 26237《信息技术 生物特征识别数据交换格式》规定了各模态生物特征数据进行交换的格式要求,是提高系统的互操作性的核心。GB/T 33842《信息技术 GB/T 26237 中定义的生物特征识别数据交换格式的符合性测试方法》则针对 GB/T 26237《信息技术 生物特征识别数据交换格式》给出符合性测试方法。自 2016 年开始,生物特征识别数据交换格式的符合性测试方法已经开始逐步并入《信息技术 生物特征识别数据交换格式》,不再额外立标准,因此修订本文件时,将符合性测试方法作为附录。GB/T 26237《信息技术 生物特征识别数据交换格式》的其他部分,会在修订时与本文件保持一致,增添符合性测试方法作为附录内容。GB/T 26237《信息技术 生物特征识别数据交换格式》拟由 15 部分组成。

- 第 1 部分:框架。目的在于描述定义生物特征识别数据交换格式的总体概念和要求。
- 第 2 部分:指纹细节点数据。目的在于规定基于细节点的指纹表示中所用到的概念和数据格式。可以在涉及自动指纹识别的领域内使用。
- 第 3 部分:指纹型谱数据。目的在于规范指纹型谱的术语和定义、指纹型谱数据、指纹型谱数据记录、指纹型谱数据卡格式指纹型谱数据的存储形式,以及基于频谱的指纹数据的交换格式,以指导自动指纹识别的各种领域的应用。
- 第 4 部分:指纹图像数据。目的在于规定一个用来从一个或多个符合 ISO/IEC19785-1 数据结构的指/掌纹图像区域进行存储、记录和传输信息的数据记录交换格式,可用于进行指纹图像数据的交换和比较。
- 第 5 部分:人脸图像数据。目的在于为要求交换人脸图像数据的人脸识别应用提供一种人脸图像格式。
- 第 6 部分:虹膜图像数据。目的在于定义虹膜信息交换所采用的紧凑表示形式,用于虹膜图像这一生物特征的注册、验证和识别系统。
- 第 7 部分:签名/签字时间序列数据。目的在于为签名/签字信息提供了一种数据交换格式,规定了可以互联互通的签名/签字记录格式(时间序列数据格式)。
- 第 8 部分:指纹骨架数据。目的在于规定基于指纹型骨架模式的指纹识别数据交换格式,适用于自动指纹识别的各种应用领域。
- 第 9 部分:血管图像数据。目的在于规定血管生物特征图像的身份识别或身份验证技术所用的图像交换格式,可用于血管图像数据的交换和压缩。
- 第 10 部分:手形轮廓数据。目的在于规定一种手型记录数据交换格式,以支持各种基于手型信息辨识或验证的自动化设备和系统的信息交换。
- 第 11 部分:签名/签名处理的动态数据。目的在于为从时间序列提取的处理后的签名/标志行为数据指定一种数据交换格式,该数据是使用数字化数位板,基于笔的计算设备或高级笔系统等设备捕获的。
- 第 12 部分:脸型特性数据。目的在于规定用于生物特征识别或验证技术的脸型特性数据的交换格式。
- 第 13 部分:声音数据。目的在于指定一种数据交换格式,该数据交换格式可用于存储,记录和

传输假定来自单个会话中记录的单个扬声器的人的数字化语音数据,即声音数据。

- 第 14 部分:DNA 数据。目的在于规定一种用于 DNA 分型数据的交换格式,以支持来进行个体识别的 DNA 分型数据交换。
- 第 15 部分:掌纹图像数据。目的在于规定用于生物特征识别或验证技术的图像交换格式,该技术利用人类掌纹生物特征图像,并且可以用于掌纹图像数据的交换和比较。

# 信息技术 生物特征识别数据交换格式

## 第 14 部分:DNA 数据

### 1 范围

本文件规定了:

- 一种用于 DNA 分型数据的交换格式;
- DNA 数据交换格式的符合性测试方法的要素、测试断言和测试规程。

本文件适用于:

- 使用人类 DNA 来进行个体识别的 DNA 分型数据交换;
- 本文件第 6 章中规定的 DNA 数据交换格式结构的断言测试(对应 ISO/IEC 29109-1:2009 中定义的类型 A 的级别 1);
- 通过检测 DNA 数据每个字段的值的类型来检查内部一致性的断言测试(对应 ISO/IEC 29109-1:2009 中定义的类型 A 的级别 2)。

本文件不适用于:

- 本文件要求的 CBEFF 结构的符合性测试;
- 生物特征识别数据交换格式符合性测试级别 3 的测试;
- 生物特征识别产品其他特性的测试或其他类型的测试(如接受率、性能、鲁棒性和安全性等);
- 不产生符合本文件第 6 章要求的记录的系统的符合性测试;
- 除此之外的其他任何目的,特别是医疗和其他健康相关的信息交换。

本文件将实现对 DNA 分型数据和基因组测序数据的交换或相互比对,其中包括在符合相关隐私保护法规的基础上,由任何其他系统遵循本文件的数据格式而输出兼容的 DNA 分型数据和基因组测序数据。

本文件涵盖法医 DNA 分型技术、高通量测序技术,或其他基于短串联重复(STRs,包括常染色体、X 染色体、Y 染色体)、线粒体 DNA、单核苷酸多态性(SNP)等遗传标记分析。

一个对象的单一 DNA 分型数据记录可能需要使用多种 DNA 分析技术产生的数据。本文件确保了一个对象由多个 DNA 分析技术产生的数据能够集成在一个记录中。

这种数据格式是为了减少 DNA 处理过程中(登记和比对)的人工参与。为了满足 DNA 技术自动化、智能化对数据交换格式的要求,本文件同时描述了原始数据和分型数据的记录格式。数据的可扩展标记语言(XML)编码用于详细说明 DNA 分型数据交换。规范的 XML 模式(XSD)在附录 A 中给出。

### 2 规范性引用文件

下列文件中的内容通过文中的规范性引用而构成本文件必不可少的条款。其中,注日期的引用文件,仅该日期对应的版本适用于本文件;不注日期的引用文件,其最新版本(包括所有的修改单)适用于本文件。

- GB/T 1988—1998 信息技术 信息交换用七位编码字符集(eqv ISO/IEC 646:1991)
- GB/T 2659—2000 世界各国和地区名称代码(eqv ISO 3166-1:1997)

GB/T 26237.1—2022 信息技术 生物特征识别数据交换格式 第1部分:框架 (ISO/IEC 19794-1:2011,MOD)

GB/T 29859—2013 生物信息学术语

ISO/IEC 3166-2 国家及地区代码 第2部分:国家地区代码(Codes for the representation of names of countries and their subdivisions—Part 2: Country subdivision code)

ISO/IEC 29109—1:2009 信息技术 ISO/IEC 19794 中定义的生物特征识别数据交换格式的符合性测试方法 第1部分:符合性测试方法原则(Information technology—Conformance testing methodology for biometric data interchange formats defined in ISO/IEC 19794—Part 1: Generalized conformance testing methodology)

### 3 术语和定义

GB/T 26237.1—2022 和 GB/T 29859—2013 界定的以及下列术语和定义适用于本文件。

#### 3.1

**等位基因 allele**

位于一对同源染色体的相同位置上控制遗传性状的 DNA 片段。

#### 3.2

**染色体 chromosome**

遗传物质 DNA 的载体,主要由 DNA 和蛋白质构成。

#### 3.3

**DNA 分型 DNA profiling or typing**

利用分子生物学检测方法(基因扫描或 DNA 测序)分析个体基因组 STR、SNP 等遗传标记的技术。

#### 3.4

**位点 locus**

基因在染色体上占有特定位置。

注:又称基因座,英文的复数为 loci。

#### 3.5

**线粒体 DNA mitochondrial DNA**

线粒体中的遗传物质,一个线粒体一般有多个 DNA 分子,表现为母系遗传。

注:线粒体 DNA 因其序列短和广泛存在的特点特别适于微量、降解生物检材的检测。线粒体 DNA 遗传自母亲,能用于母系家谱的构建。

#### 3.6

**短串联重复序列 short tandem repeats;STR**

染色体上重复单位为 2 bp~6 bp 的串联重复序列,表现出高度的个体差异。

注:不同个体中重复单元的重复次数差异相当大,这种高度的遗传多态性使得 STR 适用于识别个体。

#### 3.7

**Y 染色体 Y chromosome**

决定生物个体性别的性染色体的一种,雄性特有。

#### 3.8

**Y 染色体 STR Y-STR**

Y 染色体上的短串联重复序列。

注:Y-STR 为男性特有,遗传自父亲,能用于父系家谱的构建。

#### 3.9

**分型图谱 DNA electrophorogram**

DNA 分型产生的等位基因图谱数据,用来测量在特定基因位点上等位基因大小或核心单位重复次数。

#### 3.10

**单核苷酸多态性 single nucleotide polymorphisms;SNP**

基因组上单个核苷酸的个体差异所引起的 DNA 序列多态性,形成丰富的多态性遗传标记。

### 4 缩略语

下列缩略语适用于本文件。

BDB:生物特征数据块(Biometric Data Block)

BDIR:生物特征数据交换记录(Biometric Data Interchange Record)

CBEFF:公用生物特征识别交换格式框架(Common Biometric Exchange Formats Framework)

CODIS:DNA 联合索引系统(Combined DNA Index System)

DNA:脱氧核糖核酸(DeoxyriboNucleic Acid)

ECY-STR:欧洲核心 Y-STR 位点(European Core Y-STR)

ESS:欧洲标准集(European Standard Set)

ICS:实现符合性声明(Implementation Conformance Statement)

ID:标识符(IDentifier)

IUPAC:国际理论化学与应用化学联合会(International Union of Pure and Applied Chemistry)

IUT:受试实现(Implementation Under Test)

mtDNA:线粒体 DNA(Mitochondrial DNA)

SNP:单核苷酸多态性(Single Nucleotide Polymorphisms)

STR:短串联重复序列(Short Tandem Repeat)

X-STR:X 染色体 STR(X Chromosome STR)

X-SNP:X 染色体 SNP(X Chromosome SNP)

Y-STR:Y 染色体 STR(Y Chromosome STR)

Y-SNP:Y 染色体 SNP(Y Chromosome SNP)

### 5 符合性

符合本文件第 6 章要求的应用程序应能呈现本文件定义的生物特征 DNA 分型数据,符合性的最低要求应满足传输(互换)并提取可互操作的生物特征 DNA 信息。

DNA 数据的 XML 结构应符合附录 A 的规定,家系图构建示例见附录 B,常见 DNA 分型试剂盒及其位点见附录 C,DNA 位点的选择应符合附录 D 的规定,满足本文件要求的数据记录示例见附录 E。

如果生物特征识别数据交换格式符合性测试满足附录 F 符合性测试中的所有规范性要求,则该测试符合本文件。具体地说,这些测试应使用 ISO/IEC 29109-1:2009 第 6 章、第 7 章和第 8 章规定的方法,且所有第 1 级和第 2 级测试都应使用表 F.2 中定义的断言。

依据规定方法测试的本文件的具体实现,仅能声明符合本文件中规定的生物特征数据记录(如 BDB)要求。

本文件的实现不一定需要符合本文件的所有要求,只需符合 ISO/IEC 29109-1:2009 第 8 章和本文件表 F.1 规定的 ICS 中声明的该实现所支持的本文件的要求。

6 DNA 数据格式

6.1 概述

本文件中规定的 DNA 记录格式是一种用于 DNA 分型数据互换的结构定义。这种格式化的数据包含 DNA 识别数据。为了符合 GB/T 26237.1—2022 规定,DNA 记录会根据 BDIR 进行规范,或嵌入公用 CBEFF 的 BDB 中。记录主体被分组成三种数据结构(字段、块和记录)。字段表示存储数据的基本单元,分为单一字段和复合字段。单一字段仅包含一种数据对象,复合字段包含一个或多个单一字段或复合字段。一个或多个数据字段可以组成一个数据块,几个唯一命名的组件(数据字段和数据块)形成一个数据记录。根据 BDIR 结构,一个完整的 DNA 记录格式如图 1 所示。

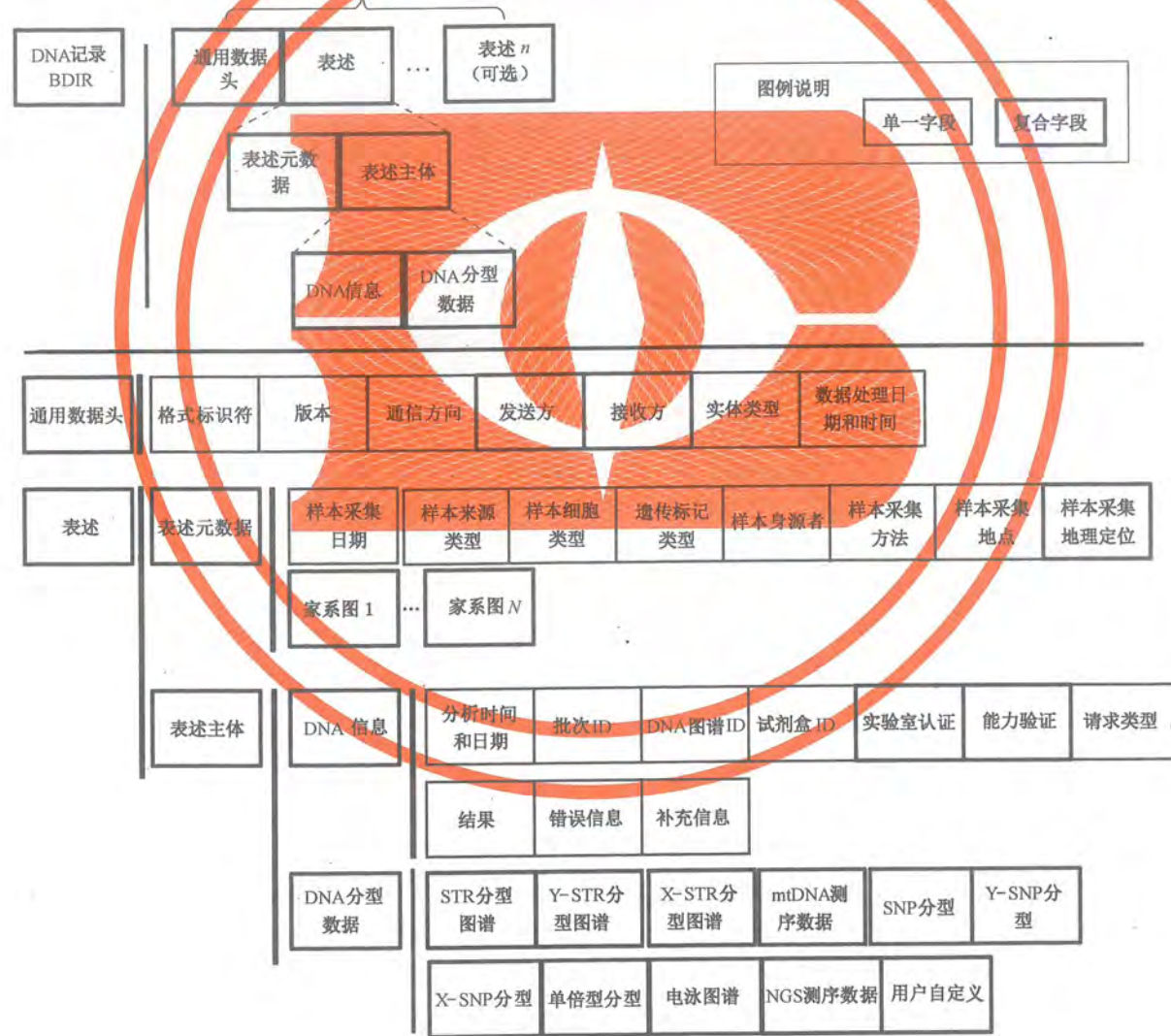


图 1 DNA 记录格式

6.2 数据约定

6.2.1 未知字段值

被标识为 "Unknown" 的字段值表示这个字段的编码信息尚未确定。

6.2.2 XML 编码

XML 编码框架按照 GB/T 26237.1—2022 处理。附录 A 中 DNA 数据的 XML 编码模式符合 XML 框架 GB/T 26237.1—2022 中有关的规范。

6.3 CBEFF 文件头

DNA 记录应遵循 BDIR 结构,应包含一个通用数据头以及一个或多个表述部分。

按照 GB/T 26237.1—2022 规定,DNA 记录格式的生物特征数据记录应嵌入到 CBEFF 的生物特征数据块(BDB)中。如果使用 CBEFF 数据头,则下列规范适用:

CBEFF 维护者格式要求指定 CBEFF BDB 格式所有者和 CBEFF BDB 格式类型这两项作为 CBEFF 数据头中的必选项。

应使用由 CBEFF 注册机构分配给 ISO/IEC JTC1/SC 37 的 CBEFF 生物识别组织标识符指定 CBEFF BDB 格式所有者。此标识符值是十六位值 0x0101。

应使用由 ISO/IEC JTC1/SC 37 分配给该 DNA 记录格式的标识符指定 CBEFF BDB 格式类型。此标识符值是十六位值 0x0020。

GB/T 26237.1—2022 给出了编码所要求的完整 CBEFF 数据头信息。

6.4 DNA 模式内容

6.4.1 DNA 记录通用数据头结构

6.4.1.1 DNA 记录通用数据头组成

DNA 记录通用数据头块由表 1 所示的 7 个字段组成。表格中第一栏所列各个数据字段的详细描述见 6.4.1.2~6.4.1.6。

表 1 DNA 记录通用数据头

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明	必选/可选
格式标识符	字符串	8	"DNA"	DNA	必选
版本	版本类型	8	Major = 3	主版本号为 3	必选
			Minor = 1	次修订号为 1	必选
通信方向	字符串	8	"Request"	请求	必选
			"Answer"	应答	必选
发送方	当事方类型	64	—	见表 3	必选
接收方	当事方类型	64	—	见表 3	必选

表 1 DNA 记录通用数据头 (续)

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明	必选/可选
实体类型	字符串	8	"G""GM""GR"	见实体类型	必选
			"I""IM""IR"		必选
			"O""OM""OR"		必选
			"U""UM""UR"		必选
数据处理日期和时间	日期时间型	8	—	见数据处理日期和时间	必选

6.4.1.2 格式标识符

DNA 分型数据的格式标识符应为字符串"DNA"。

6.4.1.3 版本

版本号应包含主版本号和次修订号,格式在 GB/T 26237.1—2022 中给出。本文件的主版本号为 3,次修订号为 1。

6.4.1.4 通信方向

通信方向字段应表明该信息是请求还是对请求做出的应答,类型应为字符串,通信方表述应符合表 2。

表 2 通信方向

说明	值
请求	"Request"
应答	"Answer"

6.4.1.5 发送方

应使用当事方类型描述发送方数据,由实体名称、负责人姓名(发送人)组成,当事方类型表述应符合表 3。

表 3 当事方类型

字段	数据类型	说明
实体名称	字符串	实验室实体的名称
负责人姓名	字符串	发送人/接收人的姓名

6.4.1.6 接收方

应使用当事方类型描述接收方数据,由国家代码、实体名称、负责人姓名(接收人)组成。

6.4.1.7 实体类型

实体类型包括政府实验室(G)、工业实验室(I)、其他实验室(O)以及未知类型实验室(U)。此外,每个实体还分为快速 DNA 处置单元(R)和流动 DNA 处置单元(M)。字段的数据类型应为字符串,值应是"G""GM""GR""I""IM""IR""O""OM""OR""U""UM""UR"中的一种。

注:快速 DNA 处置单元(R):可在几分钟内从生物体样本中提取 DNA 以备基因测序、疾病诊断和生物取证;流动 DNA 处置单元(M):多功能 DNA 实验室,需分别操作 DNA 提取、扩增、分型等步骤。

6.4.1.8 数据处理日期和时间

数据交换的日期和时间。这一字段应使用国际协调时间(UTC),按照 GB/T 26237.1—2022 给出的格式使用绝对时间值。这一字段编码的是数据处理时间而不是数据采集时间,数据类型为 XML 的内置类型"日期时间型(dateTime)"。

6.4.2 表述元数据

6.4.2.1 表述元数据结构

每一个 DNA 记录都应有一个"表述",表述块分为"表述元数据"和"表述主体"。表述元数据描述了关于数据交换的元数据,表述元数据表述应符合表 4。表格中第一列数据字段的详细描述见 6.4.2.2~6.4.2.10。

表 4 表述元数据

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	必选/可选
样本采集日期	日期时间	8	—	可选
样本来源类型	字符串	32	见表 5	必选
样本类型	字符串	32	见表 6	必选
遗传标记类型	字符串	32	见表 7	必选
样本身源者	字符串	64	"Known"或"Unknown"	必选
样本采集方法	字符串	32	—	可选
样本采集地点	字符串	32	—	可选
样本采集地理定位	地理定位类型	16	—	可选
家系图	家系图类型	—	—	可选

6.4.2.2 样本采集日期

这一日期为样本被采集的日期,该字段应使用国际协调时间(UTC),按照 GB/T 26237.1—2022 给出的格式使用绝对时间值,数据类型为 XML 的内置类型"日期时间型(dateTime)"。

6.4.2.3 样本来源类型

样本来源类型字段应表述 DNA 样本所属的类别,数据类型为字符串,样本来源类型表述应符合表 5。



表 5 样本来源类型

说明	值
嫌疑人	"Arrestee"
疑似孩子	"Claimed Biological Child"
疑似母亲	"Claimed Biological Mother"
疑似父亲	"Claimed Biological Father"
疑似兄弟姐妹	"Claimed Biological Sibling"
疑似配偶	"Claimed Biological Spouse"
生物学子女	"Actual Biological Child"
生物学父亲	"Actual Biological Father"
生物学母亲	"Actual Biological Mother"
生物学兄弟姐妹	"Actual Biological Sibling"
实际配偶	"Actual Biological Spouse"
养子/女	"Adoptive Biological Child"
养父	"Adoptive Biological Father"
养母	"Adoptive Biological Mother"
收养关系的兄弟姐妹	"Adoptive Biological Sibling"
罪犯	"Convicted Offender"
未知法医物证	"Forensic, Unknown"
母系亲属	"Maternal Relative"
失踪者	"Missing Person"
父系亲属	"Paternal Relative"
已知嫌疑人	"Suspect, Known"
身份不明的生者	"Unidentified Living"
身份不明的死者	"Unidentified Dead"
已知受害人	"Victim, Known"
服刑人员	"Detainee"
其他	"Other"
未明确的	"Unspecified"

6.4.2.4 样本类型

样本类型应表明用来提取 DNA 的原始类型,数据类型为字符串,样本类型的表述应符合表 6。

表 6 样本类型

说明	值
血液	"Blood"
骨骼	"Bone"
口腔黏膜细胞	"Buccal Cell"
混合生物检材	"Commingled Biological Material"
毛发	"Hair"
唾液	"Saliva"
精液	"Semen"
皮肤	"Skin"
汗液/指纹	"Sweat/Fingerprint"
尿液	"Urine"
组织	"Tissue"
牙齿(含牙髓)	"Tooth (including Pulp)"
其他	"Other"
未知	"Unknown"
未明确的	"Unspecified"

6.4.2.5 遗传标记类型

遗传标记类型字段应表明 DNA 分型使用的遗传标记类型,数据类型为字符串,遗传标记类型的表述应符合表 7。

表 7 遗传标记类型

说明	值
STR	"STR"
Y-STR	"Y-STR"
X-STR	"X-STR"
mtDNA	"mtDNA"
SNP	"SNP"
Y-SNP	"Y-SNP"
X-SNP	"X-SNP"
用户自定义类型	"User Defined Typing"

6.4.2.6 样本身源者

样本身源者是表明样本身源者身份是否已知的指示,数据类型为字符串,样本身源者的表述应符合表 8。

表 8 样本身源者

说明	值
已知样本身源者	"Known"
未知样本身源者	"Unknown"
鉴定一个身份不明的生者,样本来自于此人,值为"Known";鉴定一个失踪人员,样本可能不是来源于这个失踪人员,值为"Unknown"。	

6.4.2.7 样本采集方法

对样本采集方法的描述,数据类型为字符串。

示例:在鉴定毛发样本时,样本直接采集自嫌犯或收集于犯罪现场。

6.4.2.8 样本采集地点

采集样本的地点,用字符串表示,例如住宅、建筑物或通信地址等。

6.4.2.9 样本采集地理定位

样本采集地点的北斗卫星导航系统(BeiDou Navigation Satellite System, BDS)坐标,采用 2000 国家大地坐标系(China Geodetic Coordinate System 2000, CGCS2000),此坐标可用于支持处理大型灾难遇害者个体识别。样本采集地理定位包含两个浮点数,前一个数值是纬度,后一个数值是经度,样本采集地理信息的表述应符合表 9。

表 9 样本采集地理信息

字段	数据类型	说明
纬度	浮点数	+表示北,-表示南
经度	浮点数	+表示东,-表示西

6.4.2.10 家系图

为了保证家系图的完整,家系图字段是可以重复的,如表 10 所示。一个家系图应至少含有一个成员,其结构应符合表 11、表 12。遗传数据应与提供的信息一致。家系图可用于支持失踪人口鉴定或大规模灾害遇难者识别。每一个家系图都可能含有一个或多个未识别的节点代表未知成员。家系图构建示例见附录 B。

表 10 家系图组成

字段	数据类型	有效值	说明
家系图 1 ..... 家系图 n	家系图类型	—	可有多个家系图 家系图的相关信息见表 11

表 11 家系图

字段	数据类型	有效值	说明
家系 ID	字符串	—	家系的唯一标识符
家系成员 1 ..... 家系成员 n	家系成员类型	—	可有多个家系成员

表 12 家系成员

字段	数据类型	有效值	说明
家系成员 ID	整数	—	家系成员的唯一标识符
样本 ID	字符串	长度小于等于 24	如果样本与家系节点相关联,则应指定样本 ID,并将其包含在家系导入文件的样本部分。有样本的家系节点被认为是“分型”的,没有样本关联的家系节点被认为是“未分型”的
母亲 ID	整数	—	如果有母亲 ID,那么也应有父亲 ID
父亲 ID	整数	—	如果有父亲 ID,那么也应有母亲 ID
家系成员状态	字符串	"Known"或"Unknown"	已知或未知
性别	字符串	"Male"或"Female"	男性或女性

6.4.3 表述主体

6.4.3.1 DNA 信息

6.4.3.1.1 DNA 信息结构

DNA 信息结构应符合表 13。

表 13 DNA 信息

字段	数据类型	长度(Byte)	必选/可选
分析日期和时间	日期时间	8	可选

表 13 DNA 信息 (续)

字段	数据类型	长度(Byte)	必选/可选
批次 ID	字符串	16	必选
DNA 图谱 ID	字符串	16	必选
试剂盒 ID	字符串	32	必选
实验室认证	实验室认证类型	8	必选
能力验证	能力验证类型	16	必选
请求	字符串	16	当通信方向字段值为 "Request" 时必选, 否则可选
结果	字符串	128	当通信方向字段值为 "Answer" 时必选, 否则可选
错误信息	字符串	128	可选
补充信息	字符串	128	可选

6.4.3.1.2 分析日期和时间

数据分析的日期和时间。该字段应使用国际协调时间(UTC),按照 GB/T 26237.1—2022 给出的格式使用绝对时间值,数据类型为 XML 的内置类型“日期时间型(dateTime)”。

6.4.3.1.3 批次 ID

DNA 分型分析的批次识别标识符,数据类型为字符串。

注:如果批次 ID 未知,字符串值应为“Unknown”。

6.4.3.1.4 DNA 图谱 ID

发送方对用于交换的 DNA 图谱的唯一标识符,数据类型为字符串。

6.4.3.1.5 试剂盒 ID

使用的试剂盒的标识符,数据类型为字符串。附录 C(试剂盒 ID)列举了部分用于 DNA 分型的试剂盒。

注:如果试剂盒 ID 未知,字符串应为“Unknown”。

6.4.3.1.6 实验室认证

实验室认证字段表示实验室的质量状态。其结构应与表 14 相符合。实验室可获得多种认证,其结构应符合表 15。

表 14 实验室认证

字段	数据类型	有效值	说明
实验室认证	字符串	实验室认证值的相关信息见表 15	可有多个认证

表 15 实验室认证值

说明	值
未审核	"No validation"
中国合格评定国家认可委员会实验室认可	"CNAS"
中国计量认证	"CMA"
未知	"Unknown"
未指定	"Unspecified"

该字段应允许有多个值,以便表述实验室完整的认证状态。

6.4.3.1.7 能力验证

能力验证字段描述了实验室处理 DNA 的技术能力,其结构应符合表 16。实验室可进行多种能力验证,其结构应符合表 17。

表 16 能力验证

字段	数据类型	有效值	说明
能力验证范围	字符串	能力验证值的相关信息见表 17	可有多个能力验证

表 17 能力验证值

说明	值
血型检验	"Blood Type"
人类血(斑)确证试验	"Human Hemoglobin"
人类精液(斑)确证试验	"Human Semen"
常染色体 STR 及性别检测	"Autosomal STR and Gender"
X 染色体 STR 检测	"X-STR"
线粒体 DNA 检测	"mtDNA"
其他	"Other"
未指定	"Unspecified"

该字段应允许有一至多个值,以便表述实验室完整的能力验证状态。

6.4.3.1.8 请求

该字段用于明确法律约束和规定,其结构应符合表 18。该字段的字符串值应符合表 19。

表 18 请求类型

字段	数据类型	有效值	说明
请求值	请求值	—	请求值的相关信息见表 19
用户自定义	用户自定义类型	—	用户自定义的 DNA 数据类型的相关信息见表 64

表 19 请求值

说明	值
数据提交	"DataSubmission"
数据提交及搜索	"DataSubmissionAndSearch"
搜索	"Search"
用户自定义	"UserDefined"

6.4.3.1.9 结果

比对结果是指将一个未识别的 DNA 或一个参考 DNA 型传输到另一方的数据库中进行匹配或比对。当在另一方的数据库中能够检索到与这一未识别的 DNA 或参考 DNA 型相匹配的结果,那么该比对就称为匹配/比中结果。只有当通信方向是"Answer"时,结果字段才有效。结果字段应符合表 20,该字段的字符串值应符合表 21。

表 20 结果类型

字段	数据类型	有效值	说明
结果值	结果值	—	结果值的相关信息见表 21
比中用户自定义	用户自定义类型	—	用户自定义的 DNA 数据类型的相关信息见表 64
用户自定义	用户自定义类型	—	用户自定义的 DNA 数据类型的相关信息见表 64

表 21 结果值

说明	值
无法处理	"UnableToProcess"

表 21 结果值 (续)

说明	值
未比中	"NoHit"
比中用户自定义	"HitUserDefined"
用户自定义	"UserDefined"

6.4.3.1.10 错误信息

错误信息指示了不一致的 DNA 型别,包括了一对配对和/或通信故障信息。错误信息字段值为字符串。

6.4.3.1.11 补充信息

该字段包含了一段附加信息或注释,补充信息字段值为字符串。

6.4.3.2 DNA 分型数据

6.4.3.2.1 DNA 分型数据类型

DNA 分型数据应符合表 22。

表 22 DNA 分型数据

字段	数据类型	必选/可选
STR 分型图谱	STR 位点类型	样本分型技术字段值为"STR"时必选,否则可选
Y-STR 分型图谱	STR 位点类型	样本分型技术字段值为"Y-STR"时必选,否则可选
X-STR 分型图谱	STR 位点类型	样本分型技术字段值为"X-STR"时必选,否则可选
mtDNA 测序数据	mtDNA 类型	样本分型技术字段值为"mtDNA"时必选,否则可选
SNP 分型	SNP 位点类型	样本分型技术字段值为"SNP"时必选,否则可选
Y-SNP 分型	SNP 位点类型	样本分型技术字段值为"Y-SNP"时必选,否则可选
X-SNP 分型	SNP 位点类型	样本分型技术字段值为"X-SNP"时必选,否则可选
单倍型分型	单倍型类型	样本分型技术字段值为"Haplotype"时必选,否则可选
电泳图谱	电泳图谱数据类型	样本分型技术字段值为"Electropherogram"时必选,否则可选
NGS 测序数据	NGS 数据类型	样本技术分型字段值为"NGS"时必选,否则可选
用户自定义	用户特定数据类型	可选

6.4.3.2.2 STR 分型图谱

STR 分型图谱应当由 STR 位点类型表示,STR 位点类型包含了 STR 位点,其应符合表 23。

表 23 STR 位点类型

字段	数据类型	有效值	说明
STR 位点	STR 位点信息类型	—	可有多于个 STR 位点 STR 位点的相关信息见表 24

STR 位点应由 STR 位点类型表示,由 STR 位点数据头和 STR 等位基因分型组成,其应符合表 24。

表 24 STR 位点

字段	数据类型	有效值	说明
STR 位点数据头	STR 位点数据头类型	—	STR 位点数据头的 相关信息见表 25
STR 等位基因分型	STR 等位基因分型类型	—	可有多于个等位基因 STR 等位基因分型 的相关信息见表 26

STR 位点数据头应由 STR 位点数据头类型表示,由 STR 位点名称、STR 等位基因分型结果以及 STR 状态组成,其应符合表 25。

表 25 STR 位点数据头

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
STR 位点名称	字符串	16	—	应符合附录 D 要求
STR 状态	字符串	8	"Normal", "SilentAllele", "NotDetermined", "NotAnalysed"	见表下说明
"Normal"状态表示正常状态。 "SilentAllele"状态表示没有找到等位基因。 "NotDetermined"状态表示没有正确判定。 "NotAnalysed"状态表示没有分析。				

STR 等位基因分型数据头应由 STR 等位基因分型类型表示,该字段应包含 STR 运算符和 STR 等位基因分型结果,其应符合表 26。

表 26 STR 等位基因分型

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
STR 运算符	字符串	8	"Equal", "LowerLimit", "UpperLimit", "Range"	等于,下限,上限,范围
STR 等位基因 1	浮点数	8	—	有且仅出现 1 次

表 26 STR 等位基因分型 (续)

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
STR 等位基因 2	浮点数	8	—	只有当运算符为"Range"时出现,且只出现 1 次

STR 位点的名称应符合附录 D 要求。

因为 STR 等位基因分型 1 的数据类型为浮点数,当 STR 位点为"Amelogenin"时,STR 等位基因 1 赋值"0"表示"X",或赋值"1"表示"Y"。

6.4.3.2.3 Y-STR 分型图谱

每个 Y-STR 位点分型由 STR 位点类型表述。Y-STR 位点的名称应符合附录 D 要求。

6.4.3.2.4 X-STR 分型图谱

每个 X-STR 位点分型由 STR 位点类型表述。X-STR 位点的名称应符合附录 D 要求。

6.4.3.2.5 mtDNA 测序数据

尽管 mtDNA 测序是一种成熟的分析工具,但在对结果的分析解释时,可能会有新的位点等位基因和单倍型序列数据在数据库中没有,造成比对困难。考虑到 mtDNA 的差异(与参考序列不同),将参照区域划分成两个区域(即便 HV3 存在)以确保所有的插入/缺失/多聚胞嘧啶区都被包含在内,解决结果解读的问题。这一方法使得任何接收数据方能够用他们惯用的方式去利用数据(利用全序列或者用他们自己的方法去解读全序列)。由此产生的数据将与接收方的数据库一致,并且能够互换使用,其应符合表 27。

——Mito 参照区域 1:包括 HV1 在内,起始于 16 024 并终结于 16 569。字符串的长度为 546 个字符。

——Mito 参照区域 2:包括 HV2 和 HV3,起始于 1 并终结于 576,字符串的长度应为 576 个字符。

表 27 mtDNA 类型

字段	数据类型	说明
线粒体参照区域 1	字符串	IUPAC 字符值的相关信息见表 28
线粒体参照区域 2	字符串	IUPAC 字符值的相关信息见表 28
线粒体 DNA 质量 1	字符串	—
线粒体 DNA 质量 2	字符串	—

DNA 碱基类型的字符值应与表 28 相符合。有效的序列字母为"A""T""C""G"以及 IUPAC 多义代码。另外,字母"U"常被用于表示"C"的化学降解。没有值的位置应设为零(0)。

表 28 IUPAC 字符值

IUPAC 值	定义
G	鸟嘌呤
A	腺嘌呤
T	胸腺嘧啶
C	胞嘧啶
R	G、A
Y	T、C
M	A、C
K	G、T
S	G、C
W	A、T
H	A、C、T
B	G、T、C
V	G、C、A
D	G、A、T
N	G、A、T、C
—	缺失

6.4.3.2.6 SNP 分型

SNP 分型应由 SNP 位点类型表示, SNP 位点类型包含了 SNP 位点信息, 其应符合表 29。

表 29 SNP 位点类型

字段	数据类型	有效值	说明
SNP 位点信息	SNP 位点信息类型	—	可有多位点 SNP 位点的相关信息见表 30

SNP 位点信息应由 SNP 位点信息类型表示, 包含 SNP 位点数据头和 SNP 等位基因分型, 其应符合表 30。

表 30 SNP 位点信息

字段	数据类型	有效值	说明
SNP 位点数据头	SNP 位点数据头类型	—	SNP 位点数据头的 相关信息见表 31

表 30 SNP 位点信息 (续)

字段	数据类型	有效值	说明
SNP 等位基因分型	SNP 等位基因分型类型	—	可有多等位基因 SNP 等位基因分型的相关信息见表 32

SNP 位点数据头应由 SNP 位点数据头类型表示, 包含 SNP 位点名称、SNP 等位基因分型以及 SNP 状态, 其应符合表 31。

表 31 SNP 位点数据头

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
SNP 位点名称	字符串	16	—	应符合附录 D 要求
SNP 状态	字符串	8	"Normal", "NotDetermined", "NotAnalysed"	见说明
"Normal" 状态表示状态正常。 "NotDetermined" 状态表示没有正确判定。 "NotAnalysed" 状态表示没有被分析。				

SNP 等位基因分型数据头应表明 SNP 等位基因分型类型, SNP 等位基因分型类型字段应包含 SNP 运算符和 SNP 等位基因分型结果, 其应符合表 32。

表 32 SNP 等位基因分型

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
SNP 运算符	字符串	8	"Equal", "Range"	等于, 范围
SNP 等位基因 1	字符串	8	A、T、C、G	有且仅出现 1 次
SNP 等位基因 2	字符串	8	A、T、C、G	只有当运算符为 "Range" 时 出现, 且只出现 1 次

SNP 位点的名称应符合附录 D 要求。

6.4.3.2.7 Y-SNP 分型

每个 Y-SNP 位点分型由 SNP 位点类型表述。

6.4.3.2.8 X-SNP 分型

每个 X-SNP 位点分型由 SNP 位点类型表述。

6.4.3.2.9 单倍型分型

单倍型分型类型应由单倍型类型表示, 单倍型类型包括单倍型信息, 其应符合表 33。

表 33 单倍型类型

字段	数据类型	有效值	说明
单倍型信息	单倍型信息类型	—	可有多单倍型 单倍型的相关信息见表 34

单倍型信息应由单倍型信息类型表示,包含单倍型数据头和单倍型分型,其应符合表 34。

表 34 单倍型信息

字段	数据类型	有效值	说明
单倍型数据头	单倍型数据头类型	—	单倍型数据头的相关信息见表 35
单倍型分型	单倍型分型类型	—	单倍型分型的相关信息见表 36

单倍型数据头应由单倍型数据头类型表示,包含单倍型名称、单倍型分型结果以及单倍型状态,其应符合表 35。

表 35 单倍型数据头

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
单倍型名称	字符串	16	—	应符合附录 D 要求
单倍型状态	字符串	8	"Normal", "NotDetermined", "NotAnalysed"	见表下说明
"Normal"状态表示正常状态。 "NotDetermined"状态表示不能正确判定。 "NotAnalysed"状态表示没有分析。				

单倍型分型应表明单倍型分型类型,单倍型分型类型字段应包含单倍型运算符和单倍型分型结果,其应符合表 36。

表 36 单倍型分型

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
单倍型运算符	字符串	8	"Equal", "Range"	等于,范围
单倍型 1	字符串	16	—	有且仅出现 1 次
单倍型 2	字符串	16	—	只有当运算符为"Range"时出现,且只出现 1 次

6.4.3.2.10 电泳图谱

6.4.3.2.10.1 电泳图谱类型

电泳图谱是通过电泳自动测序分析得到的等位基因或序列分型图,表述 DNA 分型、亲子鉴定、

DNA 测序等结果,其应符合表 37。

表 37 电泳图谱

字段	数据类型	有效值	说明
原始电泳图谱	原始电泳图谱类型	—	原始电泳图谱的相关信息见表 38
参考电泳图谱	参考电泳图谱类型	—	参考电泳图谱的相关信息见表 49
线粒体序列图谱	线粒体序列图谱类型	—	线粒体序列图谱的相关信息见表 50

6.4.3.2.10.2 原始电泳图谱

时间和荧光强度、时间与碱基对关联数据、Panel 数据、bin 数据应当被包括在电泳图谱的原始数据中,其应符合表 38。

表 38 原始电泳图谱

字段	数据类型	有效值	说明
时间和荧光强度	时间和荧光强度类型	—	时间和荧光强度的相关信息见表 39
时间与碱基对关联数据	时间与碱基对关联数据类型	—	时间与碱基对关联数据类型的相关信息见表 42
panel 数据	panel 数据类型	—	panel 数据的相关信息见表 44
bin 数据	bin 数据类型	—	bin 数据的相关信息见表 46
panel 表示所用试剂盒所包含的位点信息或检测的遗传标记信息。 bin 表示对应每个位点或位点所包含的等位基因。			

波谱信息包含“时间和荧光强度”和“时间与碱基对关联数据”两个数据。“时间和荧光强度”表示荧光检测峰值高度和时间,其应符合表 39、表 40、表 41。

表 39 时间和荧光强度

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
运行名称	字符串	8	—	用户自定义
样本文件名称	字符串	8	—	用户自定义
电泳图谱染料	电泳图谱染料类型	—	—	电泳图谱染料的相关信息见表 40

表 39 时间和荧光强度 (续)

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
电泳图谱时间 1 ..... 电泳图谱时间 n	电泳图谱时间类型	—	—	可有多个时间数据电泳图谱时间的相关信息见表 41

表 40 电泳图谱染料

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
染料名称 1 ..... 染料名称 n	字符串	8	—	可有多个染料颜色名称, 现常用的有四色、五色和六色荧光染料

表 41 电泳图谱时间

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
运行时间	整数	8	—	—
染料 1 荧光强度 ..... 染料 n 荧光强度	浮点数	8	—	可有多个染料荧光强度

“时间与碱基对关联数据”通常产生于电泳分析中,其应与表 42 相符合。由于电泳只能检测时间和峰值强度,所以在电泳中使用了分子量内标。时间和碱基对之间的关联性可以通过分子量内标(可被认作“参考样本”)的电泳图谱计算获得。“时间与碱基对关联数据”便是分子量内标的检测时间和碱基对关联性的计算结果,其应符合表 43。

表 42 时间与碱基对关联数据类型

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
运行名称	字符串	8	—	用户自定义
样本文件名称	字符串	8	—	用户自定义
关联数据 1 ..... 关联数据 n	关联数据类型	—	—	可有多个关联数据关联数据的相关信息见表 43

表 43 关联数据

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
运行时间	整数	8	—	—
碱基对长度	浮点数	8	—	最小为 0

位点分型信息包含了“panel 数据”和“bin 数据”两个数据。

在电泳图谱中,panel 数据和 bin 数据同时用于确定等位基因。panel 数据描述了一组含有一个或多个位点的 bin 数据,包括染料颜色,正确的扩增大小区间和电泳图峰值高度比(峰值高度比可被读出),其应符合表 44、表 45。

表 44 Panel 数据

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
引物名称	字符串	8	—	用户自定义
panel 等位基因 1 ..... panel 等位基因 n	Panel 等位基因类型	—	—	可有多个等位基因集 panel 等位基因的相关信息见表 45

表 45 Panel 等位基因

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
位点名称	字符串	16	—	位点名称类似 D8S1179
染料名称	字符串	8	—	用于分析这一位点的染料
最小的等位基因	浮点数	8	—	最小为 0
最大的等位基因	浮点数	8	—	最小为 0
噪声比率	浮点数	8	0.0~1.0	表明能够分析出有效读出的荧光强度

根据每个位点的等位基因(重复次数)编制 bin 数据,bin 数据描述了扩增大小的范围,其应符合表 46、表 47、表 48。

表 46 Bin 数据

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
引物集名称	字符串	8	—	用户自定义
bin 位点 1 ..... bin 位点 n	bin 位点类型	—	—	可有多个 bin 位点 bin 位点类型的相关信息见表 47



表 47 Bin 位点

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
位点名称	字符串	16	—	位点名称,例如 D8S1179
bin 分型 1 ..... Bin 分型 n	bin 分型类型	—	—	可有多多个 bin 分型 bin 分型的相关信息见表 48

表 48 Bin 分型

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
等位基因分型	STR 等位基因分型类型	—	—	等位基因分型的相关信息见表 26
平均碱基对长度	浮点数	8	—	当次读出的平均碱基长度
碱基对长度负偏差	浮点数	8	—	平均碱基对长度的最大负偏差
碱基对长度正偏差	浮点数	8	—	平均碱基对长度的最大正偏差

6.4.3.2.10.3 参考电泳图谱

参考电泳图谱将“时间”和“荧光强度数据”作为原始数据,其应符合表 49。

表 49 参考电泳图谱

字段	数据类型	有效值	说明
时间和荧光强度	时间和荧光强度类型	—	时间和荧光强度的 相关信息见表 39

6.4.3.2.10.4 线粒体序列图谱

为了描述线粒体序列数据的电泳图谱,需要“时间(运行期内)和荧光强度数据”以及“碱基的染料分配”,其应符合表 50。“碱基的染料分配”应当表示关联的染料名称和碱基类型,因此应有两个字段,即“染料名称”和“碱基类型”,其应符合表 51。

表 50 线粒体序列图谱

字段	数据类型	有效值	说明
时间和荧光强度	时间和荧光强度类型	—	时间和荧光强度的 相关信息见表 39
碱基 1 的染料 ..... 碱基 n 的染料	碱基的染料类型	—	IUPAC 值 碱基的染料类型见表 51

表 51 碱基的染料

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
染料名称	字符串	8	—	—
碱基类型	字符串	8	IUPAC 值	碱基类型的字符串的 相关信息见表 28

6.4.3.2.11 NGS 测序数据

6.4.3.2.11.1 NGS 测序数据类型

NGS 测序数据是指高通量测序获得的原始序列数据、信息分析过程中关键数据以及最终得到的 DNA 分型数据,包括原始序列数据、比对图谱数据及 panel 数据,其应符合表 52。通过对 NGS 数据分析,可以获得 STR 位点或 SNP 位点基因型,可用于进行个体识别、亲子鉴定、生物证据分析、DNA 档案、DNA 身份证、种族溯源等。高通量测序数据通过信息分析即可获得 STR 位点、SNP 位点、单倍型等结果。

表 52 NGS 数据类型

字段	数据类型	有效值	说明
原始序列数据	原始序列数据类型	—	原始序列数据的 相关信息见表 53
比对图谱数据	比对图谱数据类型	—	位点数据的相 关信息见表 59

6.4.3.2.11.2 原始序列数据

读长、类型、数据量、序列四个数据应当被包括在 NGS 原始数据中,其应符合表 53。

表 53 原始序列数据

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
读长	整数	8	—	不同测序平台测序读长不同
类型	字符串	8	"PE""SE"	PE 表示双端测序,SE 表示单端测序
数据量	浮点数	8	—	—
序列	测序序列类型	—	—	序列数据的相关信息见表 54

读长、类型是高通量测序设备的基本性能参数,决定了完成一次测序序列的形式,检测不同遗传标记的等位基因,会选择合适的测序设备。测序是为了得到目的 DNA 片段的碱基排列顺序和数目,也是 DNA 分型信息分析的最原始数据。

序列数据包含序列 ID、碱基排列顺序及测序质量,其应符合表 54、表 55、表 56。

表 54 序列数据

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
序列 ID	字符串	8	—	用户自定义
碱基排列顺序	碱基类型	—	—	碱基排列数据的相关信息见表 55
测序质量	测序质量类型	—	—	测序质量的相关信息见表 56

表 55 碱基排列顺序

字段	数据类型	有效值	说明
碱基 1 ..... 碱基 n	字符串	—	IUPAC 值 IUPAC 字符值的相关信息见表 28

表 56 测序质量

字段	数据类型	有效值	说明
质量 1 ..... 质量 n	质量值类型	—	字符值质量的相关信息见表 57

不同测序平台会根据自身需要选择不同的字符来定义测序数据质量,按照 GB/T 1988—1998 的图形符号值确定质量字符值,质量字符值和质量得分的关系可分为 Phred+33 和 Phred+64 两种,其应符合表 57。

表 57 字符质量值

字符	质量得分		说明
	Phred+33	Phred+64	
!	0	—	质量数据分值,不同测序平台选择不同质量字符与质量得分关系转换方式
"	1	—	
#	2	—	
\$	3	—	
%	4	—	
...	...	—	
@	31	0	
A	32	1	

表 57 字符质量值(续)

字符	质量得分		说明
	Phred+33	Phred+64	
...	...	...	质量数据分值,不同测序平台选择不同质量字符与质量得分关系转换方式
H	39	8	
I	40	9	
J	41	10	
K	42	11	
...	—	...	
h	—	40	
i	—	41	
j	—	42	

6.4.3.2.11.3 比对图谱数据

位点数据、覆盖深度、NGS panel 数据应当包括在 NGS 比对图谱数据中,其应符合表 58、表 59、表 60。

表 58 比对图谱数据

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
位点数据	位点类型	—	—	位点数据的相关信息见表 59
覆盖深度	浮点数	8	>0	—
NGS panel 数据	NGS panel 数据类型	—	—	NGS panel 数据的相关信息见表 62

表 59 位点数据

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
运行名称	字符串	8	—	用户自定义
样本文件名称	字符串	8	—	用户自定义
比对图谱位点	比对图谱位点类型	—	—	比对图谱位点的相关信息见表 60

表 60 比对图谱位点

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
位点名称	字符串	16	—	应符合附录 D 要求
等位基因 1 ..... 等位基因 n	等位基因类型	—	—	等位基因数据的 相关信息见表 61

针对 SNP 位点,通过信息分析读出等位基因覆盖深度,去除低于信号阈值的等位基因,进而判断位点基因型,其应符合表 61。对于 STR 位点,为了保持与毛细管电泳技术的兼容性,仍然以判断核心重复单元的个数来判断 STR 分型。

表 61 等位基因数据

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
等位基因分型	字符串	8	"STR" "Y-STR" "X-STR" "mtDNA" "SNP" "Y-SNP" "X-SNP" "Haplotype"	—
等位基因覆盖深度	浮点数	8	>0	—
噪声比	浮点数	8	>0	—

与电泳图谱数据信息一致,panel 数据也被用于高通量测序比对图谱来确定等位基因。NGS panel 数据描述了一组含有一个或多个位点的等位基因型,包括以重复单元的个数表示的 STR 分型结果和以 A、C、G、T 表示的 SNP、单倍型分型结果,其应符合表 62、表 63。

表 62 NGS Panel 数据

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
位点集名称	字符串	8	—	用户自定义
panel 位点 1 ... panel 位点 n	panel 位点类型	—	—	可有多位点集 NGS panel 位点类型的 相关信息见表 63

表 63 NGS Panel 位点类型

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
位点名称	字符串	16	—	应符合附录 D 要求
位点分型数据	字符串	8	"STR" "Y-STR" "X-STR" "mtDNA" "SNP" "Y-SNP" "X-SNP" "Haplotype"	—

表 63 NGS Panel 位点类型 (续)

字段	数据类型	长度(Byte)	有效值	说明
最小等位基因	浮点数	8	—	只有当位点分型数据为"STR" "Y-STR" "X-STR" "mtDNA" 时可选,否则不选
最大等位基因	浮点数	8	—	只有当位点分型数据为"STR" "Y-STR" "X-STR" "mtDNA" 时可选,否则不选
等位基因 1 ... 等位基因 n	字符串	8	A、T、C、G	只有当位点分型数据为 "SNP" "Y-SNP" "X-SNP" "Haplotype"时可选, 可有多个等位基因

6.4.3.2.12 用户自定义的数据

用户自定义的 DNA 数据应符合表 64。

表 64 用户自定义的 DNA 数据类型

字段	数据类型	有效值	说明
分型编码	字符串	—	—
数据	Base64 二进制	—	Base64 编码

附录 E 列举了一些不同类型的 DNA 分型数据示例。

附录 A  
(规范性)  
DNA XML 模式

下面提供了一个 DNA XML 模式,这个模式在符合 GB/T 26237.1—2022(XML 编码框架)规则及定义基础上进行自定义化及同步化。

```
<? xml version="1.0" encoding="UTF-8"? >
```

```
<! —
```

特此永久免费授予任何获得本模式副本的人免费使用、复制、修改、合并和分发该副本的许可,以用于开发、实现、安装和使用基于本模式的软件,但须符合以下条件:本模式以原版提供,不带有任何种类的、明示、暗示的担保,包括但不限于适销性、对于某个特定目的适应性和非侵权性。在任何情况下,无论是在合约,侵权行为或其他情景中,该模式的作者或版权所有方都不对任何索赔、损害或其他责任负责,无论该索赔、损害或其他责任由该模式引起或与该模式、该模式相关的交易行为有关。此外,对该模式的任何修改都需要包含以下公告:“该模式是由 ISO/IEC 19794-14 描述的模式修改而来,并且不应被解释为符合该标准。”

```
—>
```

```
<xs:schema
  xmlns:xs="http://www.w3.org/2001/XMLSchema"
  xmlns="http://standards.iso.org/iso-iec/19794/-14/ed-1"
  xmlns:dna="http://standards.iso.org/iso-iec/19794/-14/ed-1"
  xmlns:cmn="http://standards.iso.org/iso-iec/19794/-1/ed-2/amd/2"
  targetNamespace="http://standards.iso.org/iso-iec/19794/-14/ed-1"
  elementFormDefault="qualified"
  attributeFormDefault="unqualified">
  <xs:annotation>
    <xs:documentation>本 XML 模式包含 DNA 数据交换中所使用的所有复杂和简单类型的定义
    </xs:documentation>
    <xs:documentation>Status: DIS v1.0</xs:documentation>
  </xs:annotation>
  <xs:import
    schemaLocation="19794-1_ed2_amd2.xsd"
    namespace="http://standards.iso.org/iso-iec/19794/-1/ed-2/amd/2"
    Chinese-English-list="https://github.com/BGI-FGI/Chinese-DNA-Format-Standard/blob/master/Chinese-English%20Human%20DNA%20List.md"/>
  <xs:simpleType name="StrLocusStatusType">
    <xs:restriction base="xs:string">
      <xs:enumeration value="Normal"/>
      <xs:enumeration value="SilentAllele"/>
      <xs:enumeration value="NotDetermined"/>
      <xs:enumeration value="NotAnalysed"/>
    </xs:restriction>
  </xs:simpleType>
```

```
</xs:restriction>
</xs:simpleType>

<xs:complexType name="StrLocusHeaderType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="NameOfStrLocusMarker" type="xs:string"/>
    <xs:element name="StrStatus" type="StrLocusStatusType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:simpleType name="StrOperatorType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="Equal"/>
    <xs:enumeration value="LowerLimit"/>
    <xs:enumeration value="UpperLimit"/>
    <xs:enumeration value="Range"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

<xs:complexType name="StrAlleleCallType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="StrOperator" type="StrOperatorType"/>
    <xs:element name="StrAlleleCallNumber1" type="xs:float"/>
    <xs:element name="StrAlleleCallNumber2" type="xs:float" minOccurs="0"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="StrLocusInfoType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="StrLocusHeader" type="StrLocusHeaderType"/>
    <xs:element name="StrAlleleCall" type="StrAlleleCallType" maxOccurs="unbounded"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="StrLocusType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="StrLocusInformation" type="StrLocusInfoType" minOccurs="0"
maxOccurs="unbounded"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>
```

```

<xs:simpleType name="IupacType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:pattern value="[GATCRYMKSWHBVDN]+" />
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

```

```

<xs:complexType name="MtDnaType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="MitoControlRegion1" type="IupacType" />
    <xs:element name="MitoControlRegion2" type="IupacType" />
    <xs:element name="MitoDnaQuality1" type="xs:string" />
    <xs:element name="MitoDnaQuality2" type="xs:string" />
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

```

```

<xs:simpleType name="SnpLocusStatusType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="Normal" />
    <xs:enumeration value="NotDetermined" />
    <xs:enumeration value="NotAnalysed" />
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

```

```

<xs:complexType name="SnpLocusHeaderType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="NameOfSnpLocusMarker" type="xs:string" />
    <xs:element name="SnpStatus" type="SnpLocusStatusType" />
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

```

```

<xs:simpleType name="SnpOperatorType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="Equal" />
    <xs:enumeration value="Range" />
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

```

```

<xs:simpleType name="AlleleReadType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="A" />
    <xs:enumeration value="T" />

```

```

  <xs:enumeration value="C" />
  <xs:enumeration value="G" />
</xs:restriction>
</xs:simpleType>

```

```

<xs:complexType name="SnpAlleleCallType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="SnpOperator" type="SnpOperatorType" />
    <xs:element name="SnpAlleleCallNumber1" type="AlleleReadType" />
    <xs:element name="SnpAlleleCallNumber2" type="AlleleReadType" />
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

```

```

<xs:complexType name="SnpLocusInfoType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="SnpLocusHeader" type="SnpLocusHeaderType" />
    <xs:element name="SnpAlleleCall" type="SnpAlleleCallType" maxOccurs="unbound-
ed" />
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

```

```

<xs:complexType name="SnpLocusType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="SnpLocusInformation" type="SnpLocusInfoType" minOccurs="0"
maxOccurs="unbounded" />
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

```

```

<xs:simpleType name="HaplotypeStatusType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="Normal" />
    <xs:enumeration value="NotDetermined" />
    <xs:enumeration value="NotAnalysed" />
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

```

```

<xs:complexType name="HaplotypeHeaderType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="NameOfHaplotypeMarker" type="xs:string" />
    <xs:element name="HaplotypeStatus" type="HaplotypeStatusType" />
  </xs:sequence>

```

```

</xs:complexType>

<xs:simpleType name="HaplotypeOperatorType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="Equal"/>
    <xs:enumeration value="Range"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

<xs:complexType name="HaplotypeAlleleCallType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="HaplotypeOperator" type="HaplotypeOperatorType"/>
    <xs:element name="HaplotypeAlleleCallNumber1" type="xs:string"/>
    <xs:element name="HaplotypeAlleleCallNumber2" type="xs:string"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="HaplotypeInfoType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="HaplotypeHeader" type="HaplotypeHeaderType"/>
    <xs:element name="HaplotypeAlleleCall" type="HaplotypeAlleleCallType"
maxOccurs="unbounded"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="HaplotypeType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="HaplotypeInformation" type="HaplotypeInfoType"
minOccurs="0" maxOccurs="unbounded"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="UserDefinedType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="TypeCode" type="xs:string" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="Data" type="xs:base64Binary"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="ElectropherogramTimeDataType">
  <xs:sequence>

```

```

    <xs:element name="TimeInTheRun" type="xs:integer"/>
    <xs:element name="FluorescenceStrengths" minOccurs="0"/>
      <xs:complexType>
        <xs:sequence>
          <xs:element name="FluorescenceStrength" type="xs:float" minOccurs="0"
maxOccurs="unbounded"/>
        </xs:sequence>
      </xs:complexType>
    </xs:element>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="ElectropherogramDyeDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="DyeName" type="xs:string" minOccurs="0"
maxOccurs="unbounded"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="TfsdType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="RunName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="SampleFileName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="ElectropherogramDyeDataSet" minOccurs="0"/>
      <xs:complexType>
        <xs:sequence>
          <xs:element name="ElectropherogramDyeData"
type="ElectropherogramDyeDataType" minOccurs="0" maxOccurs="unbounded"/>
        </xs:sequence>
      </xs:complexType>
    </xs:element>
    <xs:element name="ElectropherogramTimeDataSet" minOccurs="0"/>
      <xs:complexType>
        <xs:sequence>
          <xs:element name="ElectropherogramTimeData"
type="ElectropherogramTimeDataType" minOccurs="0" maxOccurs="unbounded"/>
        </xs:sequence>
      </xs:complexType>
    </xs:element>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

```

```

<xs:complexType name="CorrespondenceDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="TimeInTheRun" type="xs:integer"/>
    <xs:element name="BasePairSize" type="xs:float" minOccurs="0"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="TbpcType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="RunName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="SampleFileName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="CorrespondenceDataSet" minOccurs="0"/>
    <xs:complexType>
      <xs:sequence>
        <xs:element name="CorrespondenceData" type="CorrespondenceDataType"
minOccurs="0" maxOccurs="unbounded"/>
      </xs:sequence>
    </xs:complexType>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="PanelAlleleDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="LocusName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="DyeName" type="xs:string" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="MinAlleleSize" type="xs:float" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="MaxAlleleSize" type="xs:float" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="NoiseRatio" type="xs:float" minOccurs="0"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="PanelType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="PrimerSetName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="PanelAlleleDataSet" minOccurs="0"/>
    <xs:complexType>
      <xs:sequence>
        <xs:element name="PanelAlleleData" type="PanelAlleleDataType"
minOccurs="0" maxOccurs="unbounded"/>
      </xs:sequence>
    </xs:complexType>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

```

```

</xs:complexType>
</xs:element>
</xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="BinCallDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="StrAlleleCall" type="StrAlleleCallType"/>
    <xs:element name="AverageBasePairSize" type="xs:float"/>
    <xs:element name="MinusDeviationBasePairSize" type="xs:float"/>
    <xs:element name="PlusDeviationBasePairSize" type="xs:float"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="BinLocusDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="LocusName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="BinCallDataSet" minOccurs="0"/>
    <xs:complexType>
      <xs:sequence>
        <xs:element name="BinCallData" type="BinCallDataType" minOccurs="0"
maxOccurs="unbounded"/>
      </xs:sequence>
    </xs:complexType>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="BinType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="PrimerSetName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="BinLocusDataSet" minOccurs="0"/>
    <xs:complexType>
      <xs:sequence>
        <xs:element name="BinLocusData" type="BinLocusDataType" minOccurs="0"
maxOccurs="unbounded"/>
      </xs:sequence>
    </xs:complexType>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

```

```

<xs:complexType name="EpgType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="TfsdData" type="TfsdType"/>
    <xs:element name="TbpcData" type="TbpcType"/>
    <xs:element name="PanelData" type="PanelType"/>
    <xs:element name="BinData" type="BinType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="EpgRefType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="TfsdData" type="TfsdType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="DyeBaseAssignType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="DyeName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="BaseType" type="IupacType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="EpgMitoType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="TfsdData" type="TfsdType"/>
    <xs:element name="DyeBaseAssignment" type="DyeBaseAssignType" minOccurs="0"
maxOccurs="unbounded"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="ElectropherogramType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="SampleData" type="EpgType"/>
    <xs:element name="ReferenceData" type="EpgRefType"/>
    <xs:element name="MitoEpgData" type="EpgMitoType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="NgsQualityDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="QualityValue" type="QualityValueType" minOccurs="0"

```

```

maxOccurs="unbounded"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="BaseDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="BaseRead" type="IupacType" minOccurs="0"
maxOccurs="unbounded"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="NgsType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="NgsID" type="xs:string"/>
    <xs:element name="BaseData" type="BaseDataType"/>
    <xs:element name="NgsQualityValue" type="NgsQualityValueType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:simpleType name="NgsMethodType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="Pe"/>
    <xs:enumeration value="Se"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

<xs:complexType name="RawDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="NgsReadLength" type="xs:Integer"/>
    <xs:element name="NgsMethod" type="NgsMethodType"/>
    <xs:element name="NgsDataSize" type="xs:float"/>
    <xs:element name="Ngsequence" type="NgsequenceType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="NgsAlleleDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="NgsAlleleCallData" type="SampleTypingTechnologyType"/>
    <xs:element name="NgsAlleleDepth" type="xs:float" minInclusive="1"/>
    <xs:element name="NoiseRatio" type="xs:float" minInclusive="1"/>
  </xs:sequence>

```



```

</xs:complexType>

<xs:complexType name="ComSeqLocusDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="LocusName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="NgsAlleleData" type="NgsAlleleDataType" minOccurs="0"
maxOccurs="unbounded"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="LocusDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="RunName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="SampleFileName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="CompSeqLocusData" type="ComSeqLocusDataType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="NgsPanelDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="LocusName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="NgsPanelAlleleCallData" type="SampleTypingTechnologyType"/>
    <xs:element name="MinAlleleSize" type="xs:float" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="MaxAlleleSize" type="xs:float" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="AlleleSetData" type="AlleleReadType" minOccurs="0"/>
    <xs:complexType>
      <xs:sequence>
        <xs:element name="AlleleData" type="AlleleReadType"
minOccurs="0" maxOccurs="unbounded"/>
      </xs:sequence>
    </xs:complexType>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="NgsPanelType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="NgsPanelSetName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="NgsPanelSetData" type="NgsPanelDataType" minOccurs="0"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

```

```

    <xs:element name="NgsPanelData" type="NgsPanelDataType" minOccurs="0"
maxOccurs="unbounded"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="ComparisonSeqDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="LocusData" type="LocusDataType"/>
    <xs:element name="NgsDepth" type="xs:float" minInclusive="1"/>
    <xs:element name="NgsPanelData" type="NgsPanelType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="NgsDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="RawData" type="RawDataType"/>
    <xs:element name="ComparisonSeqData" type="ComparisonSeqDataType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="DnaTypingType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="StrDnaType" type="StrLocusType" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="YstrDnaType" type="StrLocusType" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="MtDnaData" type="MtDnaType" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="SnpDnaType" type="SnpLocusType" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="HaplotypeDnaData" type="HaplotypeDnaType" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="Electrophrogram" type="ElectropherogramType" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="NgsDnaData" type="NgsType" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="UserDefinedDnaData" type="UserDefinedType" minOccurs="0"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:simpleType name="RequestValue">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="DataSubmission"/>
    <xs:enumeration value="DataSubmissionAndSearch"/>
    <xs:enumeration value="Search"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

```

```

    <xs:enumeration value="UserDefined"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

<xs:simpleType name="ResultValue">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="UnableToProcess"/>
    <xs:enumeration value="NoHit"/>
    <xs:enumeration value="HitUserDefined"/>
    <xs:enumeration value="UserDefined"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

<xs:complexType name="RequestType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="RequestValue" type="RequestValue"/>
    <xs:element name="UserDefined" type="UserDefinedType" minOccurs="0"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="ResultType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="ResultValue" type="ResultValue"/>
    <xs:element name="HitUserDefined" type="UserDefinedType" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="UserDefined" type="UserDefinedType" minOccurs="0"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:simpleType name="LabCertificationType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="NoValidation"/>
    <xs:enumeration value="Cnas"/>
    <xs:enumeration value="Cma"/>
    <xs:enumeration value="Unknown"/>
    <xs:enumeration value="Unspecified"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

<xs:simpleType name="SoaType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="BloodType"/>

```

```

    <xs:enumeration value="HumanHemoglobin"/>
    <xs:enumeration value="HuamnSemen"/>
    <xs:enumeration value="AutosomalStrAndGender"/>
    <xs:enumeration value="Y-Str"/>
    <xs:enumeration value="X-Str"/>
    <xs:enumeration value="MtDna"/>
    <xs:enumeration value="Other"/>
    <xs:enumeration value="Unspecified"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

<xs:complexType name="DnaTypingDataType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="DateAndTimeOfAnalaysis" type="xs:dateTime"/>
    <xs:element name="BatchId" type="xs:string" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="DnaProfileId" type="xs:string" minOccurs="1"/>
    <xs:element name="KitId" type="xs:string" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="LabCertifications" minOccurs="0"/>
    <xs:complexType>
      <xs:sequence>
        <xs:element name="LabCertification" type="LabCertificationType"
minOccurs="0" maxOccurs="unbounded"/>
      </xs:sequence>
    </xs:complexType>
  </xs:element>
  <xs:element name="ScopeOfAccreditations" minOccurs="0"/>
  <xs:complexType>
    <xs:sequence>
      <xs:element name="ScopeOfAccreditation" type="SoaType" minOccurs="0"
maxOccurs="unbounded"/>
    </xs:sequence>
  </xs:complexType>
</xs:element>
  <xs:element name="Request" type="RequestType"/>
  <xs:element name="Result" type="ResultType"/>
  <xs:element name="ErrorMessage" type="xs:string" minOccurs="0"/>
  <xs:element name="SupplementaryMessage" type="xs:string" minOccurs="0"/>
</xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:simpleType name="SampleCategoryType">

```

```

<xs:restriction base="xs:string">
  <xs:enumeration value="Arrestee"/>
  <xs:enumeration value="ClaimedBiologicalChild"/>
  <xs:enumeration value="ClaimedBiologicalFather"/>
  <xs:enumeration value="ClaimedBiologicalMother"/>
  <xs:enumeration value="ClaimedBiologicalSibling"/>
  <xs:enumeration value="ClaimedBiologicalSpouse"/>
  <xs:enumeration value="ActualBiologicalChild"/>
  <xs:enumeration value="ActualBiologicalFather"/>
  <xs:enumeration value="ActualBiologicalMother"/>
  <xs:enumeration value="ActualBiologicalSibling"/>
  <xs:enumeration value="ActualBiologicalSpouse"/>
  <xs:enumeration value="AdoptiveBiologicalChild"/>
  <xs:enumeration value="AdoptiveBiologicalFather"/>
  <xs:enumeration value="AdoptiveBiologicalMother"/>
  <xs:enumeration value="AdoptiveBiologicalSibling"/>
  <xs:enumeration value="AdoptiveBiologicalSpouse"/>
  <xs:enumeration value="ConvictedOffender"/>
  <xs:enumeration value="UnknownForensic"/>
  <xs:enumeration value="Insurgent"/>
  <xs:enumeration value="KnownSuspectedTerrorist"/>
  <xs:enumeration value="MaternalRelative"/>
  <xs:enumeration value="MissingPerson"/>
  <xs:enumeration value="PaternalRelative"/>
  <xs:enumeration value="KnownSuspect"/>
  <xs:enumeration value="UnidentifiedLiving"/>
  <xs:enumeration value="UnidentifiedDead"/>
  <xs:enumeration value="KnownVictim"/>
  <xs:enumeration value="Detainee"/>
  <xs:enumeration value="Other"/>
  <xs:enumeration value="Unspecified"/>
</xs:restriction>
</xs:simpleType>

<xs:simpleType name="SampleCellularType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="Blood"/>
    <xs:enumeration value="Bone"/>
    <xs:enumeration value="BuccalCell"/>
    <xs:enumeration value="CommingledBiologicalMaterial"/>
    <xs:enumeration value="Hair"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

```

```

  <xs:enumeration value="Saliva"/>
  <xs:enumeration value="Semen"/>
  <xs:enumeration value="Skin"/>
  <xs:enumeration value="SweatFingerprint"/>
  <xs:enumeration value="Tissue"/>
  <xs:enumeration value="ToothPulp"/>
  <xs:enumeration value="Other"/>
  <xs:enumeration value="Unknown"/>
  <xs:enumeration value="Unspecified"/>
</xs:restriction>
</xs:simpleType>

<xs:simpleType name="SampleTypingTechnologyType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="Str"/>
    <xs:enumeration value="YStr"/>
    <xs:enumeration value="MtDna"/>
    <xs:enumeration value="Snp"/>
    <xs:enumeration value="Haplotype"/>
    <xs:enumeration value="Electropherogram"/>
    <xs:enumeration value="NgsData"/>
    <xs:enumeration value="UserDefinedTyping"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

<xs:simpleType name="SpecimenContributorType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:maxLength value="7"/>
    <xs:enumeration value="Known"/>
    <xs:enumeration value="Unknown"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

<xs:complexType name="GeoLocationType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="Latitude" type="xs:float"/>
    <xs:element name="Longitude" type="xs:float"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:simpleType name="SpecimenIDType">

```

```

    <xs:restriction base="xs:string">
      <xs:maxLength value="24"/>
    </xs:restriction>
  </xs:simpleType>

  <xs:simpleType name="PedigreeMbrStatusType">
    <xs:restriction base="xs:string">
      <xs:enumeration value="Known"/>
      <xs:enumeration value="Unknown"/>
    </xs:restriction>
  </xs:simpleType>

  <xs:simpleType name="GenderType">
    <xs:restriction base="xs:string">
      <xs:enumeration value="Male"/>
      <xs:enumeration value="Female"/>
    </xs:restriction>
  </xs:simpleType>

  <xs:complexType name="PedigreeMbrType">
    <xs:sequence>
      <xs:element name="PedigreeMemberId" type="xs:integer"/>
      <xs:element name="SpecimenId" type="SpecimenIDType"/>
      <xs:element name="MotherId" type="xs:integer"/>
      <xs:element name="FatherId" type="xs:integer"/>
      <xs:element name="PedigreeMemberStatus" type="PedigreeMbrStatusType"/>
      <xs:element name="Gender" type="GenderType"/>
    </xs:sequence>
  </xs:complexType>

  <xs:complexType name="PedigreeType">
    <xs:sequence>
      <xs:element name="PedigreeId" type="xs:string"/>
      <xs:element name="PedigreeMembers" minOccurs="0"/>
      <xs:complexType>
        <xs:sequence>
          <xs:element name="PedigreeMember" type="PedigreeMbrType"
maxOccurs="unbounded"/>
        </xs:sequence>
      </xs:complexType>
    </xs:element>

```

```

  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="PedigreeTreeType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="Pedigree" type="PedigreeType" maxOccurs="unbounded"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="RepresentationHeaderType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="SampleCollectionDate" type="xs:dateTime"/>
    <xs:element name="SampleCategory" type="SampleCategoryType"/>
    <xs:element name="SampleCellularType" type="SampleCellularType"/>
    <xs:element name="SampleTypingTechnology" type="SampleTypingTechnologyType"/>
    <xs:element name="SpecimenContributor" type="SpecimenContributorType"/>
    <xs:element name="SampleCollectionMethod" type="xs:string" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="SampleCollectionLocation" type="xs:string" minOccurs="0"/>
    <xs:element name="SampleCollectionGeoLocation" type="GeoLocationType"
minOccurs="0"/>
    <xs:element name="PedigreeTrees" minOccurs="0"/>
    <xs:complexType>
      <xs:sequence>
        <xs:element name="PedigreeTree" type="PedigreeTreeType" minOccurs="0"
maxOccurs="unbounded"/>
      </xs:sequence>
    </xs:complexType>
  </xs:element>
</xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="DnaRepresentationType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="RepresentationHeader" type="RepresentationHeaderType"/>
    <xs:element name="DnaTypingData" type="DnaTypingDataType"/>
    <xs:element name="DnaTyping" type="DnaTypingType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:simpleType name="FormatIdentifierType">
  <xs:restriction base="xs:string">

```

```

    <xs:maxLength value="3"/>
    <xs:enumeration value="Dna"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

<xs:simpleType name="CommunicationDirectionType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="Request"/>
    <xs:enumeration value="Answer"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

<xs:simpleType name="EntityType">
  <xs:restriction base="xs:string">
    <xs:enumeration value="G"/>
    <xs:enumeration value="GM"/>
    <xs:enumeration value="GR"/>
    <xs:enumeration value="I"/>
    <xs:enumeration value="IM"/>
    <xs:enumeration value="IR"/>
    <xs:enumeration value="O"/>
    <xs:enumeration value="OM"/>
    <xs:enumeration value="OR"/>
    <xs:enumeration value="U"/>
    <xs:enumeration value="UM"/>
    <xs:enumeration value="UR"/>
  </xs:restriction>
</xs:simpleType>

<xs:complexType name="PartyType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="NationalityCode" type="xs:string"/>
    <xs:element name="EntityName" type="xs:string"/>
    <xs:element name="PersonName" type="xs:string"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:complexType name="GeneralHeaderType">
  <xs:sequence>
    <xs:element name="FormatIdentifier" type="FormatIdentifierType"/>
    <xs:element name="Version" type="cmn:VersionType"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

```

```

    <xs:element name="CommunicationDirection" type="CommunicationDirectionType"/>
    <xs:element name="SendingParty" type="PartyType"/>
    <xs:element name="ReceivingParty" type="PartyType"/>
    <xs:element name="EntityType" type="EntityType"/>
    <xs:element name="DateAndTimeOfDataProcessing" type="xs:dateTime"/>
  </xs:sequence>
</xs:complexType>

<xs:element name="Dna">
  <xs:complexType>
    <xs:sequence>
      <xs:element name="GeneralHeader" type="GeneralHeaderType"/>
      <xs:element name="Representations" minOccurs="0">
        <xs:complexType>
          <xs:sequence>
            <xs:element name="Representation" type="DnaRepresentationType"
maxOccurs="unbounded"/>
          </xs:sequence>
        </xs:complexType>
      </xs:element>
    </xs:sequence>
    <xs:attribute ref="cmn:SchemaVersion" use="required"/>
  </xs:complexType>
</xs:element>
</xs:schema>

```

附录 B  
(资料性)  
家系图构建示例

B.1 生成家系图示例数据

表 B.1 是生成一个特定家系图的示例数据(并未确认每个节点的成员)。

表 B.1 家系图的示例数据

家系成员 ID	父亲 ID	母亲 ID	家系成员状态	性别
1	2	3	U	M
2	0	0	K	M
3	5	6	K	F
5	0	0	K	M
6	0	0	K	F
7	5	6	K	M
8	2	3	K	M

此数据显示家系图上有 8 个节点,节点 1 的状态是未知(U=Unknown),即未知成员,性别为男,其父亲是节点 2,母亲是节点 3,生成 1 级家系图,如图 B.1 所示。

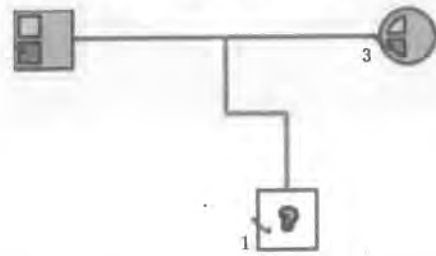


图 B.1 1 级家系图

随后读取节点 2 一行的信息,其父亲和母亲的 ID 为 0,因此节点 2 的家系图上没有父母。再读取节点 3 一行的信息,其父母的 ID 分别为 5 和 6,生成 2 级家系图,如图 B.2 所示。

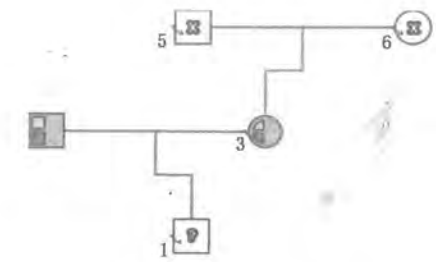


图 B.2 2 级家系图

节点 5、节点 6 的父母 ID 均为 0,则节点 5、节点 6 之上无家系图。节点 7 的父母 ID 也为 5 和 6,表示节点 7 是节点 3 的兄弟,生成 3 级家系图,如图 B.3 所示。

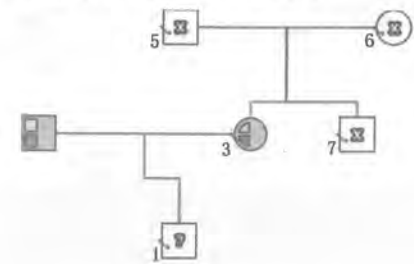


图 B.3 3 级家系图

最后,节点 8 的父母 ID 是 2 和 3,表示其为节点 1 的兄弟,生成 4 级家系图,如图 B.4 所示。

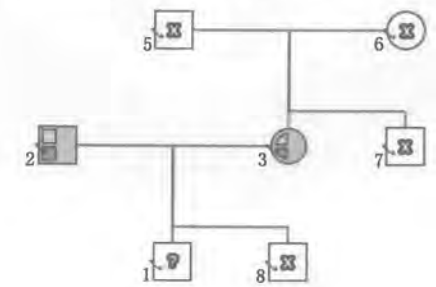


图 B.4 4 级家系图

表 B.2 是一个更复杂的示例数据,生成一个特定家系图(并未确认每个节点的成员),如图 B.5 所示。

表 B.2 第二例家系图数据

家系成员 ID	父亲 ID	母亲 ID	家系成员状态	性别
1	2	3	U	M
2	0	0	K	M
3	0	0	K	F

表 B.2 第二例家系图数据 (续)

家系成员 ID	父亲 ID	母亲 ID	家系成员状态	性别
4	2	3	K	M
5	2	3	K	F
6	0	0	K	F
7	1	6	K	F
8	0	0	K	M
9	8	3	K	M

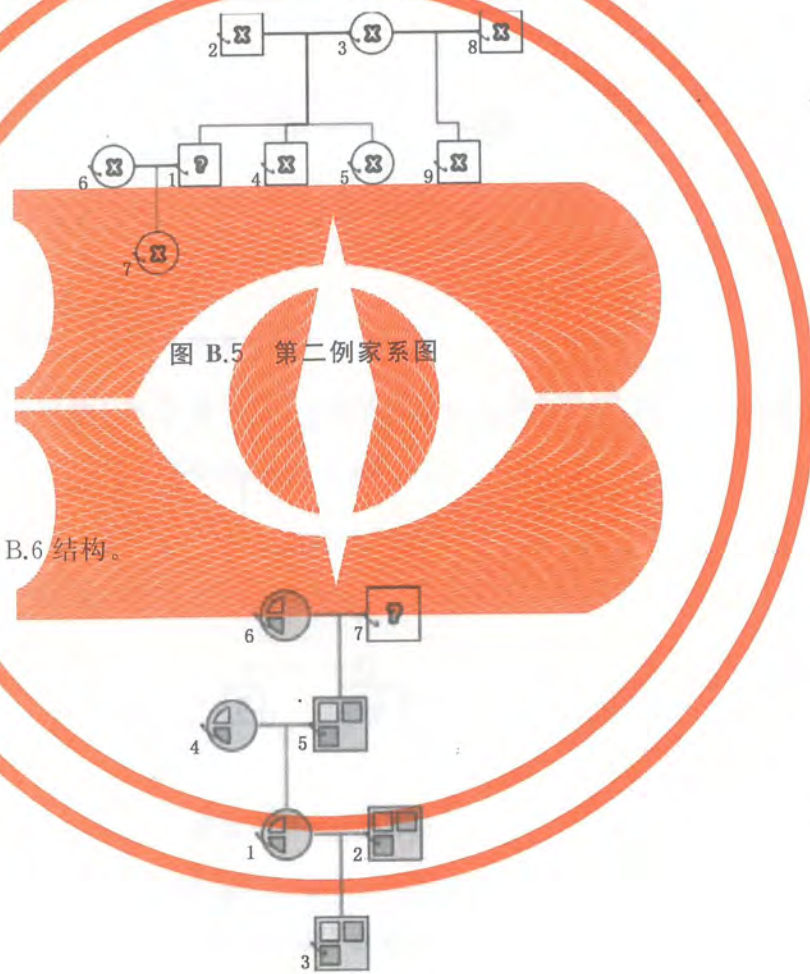


图 B.5 第二例家系图

B.2 家系图示例数据

示例家系图具有如图 B.6 结构。

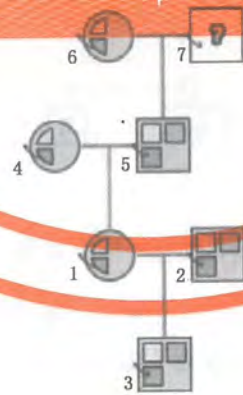


图 B.6 示例家系图

表 B.3 为示例家系图的数据。

表 B.3 家系图 1 数据

家系图编号	家系成员 ID	父亲 ID	母亲 ID	样本 ID	状态	性别
1	3	2	1	1-1	U	M
1	2	0	0	1-2	K	M
1	4	0	0	1-3	K	F
1	5	7	6	1-4	K	M
1	6	0	0	1-5	K	F
1	7	0	0	1-6	K	F
1	1	5	1	1-7	K	F

表 B.4~表 B.10 为示例家系图的样本数据。

表 B.4 样本数据 1-1

位点数据头		等位基因			
位点名称	状态	运算符	等位基因 1	运算符	等位基因 2
CSF1PO	Normal	Equal	11	Equal	11
D13S317	Normal	Equal	8	Equal	12
D16S539	Normal	Equal	11	Equal	13
D18S51	Normal	Equal	13	Equal	13
D21S11	Normal	Equal	28	Equal	30
D3S1358	Normal	Equal	15	Equal	15
D5S818	Normal	Equal	9	Equal	12
D7S820	Normal	Equal	10	Equal	11
D8S1179	Normal	Equal	13	Equal	15
FGA	Normal	Equal	21	Equal	23
TH01	Normal	Equal	7	Equal	9
TPOX	Normal	Equal	9	Equal	11
vWA	Normal	Equal	17	Equal	17
Amelogenin	Normal	Equal	X	Equal	Y

表 B.5 样本数据 1-2

样本 ID:1-2					
位点数据头		等位基因			
位点名称	状态	运算符	等位基因 1	运算符	等位基因 2
CSF1PO	Normal	Equal	11	Equal	12
D13S317	Normal	Equal	12	Equal	12
D16S539	Normal	Equal	11	Equal	11
D18S51	Normal	Equal	13	Equal	14
D21S11	Normal	Equal	30	Equal	31
D3S1358	Normal	Equal	15	Equal	16
D5S818	Normal	Equal	12	Equal	15
D7S820	Normal	Equal	10	Equal	11
D8S1179	Normal	Equal	13	Equal	13
FGA	Normal	Equal	23	Equal	23
TH01	Normal	Equal	9	Equal	9.3
TPOX	Normal	Equal	8	Equal	11
vWA	Normal	Equal	16	Equal	17
Amelogenin	Normal	Equal	X	Equal	Y

表 B.6 样本数据 1-3

样本 ID:1-3					
位点数据头		等位基因			
位点名称	状态	运算符	等位基因 1	运算符	等位基因 2
CSF1PO	Normal	Equal	12	Equal	12
D13S317	Normal	Equal	8	Equal	10
D16S539	Normal	Equal	12	Equal	13
D18S51	Normal	Equal	13	Equal	13
D21S11	Normal	Equal	29	Equal	30.2
D3S1358	Normal	Equal	15	Equal	17
D5S818	Normal	Equal	12	Equal	12
D7S820	Normal	Equal	12	Equal	12
D8S1179	Normal	Equal	13	Equal	13

表 B.6 样本数据 1-3 (续)

样本 ID:1-3					
位点数据头		等位基因			
位点名称	状态	运算符	等位基因 1	运算符	等位基因 2
FGA	Normal	Equal	21	Equal	22
TH01	Normal	Equal	6	Equal	7
TPOX	Normal	Equal	9	Equal	11
vWA	Normal	Equal	14	Equal	17
Amelogenin	Normal	Equal	X	Equal	X

表 B.7 样本数据 1-4

样本 ID:1-4					
位点数据头		等位基因			
位点名称	状态	运算符	等位基因 1	运算符	等位基因 2
CSF1PO	Normal	Equal	10	Equal	11
D13S317	Normal	Equal	12	Equal	12
D16S539	Normal	Equal	9	Equal	13
D18S51	Normal	Equal	12	Equal	17
D21S11	Normal	Equal	28	Equal	30
D3S1358	Normal	Equal	16	Equal	17
D5S818	Normal	Equal	9	Equal	13
D7S820	Normal	Equal	8	Equal	10
D8S1179	Normal	Equal	14	Equal	15
FGA	Normal	Equal	26	Equal	26
TH01	Normal	Equal	9	Equal	3
TPOX	Normal	Equal	10	Equal	11
vWA	Normal	Equal	16	Equal	18
Amelogenin	Normal	Equal	X	Equal	Y



表 B.8 样本数据 1-5

样本 ID:1-5					
位点数据头		等位基因			
位点名称	状态	运算符	等位基因 1	运算符	等位基因 2
CSF1PO	Normal	Equal	10	Equal	10
D13S317	Normal	Equal	9	Equal	12
D16S539	Normal	Equal	9	Equal	9
D18S51	Normal	Equal	12	Equal	17
D21S11	Normal	Equal	30	Equal	33.2
D3S1358	Normal	Equal	15	Equal	17
D5S818	Normal	Equal	9	Equal	11
D7S820	Normal	Equal	8	Equal	10
D8S1179	Normal	Equal	14	Equal	15
FGA	Normal	Equal	21	Equal	26
TH01	Normal	Equal	9.3	Equal	9.3
TPOX	Normal	Equal	8	Equal	11
vWA	Normal	Equal	16	Equal	17
Amelogenin	Normal	Equal	X	Equal	X

表 B.9 样本数据 1-6

样本 ID:1-6					
位点数据头		等位基因			
位点名称	状态	运算符	等位基因 1	运算符	等位基因 2
CSF1PO	Normal	Equal	10	Equal	11
D13S317	Normal	Equal	11	Equal	12
D16S539	Normal	Equal	10	Equal	13
D18S51	Normal	Equal	17	Equal	17
D21S11	Normal	Equal	28	Equal	33.2
D3S1358	Normal	Equal	16	Equal	16
D5S818	Normal	Equal	13	Equal	13
D7S820	Normal	Equal	9	Equal	10
D8S1179	Normal	Equal	14	Equal	16

表 B.9 样本数据 1-6 (续)

样本 ID:1-6					
位点数据头		等位基因			
位点名称	状态	运算符	等位基因 1	运算符	等位基因 2
FGA	Normal	Equal	20	Equal	26
TH01	Normal	Equal	9.3	Equal	10
TPOX	Normal	Equal	10	Equal	12
vWA	Normal	Equal	16	Equal	18
Amelogenin	Normal	Equal	X	Equal	Y

表 B.10 样本数据 1-7

样本 ID:1-7					
位点数据头		等位基因			
位点名称	状态	运算符	等位基因 1	运算符	等位基因 2
CSF1PO	Normal	Equal	11	Equal	12
D13S317	Normal	Equal	8	Equal	12
D16S539	Normal	Equal	12	Equal	13
D18S51	Normal	Equal	12	Equal	13
D21S11	Normal	Equal	28	Equal	29
D3S1358	Normal	Equal	15	Equal	16
D5S818	Normal	Equal	9	Equal	12
D7S820	Normal	Equal	10	Equal	12
D8S1179	Normal	Equal	13	Equal	15
FGA	Normal	Equal	21	Equal	26
TH01	Normal	Equal	7	Equal	9.3
TPOX	Normal	Equal	9	Equal	11
vWA	Normal	Equal	16	Equal	17
Amelogenin	Normal	Equal	X	Equal	X

附录 C  
(资料性)  
DNA 分型试剂盒

C.1 一代 DNA 分型试剂盒(基于毛细管电泳技术)

表 C.1 提供了国内外相关的一代 STR 分型试剂的相关信息。

表 C.1 一代 STR 分型试剂盒信息

序号	位点名称	中德美联 EX30	基点 25A	海尔施 SureID® C32 (STRtyper-32G)	Promega VersaPlex™ 27PY	QIAGEN 24plex	AB verifiler plus27	华大法医 炎黄 34
1	Amelogenin	+	+	+	+	+	+	+
2	CSF1PO	+	+	+	+	+	+	+
3	TPOX	+	+	+	+	+	+	+
4	D5S818	+	+	+	+	+	+	+
5	D7S820	+	+	+	+	+	+	+
6	D13S317	+	+	+	+	+	+	+
7	FGA	+	+	+	+	+	+	+
8	TH01	+	+	+	+	+	+	+
9	vWA	+	+	+	+	+	+	+
10	D3S1358	+	+	+	+	+	+	+
11	D8S1179	+	+	+	+	+	+	+
12	D18S51	+	+	+	+	+	+	+
13	D21S11	+	+	+	+	+	+	+
14	D16S539	+	+	+	+	+	+	+
15	PentaD	+	+	+	+		+	+
16	PentaE	+	+	+	+		+	+
17	D6S1043	+	+	+	+		+	+
18	D19S433	+	+	+	+	+	+	+
19	D2S1338	+	+	+	+	+	+	+
20	D12S391	+	+	+	+	+	+	+
21	D2S441	+	+	+	+	+	+	+

表 C.1 一代 STR 分型试剂盒信息 (续)

序号	位点名称	中德美联 EX30	基点 25A	海尔施 SureID® C32 (STRtyper-32G)	Promega VersaPlex™ 27PY	QIAGEN 24plex	AB verifiler plus27	华大法医 炎黄 34
22	D1S1656	+	+	+	+	+	+	+
23	D10S1248	+	+	+	+	+	+	+
24	D22S1045	+	+	+	+	+	+	+
25	SE33					+		+
26	D18S535							
27	D4S2366			+				
28	D11S2368							
29	D14S608							
30	D19S253	+		+				+
31	DYS391				+	+		+
32	DYS576				+			
33	DYS570				+			
34	rs199815934	+	+	+			+	+
35	D7S1517							
36	D3S1744							
37	D2S1360							
38	D6S474							
39	D6S1132							
40	D5S2500							
41	D21S2055							
42	D10S2325							
43	D6S477			+				+
44	D15S659	+		+				+
45	D20S470							
46	D22-GATA198B05							
47	D7S3048							
48	D21S1270							
49	D13S325							

表 C.1 一代 STR 分型试剂盒信息 (续)

序号	位点名称	中德美联 EX30	基点 25A	海尔施 SureID® C32 (STRtyper-32G)	Promega VersaPlex™ 27PY	QIAGEN 24plex	AB verifiler plus27	华大法医 炎黄 34
50	D9S925							
51	D3S3045	+		+				+
52	D10S1435	+		+				+
53	D17S1290							
54	D1GATA113							
55	D1S1627							
56	D1S1677							
57	D2S1776							
58	D3S1329							
59	D4S2408							
60	D6S1011							
61	D9S1122							
62	D10S1435							
63	D10S1248							
64	D11S4463							
65	D12ATA63							
66	D14S1434							
67	D17S1301							
68	D18S853							
69	D20S482							
70	D22S1045							
71	D17S974							
72	D9S2157							
73	D20S1082							
74	D8S364							
75	D5S2800							
76	D8S1132	+		+				+
77	DXS6795							+

表 C.2 提供了国内外相关的一代 Y-STR 分型试剂的相关信息。

表 C.2 一代 Y-STR 分型试剂盒信息

序号	位点名称	Prom ega Y23	中德 美联 Y37+5	中德 美联 Y SUPP Plus	华大鉴 正炎黄 Y 数据 库分 型盒 (YDB)	华大鉴 正炎黄 Y 补充 位点分 型盒 (YS)	阅微 RMY	阅微 40Y	基点 Y-Plus	基点 Y-ADD	AB Y 白 金-41	苏博 41Y
1	DYS19	+	+		+			+	+		+	+
2	DYS385 a	+	+	+	+			+	+		+	+
3	DYS385 b	+	+	+	+			+	+		+	+
4	DYS389 I	+	+		+			+	+		+	+
5	DYS389 II	+	+		+			+	+		+	+
6	DYS390	+	+		+			+	+		+	+
7	DYS391	+	+		+			+	+		+	+
8	DYS392	+	+		+			+	+		+	+
9	DYS393	+	+		+			+	+		+	+
10	DYS437	+	+		+			+	+	+	+	+
11	DYS438	+	+		+			+	+		+	+
12	DYS439	+	+		+			+	+		+	+
13	DYS448	+	+		+			+	+		+	+
14	DYS456	+	+		+			+	+		+	+
15	DYS458	+	+		+			+	+		+	+
16	DYS481	+	+	+	+			+	+		+	+
17	DYS533	+	+	+	+			+	+		+	+
18	DYS576	+	+		+			+	+		+	+
19	DYS635	+	+		+			+	+		+	+
20	Y GATA H4	+	+		+	+		+	+	+	+	+
21	DYS460		+	+	+			+	+		+	+
22	DYS570	+	+		+			+	+		+	+
23	DYS643	+	+		+			+	+		+	+
24	DYS549	+	+	+	+	+		+	+	+	+	+
25	DYS627		+		+		+	+	+		+	+

表 C.2 一代 Y-STR 分型试剂盒信息 (续)

序号	位点名称	Prom ega Y23	中德 美联 Y37+5	中德 美联 Y SUPP Plus	华大鉴 正炎黄 Y 数据 库分 型盒 (YDB)	华大鉴 正炎黄 Y 补充 位点分 型盒 (YS)	阅微 RMY	阅微 40Y	基点 Y-Plus	基点 Y-ADD	AB Y 白 金-41	苏博 41Y
26	DYS449		+		+		+	+	+		+	+
27	DYF387S1 a		+		+		+	+	+		+	+
28	DYF387S1 b		+		+		+	+	+		+	+
29	DYS518		+		+		+	+	+		+	+
30	DYS444		+	+	+	+	+	+	+		+	+
31	DYS447		+		+		+	+			+	+
32	DYS527 a		+	+	+		+	+	+		+	+
33	DYS527 b		+	+	+		+	+			+	+
34	DYS557		+	+	+	+	+	+			+	+
35	DYS596		+		+	+	+	+			+	+
36	DYF404S1 a			+	+	+	+	+	+			
37	DYF404S1 b			+	+	+	+	+	+			
38	DYS645		+		+	+	+	+	+		+	+
39	DYS593		+		+	+	+	+	+		+	+
40	DYS443			+		+					+	
41	DYS531			+	+	+					+	
42	DYS587			+		+					+	
43	DYS388			+	+	+			+	+		
44	DYS446			+		+					+	
45	DYS459 a				+	+					+	+
46	DYS459 b				+	+					+	+
47	DYS508			+		+					+	
48	DYS510			+	+	+					+	
49	DYS520			+		+					+	
50	DYS522			+	+	+			+	+	+	+
51	DYS617			+		+					+	

表 C.2 一代 Y-STR 分型试剂盒信息 (续)

序号	位点名称	Prom ega Y23	中德 美联 Y37+5	中德 美联 Y SUPP Plus	华大鉴 正炎黄 Y 数据 库分 型盒 (YDB)	华大鉴 正炎黄 Y 补充 位点分 型盒 (YS)	阅微 RMY	阅微 40Y	基点 Y-Plus	基点 Y-ADD	AB Y 白 金-41	苏博 41Y
52	DYS526 a			+		+	+			+		
53	DYS526 b			+		+	+			+		
54	DYS626			+		+	+			+		
55	DYS630			+		+	+			+		
56	DYS713			+		+	+			+		
57	DYS552			+		+				+		
58	DYS622			+		+				+		
59	YGATAA10			+	+	+				+		
60	AMEL				+							
61	D18S51											
62	DYS464 a						+					
63	DYS464 b						+					
64	DYS612						+					
65	DYS547						+					
66	DYF403S1 a						+					
67	DYF403S1 b						+					
68	DYF399S1						+					
69	rs199815934							+			+	
70	rs759551978								+		+	
71	rs771783753								+		+	

表 C.3 提供了国内外相关的一代 X-STR 分型试剂的相关信息。

表 C.3 一代 X-STR 分型试剂盒信息

序号	试剂盒	FGI 炎黄 X	QIAGEN Argus X- 12	中德美联 X19	阅微基因 19X	基点认知 17X
		位点数	20	12	19	20
1	AMEL	+			+	+

表 C.3 一代 X-STR 分型试剂盒信息 (续)

序号	试剂盒	FGI 炎黄 X	QIAGEN Argus X- 12	中德美联 X19	阅微基因 19X	基点认知 17X
	位点数	20	12	19	20	17
2	DXS6795	+			+	+
3	DXS6803	+			+	+
4	DXS6807	+			+	+
5	DXS6810	+			+	+
6	DXS7132	+	+	+		+
7	DXS7423	+	+	+		
8	DXS8378	+	+	+		+
9	DXS9902	+			+	+
10	DXS10079	+	+	+	+	
11	DXS10101	+	+	+		
12	DXS10103	+	+	+		
13	DXS10134	+	+	+		+
14	DXS10135	+	+	+	+	
15	DXS10148	+	+	+		
16	DXS10159	+		+		+
17	HPRTB	+	+	+	+	+
18	GATA165B12	+			+	+
19	GATA172D05	+			+	+
20	GATA31E08	+			+	+
21	DXS101			+	+	
22	DXS981				+	
23	DXS6789			+		+
24	DXS6800				+	+
25	DXS6809			+	+	
26	DXS7133				+	
27	DXS7424			+		+
28	DXS9907				+	

表 C.3 一代 X-STR 分型试剂盒信息 (续)

序号	试剂盒	FGI 炎黄 X	QIAGEN Argus X- 12	中德美联 X19	阅微基因 19X	基点认知 17X
	位点数	20	12	19	20	17
29	DXS10074		+	+		
30	DXS10075			+		
31	DXS10146		+			
32	DXS10162			+	+	
33	DXS10164			+		

C.2 高通量 DNA 分型试剂盒(基于高通量测序技术)

表 C.4 提供了国内外相关的高通量 DNA 分型试剂的相关信息。

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
位点数		143	332	124	152	227
常染色体 SNP	rs1413212	+	+	+	+	+
	rs560681		+	+	+	+
	rs1490413	+	+	+	+	+
	rs10495407		+	+	+	+
	rs891700	+	+	+	+	+
	rs7520386		+	+		
	rs4847034		+	+		
	rs1294331			+	+	+
	rs907100	+	+	+	+	+
	rs1109037			+	+	+
	rs876724	+	+	+	+	+
	rs993934			+	+	+
	rs12997453			+	+	+

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
常染色体 SNP	rs4364205		+	+	+	
	rs1355366	+	+	+	+	+
	rs1357617	+	+	+	+	
	rs6444724		+	+	+	+
	rs1872575		+	+		
	rs2399332		+		+	+
	rs1979255	+	+	+	+	+
	rs2046361	+	+	+	+	+
	rs6811238		+	+	+	+
	rs279844		+		+	+
	rs1554472		+			
	rs13134862		+			
	rs717302	+	+	+	+	+
	rs338882		+	+	+	+
	rs159606		+	+	+	+
	rs7704770		+	+		
	rs13182883		+		+	+
	rs251934	+	+	+	+	+
	rs727811	+	+	+	+	+
	rs13218440		+	+	+	+
	rs214955		+	+	+	+
	rs1336071		+		+	+
	rs2811231		+			
	rs2503107		+			
rs2272998		+				
rs1478829		+				

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
常染色体 SNP	rs1358856		+			
	rs1029047	+	+			
	rs917118	+	+	+	+	+
	rs6955448		+	+	+	+
	rs737681	+	+	+	+	+
	rs321198		+	+	+	+
	rs1019029		+			
	rs2056277	+	+	+	+	+
	rs10092491		+	+	+	+
	rs4288409		+	+		
	rs4606077		+		+	+
	rs763869	+	+		+	+
	rs1463729	+	+	+	+	+
	rs10776839		+	+	+	+
	rs7041158		+	+	+	+
	rs1015250	+	+	+	+	+
	rs1360288	+	+	+	+	+
	rs964681	+	+	+	+	+
	rs740598		+	+	+	+
	rs826472	+	+	+	+	+
	rs735155	+	+	+	+	+
	rs3780962		+	+	+	+
	rs901398	+	+	+	+	+
	rs1498553		+	+	+	+
rs10488710		+	+	+	+	
rs2076848	+	+	+	+	+	

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
常染色体 SNP	rs6591147		+			
	rs10773760		+	+	+	+
	rs2269355		+	+	+	+
	rs2920816		+		+	+
	rs2111980	+	+	+	+	+
	rs2107612		+		+	+
	rs1058083		+	+	+	+
	rs1335873		+	+	+	+
	rs1886510	+	+	+	+	
	rs354439	+	+	+	+	+
	rs722290		+	+	+	+
	rs873196		+	+	+	+
	rs1454361		+	+	+	+
	rs4530059		+	+	+	+
	rs1528460	+	+	+	+	+
	rs1821380		+	+	+	+
	rs2016276		+	+		+
	rs8037429		+		+	+
	rs729172	+	+	+	+	+
	rs430046		+	+	+	+
	rs2342747		+	+	+	+
	rs1382387	+	+	+	+	+
	rs7205345		+			
	rs938283	+	+	+	+	+
rs740910	+	+	+	+	+	
rs9905977		+	+	+	+	

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
常染色体 SNP	rs2292972		+	+		
	rs8078417		+		+	+
	rs4196362		+			
	rs3744163		+			
	rs2291395		+			
	rs1004357		+			
	rs1493232		+	+	+	+
	rs1024116	+	+	+	+	+
	rs9951171		+	+	+	+
	rs1736442		+	+	+	+
	rs985492		+	+	+	
	rs7229946		+	+	+	
	rs521861		+			
	rs576261		+	+	+	+
	rs719366	+	+	+	+	+
	rs1523537		+	+	+	+
	rs445251		+	+	+	+
	rs1031825	+	+	+	+	+
	rs1005533	+	+	+	+	+
	rs2567608		+			
	rs2831700	+	+	+	+	+
	rs221956		+	+	+	+
	rs722098	+	+	+	+	+
	rs2830795	+	+	+	+	
rs914165	+	+	+	+	+	
rs2833736		+				

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
常染色体 SNP	rs2040411	+	+	+	+	+
	rs1028528	+	+	+	+	+
	rs733164	+	+	+	+	+
	rs987640		+	+	+	+
	rs1042602					+
	rs1049500					+
	rs10497191					+
	rs1079597					+
	rs10801520					+
	rs1106201					+
	rs1110400					+
	rs11123823					+
	rs11239930					+
	rs11547464					+
	rs11652805					+
	rs11714239					+
	rs12203592					+
	rs1229984					+
	rs12439433					+
	rs12498138					+
	rs12821256					+
	rs12896399					+
	rs12913832					+
rs1337823					+	
rs1343469					+	
rs1355634					+	

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
常染色体 SNP	rs1357617					+
	rs1393350					+
	rs14134					+
	rs1426654					+
	rs1462906					+
	rs1512612					+
	rs1572018					+
	rs1657695					+
	rs1657741					+
	rs16891982					+
	rs1698647					+
	rs174570					+
	rs17642714					+
	rs17822931					+
	rs1800407					+
	rs1800414					+
	rs1805005					+
	rs1805006					+
	rs1805007					+
	rs1805008					+
	rs1805009					+
	rs1815739					+
	rs182549					+
rs1834619					+	
rs1871534					+	
rs1876482					+	



表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
常染色体 SNP	rs1886510					+
	rs1919550					+
	rs192655					+
	rs1997660					+
	rs200351					+
	rs2018162					+
	rs2024566					+
	rs2042762					+
	rs2166624					+
	rs2172651					+
	rs2196051					+
	rs2228479					+
	rs2235907					+
	rs2238151					+
	rs2274212					+
	rs2276967					+
	rs228104					+
	rs2292564					+
	rs2356027					+
	rs2378249					+
	rs2402130					+
	rs2593595					+
	rs260690					+
rs26821					+	
rs2814778					+	
rs2830795					+	

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
常染色体 SNP	rs28777					+
	rs3094868					+
	rs310644					+
	rs325238					+
	rs3337576					+
	rs3756050					+
	rs3805392					+
	rs3811801					+
	rs3814134					+
	rs3817211					+
	rs3823159					+
	rs3827760					+
	rs3829868					+
	rs3899750					+
	rs3916235					+
	rs4076086					+
	rs4364205					+
	rs4411548					+
	rs4471745					+
	rs4478233					+
	rs459920					+
	rs4719491					+
	rs472728					+
rs4833103					+	
rs4891825					+	
rs4918664					+	

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
常染色体 SNP	rs4959270					+
	rs4988235					+
	rs562381					+
	rs574202					+
	rs5745448					+
	rs5749426					+
	rs62431284					+
	rs6499422					+
	rs671					+
	rs6754311					+
	rs683					+
	rs6909306					+
	rs6990312					+
	rs7226659					+
	rs7251928					+
	rs7326934					+
	rs735480					+
	rs7429010					+
	rs7554936					+
	rs7657799					+
rs7690296					+	
rs7715674					+	
rs7722456					+	
rs7741536					+	
rs798443					+	
rs7997709					+	

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
常染色体 SNP	rs8124995					+
	rs870347					+
	rs885479					+
	rs917115					+
	rs929310					+
	rs9522149					+
	rs9821880					+
	Y152OCH					+
	rs2293195					+
	N29insA					+
Y-SNP	rs2534636		+		+	
	rs35284970		+		+	
	rs9786184		+		+	
	rs9786139		+	+	+	
	rs16981290		+	+	+	
	rs17250845		+	+	+	
	L298		+	+	+	
	P256		+	+	+	
	rs17306671		+	+	+	
	rs4141886		+	+	+	
	rs2032595		+	+	+	
	rs2032599		+	+	+	
	rs20320		+	+	+	
	rs2032602		+	+	+	
	rs8179021		+	+	+	
rs2032624		+	+	+		

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
Y-SNP	rs2032636		+		+	
	rs9341278		+	+	+	
	rs2032658		+	+	+	
	rs2319818		+	+	+	
	rs17269816		+	+	+	
	rs17222573		+	+	+	
	M479		+	+	+	
	rs3848982		+	+	+	
	rs3900		+	+	+	
	rs2032631		+	+	+	
	rs2032673		+	+	+	
	rs2032652		+	+	+	
	rs16980426		+	+	+	
	rs13447443		+	+	+	
	rs17812518		+	+	+	
	rs2033003		+	+	+	
	rs3911		+	+	+	
	P 202		+	+	+	
	rs11096433	+				
	M145	+				
	rs9306845	+				
	rs9786479	+				
	rs17276358	+				
rs2075640	+					
M134	+					
M88	+					

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
Y-SNP	M95		+			
	rs17323322		+			
	M122		+			
	rs13447354		+			
	M89		+			
	rs9786707		+			
	M15		+			
	rs16980711		+			
	M9		+			
	rs17316592		+			
	rs17276345		+			
	rs5980274		+			
	rs5986750		+			
X-SNP	rs5926442		+			
	rs183277		+			
	rs5906919		+			
	rs9781645		+			
	rs1874111		+			
	rs471205		+			
	rs2209420		+			
	rs5968332		+			
	rs6418330		+			
	rs5923750		+			
rs1166756		+				
rs2808742		+				
rs5916781		+				

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
X-SNP	rs6646036		+			
	rs594031		+			
	rs5932595		+			
	rs5933388		+			
	rs5931302		+			
	rs5908324		+			
	rs2128519	+	+			
	rs1534285	+	+			
	rs763056	+	+			
	rs993010	+	+			
	rs1557054	+	+			
	rs1243792	+	+			
	rs925178	+	+			
	rs1977719	+	+			
	rs985425	+	+			
	rs1930674	+	+			
	rs7471388		+			
	rs2056688	+	+			
	rs1373592	+				
	rs1207480	+				
	rs1936313	+				
	rs1372687	+				
	rs1857602	+				
	rs933315	+				
	rs2190288	+				
rs1991961	+					

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
X-SNP	rs1931662	+				
	rs149910	+				
	rs1573704	+				
	rs1340718	+				
	rs1339597	+				
	rs1981452	+				
常染色体 STR	D1S1656		+		+	
	D1GATA113		+			
	D1S1627		+			
	D1S1677		+			
	D2S441		+		+	
	D2S1776		+			
	D2S1338		+		+	
	TPOX		+		+	
	D3S3045		+			
	D3S1744		+			
	D3S1358		+		+	
	D3S3053		+			
	D3S4529		+			
	D4S2366		+			
	D4S2364		+			
	D4S2408		+		+	
	FGA		+		+	
	D5S818		+		+	
D5S2500		+				
CSF1PO		+		+		

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
常染色体 STP	D6S477		+			
	D6S1043		+		+	
	D6S474		+			
	D6S1017		+			
	SF33		+			
	D7S820		+		+	
	D7S3048		+			
	D8S1179		+		+	
	D8S1115		+			
	D9S925		+			
	D9S1122		+		+	
	D9S2157		+			
	D10S1435		+			
	D10S1248		+		+	
	D11S2368		+			
	D11S4463		+			
	TH01		+		+	
	D12S391		+		+	
	D12ATA63		+			
	vWA		+		+	
	D13S317		+		+	
	D14S1434		+			
	D15S659		+			
PentaE		+		+		
D16S539		+		+		
D17S1290		+				

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
常染色体 STP	D17S974		+			
	D17S1301		+		+	
	D18S535		+			
	D18S51		+		+	
	D18S53		+			
	D19S433		+		+	
	D20S482		+		+	
	D20S1082		+			
	D21S11		+		+	
	PentaD		+		+	
	D22GATA198B05		+		+	
	D22S1045		+		+	
	DYS19		+		+	
	DYS385a/b		+			
DYS388		+				
Y-STR	DYS389I/II		+			
	DYS390		+		+	
	DYS391		+		+	
	DYS392		+		+	
	DYS393		+			
	DYS437		+		+	
	DYS438		+		+	
	DYS439		+		+	
	DYS443		+			
	DYS444		+			
DYS446		+				

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
Y-STR	DYS447		+			
	DYS448		+		+	
	DYS449		+			
	DYS456		+			
	DYS458		+			
	DYS459a/b		+			
	DYS460		+		+	
	DYS481		+		+	
	DYS505		+		+	
	DYS508		+			
	DYS510		+			
	DYS518		+			
	DYS520		+			
	DYS522		+		+	
	DYS526a/b		+			
	DYS527a/b		+			
	DYS531		+			
	DYS533		+		+	
	DYS549		+		+	
	DYS552		+			
DYS557		+				
DYS570		+		+		
DYS576		+		+		
DYS587		+				
DYS593		+				
DYS596		+				

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
Y-STR	DYS612		+		+	
	DYS617		+			
	DYS622		+			
	DYS626		+			
	DYS627		+			
	DYS630		+			
	DYS635		+			+
	DYS643		+			+
	DYS645		+			
	DYF387S1a/b		+			
	DYF404S1a/b		+			
	YGATAH4		+			
	Y-GATA-A10		+			
	Yindel		+			
X-STR	DXS101		+			
	DXS981		+			
	DXS6795		+			
	DXS6800		+			
	DXS6801		+			
	DXS6803		+			
	DXS6807		+			
	DXS6810		+			
	DXS7130		+			
	DXS7132		+			+
	DXS7133		+			
	DXS7423		+			+
	DXS7424		+			

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003—2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与应用规范 2015—	新一代法医分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备试剂盒	个体识别试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
X-STR	DXS8378		+		+	
	DXS9898		+			
	DXS9902		+			
	DXS10074		+		+	
	DXS10075		+			
	DXS10079		+			
	DXS10101		+		+	
	DXS10103		+			
	DXS10159		+			
	DXS10160		+			
	DXS10161		+			
	DXS10162		+			
	DXS10164		+			
	GATA144D04		+			
	GATA165B12		+			
	GATA172D05		+			
GATA31E08		+				
HPRTB		+			+	
X/Y	AMEL		+			
三等位 SNP	rs1630312	+				
	rs3091244	+				
	rs2069945	+				
	rs6001030	+				
	rs140676	+				
	rs356167	+				
	rs941454	+				

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003—2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与应用规范 2015—	新一代法医分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备试剂盒	个体识别试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
三等位 SNP	rs10045	+				
	rs3743842	+				
	rs2298556	+				
	rs3816662	+				
	rs2307223	+				
	rs10811897	+				
	rs17287498	+				
	rs385780	+				
	rs11141033	+				
	s4540053	+				
	rs3812847	+				
	rs2032582	+				
	rs2278786	+				
线粒体 SNP	709	+				
	1719	+				
	1736	+				
	3010	+				
	3394	+				
	3970	+				
	4216	+				
	4883	+				
	5147	+				
	5417	+				
5460	+					
6392	+					
6455	+					

表 C.4 高通量 DNA 分型试剂盒信息 (续)

位点类型	标准/品牌	司法鉴定技术规范 SF/Z JD0105003 —2015	FGI	ThermoFisher	Illumina	MGI
	标准/试剂盒	法医 SNP 分型与 应用规范 2015—	新一代法医 分型试剂盒	Ion Ampliseq 身份鉴定 试剂盒	ForenSeq DNA 特征制备 试剂盒	个体识别 试剂盒
	位点数	143	332	124	152	227
线粒体 SNP	8584	+				
	8701	+				
	9090	+				
	10397	+				
	10398	+				
	11914	+				
	12705	+				
	13708	+				
	13928	+				
	14318	+				
	14783	+				
	15487	+				
	16519	+				

附录 D  
(规范性)  
DNA 位点

D.1 一代 DNA 分型技术检测位点(毛细管电泳技术)

D.1.1 常染色体 STR 位点

表 D.1 提供了一代 DNA 分型技术常用的常染色体 STR 位点。

表 D.1 常染色体 STR 位点

序号	染色体	位点	序号	染色体	位点	序号	染色体	位点
1	chr1	D1S1656	12	chr7	D7S820 *	23	chr18	D18S51
2	chr2	D2S1338 *	13	chr8	D8S1179	24	chr18	D18S1364 *
3	chr2	D2S441 *	14	chr10	D10S1248	25	chr19	D19S433 *
4	chr2	TPOX	15	chr11	D11S2368 *	26	chr21	D21S11 *
5	chr3	D3S1358 *	16	chr11	TH01	27	chr21	Penta D *
6	chr4	FGA	17	chr12	D12S391 *	28	chr22	D22S1045 *
7	chr5	D5S818 *	18	chr12	vWA			
8	chr5	CSF1PO	19	chr13	D13S317 *			
9	chr6	D6S0143	20	chr13	D13S325 *			
10	chr6	SE33	21	chr16	D16S539 *			
11	chr6	D6S1043 *	22	chr16	Penta E *			

\* 为推荐优先使用位点。

D.1.2 Y-STR 位点

表 D.2 提供了一代 DNA 分型技术常用的 Y-STR 位点。

表 D.2 Y-STR 位点

序号	位点	序号	位点	序号	位点	序号	位点
1	DYS19(=DYS394) *	6	DYS389II *	11	DYS437 *	16	DYS446
2	DYS385a *	7	DYS390 *	12	DYS438 *	17	DYS447
3	DYS385b *	8	DYS391 *	13	DYS439 *	18	DYS448 *
4	DYS388	9	DYS392 *	14	DYS443	19	DYS449
5	DYS389I *	10	DYS393 *	15	DYS444	20	DYS456 *



表 D.2 Y-STR 位点 (续)

序号	位点	序号	位点	序号	位点	序号	位点
21	DYS458 *	31	DYS527a(=DYF401a)	41	DYS587	51	DYS645
22	DYS459a	32	DYS527b(=DYF401b)	42	DYS593	52	DYS713
23	DYS459b	33	DYS531	43	DYS596	53	DYF387S1a
24	DYS460	34	DYS533 *	44	DYS617	54	DYF387S1b
25	DYS481 *	35	DYS549	45	DYS622	55	DYF404S1a
26	DYS508	36	DYS552	46	DYS626	56	DYF406S1b
27	DYS510	37	DYS557	47	DYS627	57	Y-GATA-A10
28	DYS518	38	DYS413b	48	DYS630	58	Y-GATA-H4 *
29	DYS520	39	DYS570	49	DYS635(Y-GATA-C4) *	59	Y-indel
30	DYS522	40	DYS576 *	50	DYS643	60	Amelogenin *

\* 为推荐优先使用位点。

D.1.3 X-STR 位点

表 D.3 提供了一代 DNA 分型技术常用的 X-STR 位点。

表 D.3 X-STR 位点

序号	位点	序号	位点
1	DXS101	20	DXS10075
2	DXS981	21	DXS10079 *
3	DXS6789	22	DXS10101 *
4	DXS6795 *	23	DXS10103 *
5	DXS6800	24	DXS10134 *
6	DXS6803 *	25	DXS10135 *
7	DXS6807 *	26	DXS10146
8	DXS6809	27	DXS10148 *
9	DXS6810 *	28	DXS10159 *
10	DXS7132 *	29	DXS10162
11	DXS7133	30	DXS10164
12	DXS7423 *	31	HPRTB *
13	DXS7424	32	GATA165B12 *
14	DXS8377	33	GATA172D05 *
15	DXS8378 *	34	GATA31E08 *
16	DXS9898	35	Amelogenin *
17	DXS9907		
18	DXS9902 *		
19	DXS10074		

\* 为推荐优先使用位点。

D.2 高通量测序 DNA 分型技术检测位点

D.2.1 常染色体 STR 位点

表 D.4 提供了高通量测序 DNA 分型技术常用的常染色体 STR 位点。

表 D.4 常染色体 STR 位点

序号	染色体	位点	序号	染色体	位点	序号	染色体	位点
1	chr1	D1GATA113	2	chr1	D1S1612	3	chr1	D1S1627
4	chr1	D1S1628	5	chr1	D1S1656	6	chr1	D1S1677
7	chr1	D1S2134	8	chr1	F13B	9	chr2	D2S1338
10	chr2	D2S1360	11	chr2	D2S1776	12	chr2	D2S2944
13	chr2	D2S441	14	chr2	TPOX	15	chr3	D3S1358
16	chr3	D3S1545	17	chr3	D3S1744	18	chr3	D3S3045
19	chr3	D3S3053	20	chr3	D3S4529	21	chr4	D4S2364
22	chr4	D4S2366	23	chr4	D4S2408	24	chr4	D4S2995
25	chr4	FGA	26	chr5	D5S2500	27	chr5	D5S818
28	chr5	CSF1PO	29	chr6	D6S1017	30	chr6	D6S1025
31	chr6	D6S1043	32	chr6	D6S471	33	chr6	D6S477
34	chr6	SE33	35	chr6	F13A01	36	chr7	D7S1517
37	chr7	D7S3048	38	chr7	D7S801	39	chr7	D7S820
40	chr8	D8S1115	41	chr8	D8S1132	42	chr8	D8S1179
43	chr9	D9S1122	44	chr9	D9S2157	45	chr9	D9S2168
46	chr9	D9S925	47	chr10	D10S1248	48	chr10	D10S1435
49	chr10	D10S2325	50	chr11	D11S4463	51	chr11	D11S2368
52	chr11	TH01	53	chr12	D12ATA63	54	chr12	D12S391
55	chr12	vWA	56	chr12	CD4	57	chr13	D13S317
58	chr13	D13S325	59	chr14	D14S1434	60	chr15	D15S128
61	chr15	D15S129	62	chr15	D15S131	63	chr15	GABA
64	chr15	D15S659	65	chr16	D16S539	66	chr16	Penta E
67	chr17	D17S1301	68	chr17	D17S974	69	chr18	D18S1145
70	chr18	D18S466	71	chr18	D18S51	72	chr18	D18S535
73	chr18	D18S853	74	chr18	D18S865	75	chr18	D18S872
76	chr18	D18S1364	77	chr19	D19S253	78	chr19	D19S400
79	chr19	D19S433	80	chr20	D20S1082	81	chr20	D20S161
82	chr20	D20S482	83	chr21	D21S11	84	chr21	D21S2055
85	chr21	Penta D	86	chr22	D22-GATA198B05	87	chr22	D22S1045
88	chr22	D22S1045						

D.2.2 Y-STR 位点

表 D.5 提供了高通量 DNA 分型技术常用的 Y-STR 位点。

表 D.5 Y-STR 位点

序号	位点	序号	位点	序号	位点	序号	位点
1	DXYS156	2	DYF371	3	DYF385a	4	DYF385b
5	DYF395	6	DYF397a	7	DYF397b	8	DYF397c
9	DYF397d	10	DYF399a	11	DYF399b	12	DYF399c
13	DYF404S1	14	DYF406S1	15	DYF408a	16	DYF408b
17	DYF408c	18	DYF408d	19	DYF411a	20	DYF411b
21	DYS19(=DYS394)	22	DYS385a	23	DYS385b	24	DYS388
25	DYS389I	26	DYS389II	27	DYS390	28	DYS391
29	DYS392	30	DYS393	31	DYS395S1a	32	DYS395S1b
33	DYS413a	34	DYS413b	35	DYS425	36	DYS426
37	DYS434	38	DYS435	39	DYS436	40	DYS437 *
41	DYS438 *	42	DYS439 *	43	DYS441	44	DYS442
45	DYS444	46	DYS445	47	DYS446	48	DYS447
49	DYS448 *	50	DYS449 *	51	DYS450	52	DYS452
53	DYS454	54	DYS455	55	DYS456 *	56	DYS458 *
57	DYS459a	58	DYS459b	59	DYS460 *	60	DYS461
61	DYS462	62	DYS463	63	DYS464a	64	DYS464b
65	DYS464c	66	DYS464d	67	DYS464e	68	DYS464f
69	DYS464g	70	DYS472	71	DYS481	72	DYS485
73	DYS487	74	DYS490	75	DYS492	76	DYS495
77	DYS505	78	DYS510	79	DYS511	80	DYS518
81	DYS520	82	DYS522	83	DYS527a(=DYF401a)	84	DYS527b(=DYF401b)
85	DYS531	86	DYS532	87	DYS533	88	DYS534
89	DYS537	90	DYS549	91	DYS557	92	DYS565
93	DYS568	94	DYS570	95	DYS572	96	DYS576
97	DYS578	98	DYS590	99	DYS593	100	DYS594
101	DYS596	102	DYS607	103	DYS612	104	DYS617
105	DYS627	106	DYS635(Y-GATA-C4)	107	DYS640	108	DYS641
109	DYS643	110	DYS645	111	DYS650	112	DYS652
113	DYS709	114	DYS710	115	DYS712	116	DYS714
117	DYS715	118	DYS716	119	DYS717	120	DYS724a(=CDYa)
121	DYS724b(=CDYb)	122	DYS725a	123	DYS725b	124	DYS725c
125	DYS725d	126	DYS726	127	DYF387S1a	128	DYF387S1a
129	YCAIIa	130	YCAIIb	131	Y-GATA-A10	132	Y-GATA-H4
133	Y-GGAAT-1B07	134	Y-indel	135	Amelogenin		

\* 为推荐优先使用位点。

D.2.3 X-STR 位点

表 D.6 提供了高通量 DNA 分型技术常用的 X-STR 位点。

表 D.6 X-STR 位点

序号	位点	序号	位点	序号	位点	序号	位点
1	DXS10011	19	DXS10133	37	DXS6801	55	DXS9906
2	DXS10066	20	DXS10134	38	DXS6803 B	56	DXS9907
3	DXS10067	21	DXS10135	39	DXS6804	57	DXS9908
4	DXS10068	22	DXS10146	40	DXS6807	58	DXYS156
5	DXS10069	23	DXS10147	41	DXS6809	59	GATA144D04
6	DXS10074	24	DXS10148	42	DXS6810	60	GATA165B12
7	DXS10075	25	DXS10159	43	DXS7130	61	GATA172D05
8	DXS10076	26	DXS10160	44	DXS7132	62	GATA31E08
9	DXS10077	27	DXS10161	45	DXS7133	63	HPRTB
10	DXS10078	28	DXS10162	46	DXS7423	64	HUMARA
11	DXS10079	29	DXS10163	47	DXS7424		
12	DXS101	30	DXS10164	48	DXS8377		
13	DXS10101	31	DXS10165	49	DXS8378		
14	DXS10103	32	DXS6789	50	DXS981		
15	DXS10129	33	DXS6795	51	DXS9895		
16	DXS10130	34	DXS6797	52	DXS9898		
17	DXS10131	35	DXS6799	53	DXS9902		
18	DXS10132	36	DXS6800	54	DXS9905		

附录 E  
(资料性)  
数据记录示例

图 E.1~图 E.4 给出了一组 DNA 分型数据的示范格式。

6.4.1.2 格式标识符	6.4.1.3 版本	6.4.1.4 通信方向	6.4.1.5 发送方	6.4.1.6 接收方	6.4.1.7 实体类型	6.4.1.8 数据处理日期和时间
DNA	3.0	Answer	CHN FGI- Shenzhen Yan Huang	CHN FGI- Beijing Hui Qing	IM	2017-06-07T11:34:00
6.4.2.2 样本采集日期	6.4.2.3 样本来源类型	6.4.2.4 样本细胞类型	6.4.2.5 遗传标记类型	6.4.2.6 样本来源者		
2017-06-05T10:00:00	Claimed Biological Sibling	Blood	STR;Y-STR;SNP	Known		
6.4.2.7 样本收集方法	6.4.2.8 样本收集地点		6.4.2.9 样本收集地理定位			
Gathered from contributor directly	Beishan Industrial Zone, Yantian District, Shenzhen		114.273682,22.596183			
*注：附录D给出了家系树构建示例。						
6.4.3.1.2 分析日期和时间	6.4.3.1.3 批次ID	6.4.3.1.4 DNA图谱ID	6.4.3.1.5 试剂盒ID			
2017-06-06T11:00:00	20AMG801	PT-20170606003	The HumanDNA Typing (Platinum)			
6.4.3.1.6 实验室认证	6.4.3.1.7 能力验证	6.4.3.1.8 请求类型	6.4.3.1.9 结果	6.4.3.1.10 错误信息	6.4.3.1.11 补充信息	
CNAS	Autosomal STR and Gender	DataSubmission	NoHit	-	-	

图 E.1 通用 DNA 分型数据记录示例

6.4.3.2.2					
STR DNA 图谱位点信息					
位点数据头		等位基因			
位点名称	状态	运算符	等位基因 1	运算符	等位基因 2
D19S433	Normal	Equal	13.2	Equal	14
D5S818	Normal	Equal	11	Equal	11
D21S11	Normal	Equal	31.2	Equal	32.2
D18S51	Normal	Equal	13	Equal	13
D6S1043	Normal	Equal	12	Equal	19
AMEL	Normal	Equal	0	Equal	0
D3S1358	Normal	Equal	15	Equal	17
D13S317	Normal	Equal	8	Equal	11
D7S820	Normal	Equal	10	Equal	12
D16S539	Normal	Equal	9	Equal	11
CSF1PO	Normal	Equal	11	Equal	11
Penta D	Normal	Equal	10	Equal	13
D2S441	Normal	Equal	10	Equal	11
vWA	Normal	Equal	14	Equal	15
D8S1179	Normal	Equal	12	Equal	16
TPOX	Normal	Equal	9	Equal	11
Penta E	Normal	Equal	14	Equal	16
TH01	Normal	Equal	9	Equal	9
D12S391	Normal	Equal	20	Equal	22
D2S1338	Normal	Equal	18	Equal	18
FGA	Normal	Equal	23	Equal	23

图 E.2 STR DNA 图谱位点分型信息示例

6.4.3.2.3					
Y-STR DNA 图谱位点信息					
位点数据头		等位基因			
位点名称	状态	运算符	等位基因 1	运算符	等位基因 2
DYS437	Normal	Equal	14	Equal	14
YGATAH4	Normal	Equal	12	Equal	12
DYS570	Normal	Equal	19	Equal	19
DYS518	Normal	Equal	37	Equal	37
DYS393	Normal	Equal	13	Equal	13
DYS458	Normal	Equal	15	Equal	15
DYS19	Normal	Equal	15	Equal	15
DYS481	Normal	Equal	26	Equal	26
DYS390	Normal	Equal	23	Equal	23
DYS439	Normal	Equal	11	Equal	11
DYS448	Normal	Equal	18	Equal	18
DYS627	Normal	Equal	21	Equal	21
DYS438	Normal	Equal	10	Equal	10
DYS533	Normal	Equal	11	Equal	11
DYS3891	Normal	Equal	12	Equal	12
DYS635	Normal	Equal	19	Equal	19
DYS38911	Normal	Equal	28	Equal	28
DYS392	Normal	Equal	14	Equal	14
DYS391	Normal	Equal	11	Equal	11
DYS576	Normal	Equal	18	Equal	18
DYS460	Normal	Equal	10	Equal	10
DYS456	Normal	Equal	18	Equal	18
DYF387S1	Normal	Equal	37	Equal	40

图 E.3 Y-STR DNA 图谱位点分型信息示例

6.4.3.2.6					
SNP 数据位点信息					
位点数据头		等位基因			
位点名称	状态	运算符	等位基因 1	运算符	等位基因 2
rs10011941	Normal	Equal	A	Equal	A
rs1001450	Normal	Equal	G	Equal	G
rs10015185	Normal	Equal	A	Equal	G
rs10018430	Normal	Equal	G	Equal	C
rs10025899	Normal	Equal	T	Equal	C
rs1002665	Normal	Equal	C	Equal	T
rs10029573	Normal	Equal	T	Equal	C
rs10031212	Normal	Equal	C	Equal	T
rs1004357	Normal	Equal	T	Equal	C
rs10049473	Normal	Equal	A	Equal	A
rs10050964	Normal	Equal	T	Equal	T
rs10054127	Normal	Equal	G	Equal	A
rs10056388	Normal	Equal	A	Equal	G
rs10062504	Normal	Equal	A	Equal	G
rs10077423	Normal	Equal	G	Equal	C
rs10087930	Normal	Equal	G	Equal	A
rs1009543	Normal	Equal	C	Equal	C
rs10098938	Normal	Equal	A	Equal	A
rs10104234	Normal	Equal	A	Equal	C
rs10115017	Normal	Equal	C	Equal	C
rs1015250	Normal	Equal	G	Equal	A

图 E.4 SNP 数据位点分型信息示

附录 F  
(规范性)  
符合性测试方法

应使用 ISO/IEC 29109-1:2009 第 6 章、第 7 章和第 8 章中给出的测试方法。表 F.1 和表 F.2 的内容依据 ISO/IEC 29109-1:2009 中描述的符合性测试方法设置,且只在该测试方法的背景下使用。

F.1 本文件级别 1 和级别 2 要求表

本文件级别 1 和级别 2 的规范性要求在表 F.1 中列出。IUT 的提供者应说明其支持本文件的哪些可选项,检测实验室应记录相应的测试结果。

表 F.1 级别 1 和级别 2 要求表

要求编号	本文件条款号	要求概述	级别	状态	IUT 支持	支持范围	测试结果	XML 适用
R-1	6.3 BDB	按照 GB/T 26237.1—2022 规定,DNA 记录格式的生物特征数据记录应嵌入到 CBEFF 的生物特征数据块(BDB)中。如果使用 CBEFF 数据头,则应符合以下规定: CBEFF 实体格式应在 CBEFF 数据头中写明 CBEFF_BDB 格式所有者及 CBEFF_BDB 格式类型。 CBEFF_BDB 格式所有者是 ISO/IEC JTC1/SC37,由 CBEFF 注册机构指定给 ISO/IEC JTC1/SC37 的 CBEFF 生物识别组织标识符表示,值用十六进制表示:0x0101。 CBEFF_BDB 格式类型由 ISO/IEC JTC1/SC37 分配给该 DNA 记录格式的 CBEFF BDB 格式类型标识符表示,值用十六进制表示:0x0020	2	O-x				否
R-2	6.3 BDIR	DNA 记录应遵循 BDIR 结构,应包含一个通用数据头以及一个或多个表述部分	2	M				是
R-3	6.4.1.2	DNA 数据的格式标示应为字符串"DNA"	2	M				是
R-4	6.4.1.3	版本的主版本号为 3,次修订号为 1	2	M				是
R-5	6.4.1.4	通信方向应包含本文件表 2 的字符串	2	M				是
R-6	6.4.1.5	发送方的国家代码应包含有效的 GB/T 2659—2000 代码条目	2	M				是
R-7	6.4.1.5	发送方的实体名称应包含有效的 ISO 3166-2 代码条目	1	M				是
R-8	6.4.1.5	发送方的负责人姓名应包含有效的 ISO 3166-2 代码条目	1	M				是

表 F.1 级别 1 和级别 2 要求表 (续)

要求编号	本文件条款号	要求概述	级别	状态	IUT 支持	支持范围	测试结果	XML 适用
R-9	6.4.1.6	接收方的国家代码应包含有效的 GB/T 2659—2000 代码条目	2	M				是
R-10	6.4.1.6	接收方的实体名称应包含有效的 ISO 3166-2 代码条目	1	M				是
R-11	6.4.1.6	接收方的负责人姓名应包含有效的 ISO 3166-2 代码条目	1	M				是
R-12	6.4.1.7	实体类型应符合本文件 6.4.1.7 规定	2	M				是
R-13	6.4.1.8	数据处理日期和时间应符合 GB/T 26237.1—2022	2	M				是
R-14	6.4.2.2	样本采集日期应符合 GB/T 26237.1—2022	2	M				是
R-15	6.4.2.3	样本来源类型应符合本文件表 5	2	M				是
R-16	6.4.2.4	样本类型应符合本文件表 5	2	M				是
R-17	6.4.2.5	遗传标记类型应符合本文件表 7	2	M				是
R-18	6.4.2.6	样本来源者应符合本文件表 8	2	M				是
R-19	6.4.2.7	样本采集方法应为字符串	1	M				是
R-20	6.4.2.8	样本采集地点应为字符串	1	M				是
R-21	6.4.2.9	样本采集地理定位应符合本文件表 9 和 CGCS2000	2	M				是
R-22	6.4.2.10	家系图应符合本文件 6.4.2.10 规定	2	M				是
R-23	6.4.3.1.2	分析日期和时间应符合 GB/T 26237.1—2022	2	M				是
R-24	6.4.3.1.3	批次 ID 应为字符串	1	M				是
R-25	6.4.3.1.34	DNA 图谱 ID 应为字符串	1	M				是
R-26	6.4.3.1.5	试剂盒 ID 应为字符串	1	M				是
R-27	6.4.3.1.6	实验室认证应符合本文件 6.4.3.1.6 规定,并包含表 15 中的值	2	M				是
R-28	6.4.3.1.7	能力验证应符合本文件 6.4.3.1.7 规定,并包含表 17 中的值	2	M				是
R-29	6.4.3.1.8	请求应符合本文件 6.4.3.1.8 规定,并包含表 19 中的值	2	M				是
R-30	6.4.3.1.8	通信方向字段为"Request"时,请求是必备要求,否则可选	2	M				是

表 F.1 级别 1 和级别 2 要求表 (续)

要求编号	本文件条款号	要求概述	级别	状态	IUT支持	支持范围	测试结果	XML适用
R-31	6.4.3.1.9	结果应符合本文件 6.4.3.1.9 规定,并包含表 21 中的值	2	M				是
R-32	6.4.3.1.9	通信方向字段为"Answer"时,结果是必备要求,否则可选	2	M				是
R-33	6.4.3.1.10	错误信息应为字符串	1	M				是
R-34	6.4.3.1.11	补充信息应为字符串	1	M				是
R-35	6.4.3.2.2	STR 分型图谱应符合本文件 6.4.3.2.2 规定	2	M				是
R-36	6.4.3.2.2	样本分型技术为"STR"时,STR 分型图谱是必备要求,否则可选。见表 22	2	M				是
R-37	6.4.3.2.3	Y-STR 分型图谱应符合本文件 6.4.3.2.3 规定	2	M				是
R-38	6.4.3.2.3	样本分型技术为"Y-STR"时,Y-STR 分型图谱是必备要求,否则可选。见表 22	2	M				是
R-39	6.4.3.2.4	X-STR 分型图谱应符合本文件 6.4.3.2.4 规定	2	M				是
R-40	6.4.3.2.4	样本分型技术为"X-STR"时,X-STR 分型图谱是必备要求,否则可选。见表 22	2	M				是
R-41	6.4.3.2.5	mtDNA 测序数据应符合本文件 6.4.3.2.5 规定	2	M				是
R-42	6.4.3.2.5	样本分型技术为"mtDNA"时,mtDNA 测序数据是必备要求,否则可选。见表 22	2	M				是
R-43	6.4.3.2.6	SNP 分型应符合本文件 6.4.3.2.6 规定	2	M				是
R-44	6.4.3.2.6	样本分型技术为"SNP"时,SNP 分型是必备要求,否则可选。见表 22	2	M				是
R-45	6.4.3.2.7	Y-SNP 分型应符合本文件 6.4.3.2.7 规定	2	M				是
R-46	6.4.3.2.7	样本分型技术为"Y-SNP"时,Y-SNP 分型是必备要求,否则可选。见表 22	2	M				是
R-47	6.4.3.2.8	X-SNP 分型应符合本文件 6.4.3.2.8 规定	2	M				是
R-48	6.4.3.2.8	样本分型技术为"X-SNP"时,X-SNP 分型是必备要求,否则可选。见表 22	2	M				是
R-49	6.4.3.2.9	单倍型分型应符合本文件 6.4.3.2.9 规定	2	M				是
R-50	6.4.3.2.9	样本分型技术为"Haploid"时,单倍体型分型是必备要求,否则可选。见表 22	2	M				是
R-51	6.4.3.2.10	电泳图谱应符合本文件 6.4.3.2.10 规定	2	M				是

表 F.1 级别 1 和级别 2 要求表 (续)

要求编号	本文件条款号	要求概述	级别	状态	IUT支持	支持范围	测试结果	XML适用
R-52	6.4.3.2.10	样本分型技术为"Electropherogram"时,电泳图谱是必备要求,否则可选。见表 22	2	M				是
R-53	6.4.3.2.11	NGS 测序数据应符合本文件 6.4.3.2.11 规定	2	M				是
R-54	6.4.3.2.11	样本分型技术为"NGS"时,NGS 测序数据是必备要求,否则可选。见表 22	2	M				是
R-55	6.4.3.2.12	用户自定义应符合本文件表 64	2	M				是

注 1: M 表示必备要求。  
注 2: 表头中的“级别”表示该要求的测试级别;“状态”表示该要求是必备要求(M)还是可选要求(O);R-1 的状态“O-x”表示 CBEFF 符合性测试超出了本文件的范围。

F.2 测试断言表

表 F.2 给出了本文件中定义的 DNA 数据交换格式的符合性测试断言,这些测试断言由 XML 编码。

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
1	6 DNA 数据格式	R-2	2	整个字段	EQ	BDIR 应包含一个通用数据头以及一个或多个表述部分					
2	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-3	2	格式标识	EQ	"DNA"					
3	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-4	2	版本:主本版号	EQ	3					
4	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-4	2	版本:次修订号	EQ	0					
5	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-5	2	通信方向	EQ	"Request"或"Answer"					
6	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-6	2	发送方:国家代码	EQ	GB/T 2659 中规定的国家代码					

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
7	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-7	1	发送方: 实体名称	GTE	长度 ≥ 0					
8	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-8	1	发送方: 负责人姓名	GTE	长度 ≥ 0					
9	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-9	2	接收方: 国家代码	EQ	GB/T 2659 中规定的国家代码					
10	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-10	1	接收方: 实体名称	GTE	长度 ≥ 0					
11	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-11	1	接收方: 负责人姓名	GTE	长度 ≥ 0					
12	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-12	2	实体类型	EQ	"G", "GM", "GR", "I", "IM", "IR", "O", "OM", "OR", "U", "UM" 或 "UR"					
13	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-13	2	数据处理日期和时间: 年	EQ	1~65534					
14	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-13	2	数据处理日期和时间: 月	EQ	1~12					
15	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-13	2	数据处理日期和时间: 日	EQ	1~31					
16	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-13	2	数据处理日期和时间: 时	EQ	0~23					
17	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-13	2	数据处理日期和时间: 分	EQ	0~59					

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
18	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-13	2	数据处理日期和时间: 秒	EQ	0~59					
19	6.4.1 DNA 记录通用数据头结构	R-13	2	数据处理日期和时间: 毫秒	EQ	0~999					
20	6.4.2 表述元数据	R-14	2	样本采集日期: 年	EQ	1~65534					
21	6.4.2 表述元数据	R-14	2	样本采集日期: 月	EQ	1~12					
22	6.4.2 表述元数据	R-14	2	样本采集日期: 日	EQ	1~31					
23	6.4.2 表述元数据	R-14	2	样本采集日期: 时	EQ	0~23					
24	6.4.2 表述元数据	R-14	2	样本采集日期: 分	EQ	0~59					
25	6.4.2 表述元数据	R-14	2	样本采集日期: 秒	EQ	0~59					
26	6.4.2 表述元数据	R-14	2	样本采集日期: 毫秒	EQ	0~999					

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
27	6.4.2 表述元数据	R-15	2	样本来源类型	EQ	"Arrestee" "Claimed Biological Child" "Claimed Biological Mother" "Claimed Biological Father" "Claimed Biological Sibling" "Claimed Biological Spouse" "Actual Biological Child" "Actual Biological Father" "Actual Biological Mother" "Actual Biological Sibling" "Actual Biological Spouse" "Adoptive Biological Child" "Adoptive Biological Father" "Adoptive Biological Mother" "Adoptive Biological Sibling" "Convicted Offender" "Forensic, Unknown" "Insurgent" "Known Suspected Terrorist" "Maternal Relative" "Missing Person" "Paternal Relative" "Suspect, Known" "Unidentified Living" "Unidentified Dead" "Victim, Known" "Detainee" "Other"或 "Unspecified"					

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
28	6.4.2 表述元数据	R-16	2	样本类型	EQ	"Blood" "Bone" "Buccal Cell" "Commingled Biological Material" "Hair" "Saliva" "Semen" "Skin" "Sweat/Fingerprint" "Urine" "Tissue" "Tooth (including Pulp)" "Other" "Unknown"或 "Unspecified"					
29	6.4.2 表述元数据	R-17	2	遗传标记类型	EQ	"STR" "Y-STR" "mtDNA" "SNP" "Y-SNP" "X-SNP" "Haplotype" "Electropherogram" "NGS"或 "User Defined Typing"					
30	6.4.2 表述元数据	R-18	2	样本来源者	EQ	"Known"或"Unknown"					
31	6.4.2 表述元数据	R-19	1	样本采集方法	GTE	长度 ≥ 0					
32	6.4.2 表述元数据	R-20	1	采集样本地点	GTE	长度 ≥ 0					
33	6.4.2 表述元数据	R-21	2	样本采集地理定位:纬度	EQ	-90.0 ≤ 纬度 ≤ +90.0					
34	6.4.2 表述元数据	R-21	2	样本采集地理定位:经度	EQ	-180.0 ≤ 经度 ≤ +180.0					



表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
35	6.4.2 表述元数据	R-22	2	家系图:家系成员 ID	GT	0					
36	6.4.2 表述元数据	R-22	2	家系图:样本 ID	LTE	长度 ≤ 24					
37	6.4.2 表述元数据	R-22	2	家系图:母亲 ID	GT	0					
38	6.4.2 表述元数据	R-22	2	家系图:父亲 ID	GT	0					
39	6.4.2 表述元数据	R-22	2	家系图:家系成员状态	EQ	"Known"或"Unknown"					
40	6.4.2 表述元数据	R-22	2	家系图:性别	EQ	"Male"或"Female"					
41	6.4.3.1 DNA 信息	R-23	2	分析日期和时间:年	EQ	1~65534					
42	6.4.3.1 DNA 信息	R-23	2	分析日期和时间:月	EQ	1~12					
43	6.4.3.1 DNA 信息	R-23	2	分析日期和时间:日	EQ	1~31					
44	6.4.3.1 DNA 信息	R-23	2	分析日期和时间:时	EQ	0~23					
45	6.4.3.1 DNA 信息	R-23	2	分析日期和时间:分	EQ	0~59					
46	6.4.3.1 DNA 信息	R-23	2	分析日期和时间:秒	EQ	0~59					
47	6.4.3.1 DNA 信息	R-23	2	分析日期和时间:毫秒	EQ	0~999					
48	6.4.3.1 DNA 信息	R-24	1	批次 ID	GTE	长度 ≥ 0					
49	6.4.3.1 DNA 信息	R-25	1	DNA 图谱 ID	GTE	长度 ≥ 0					
50	6.4.3.1 DNA 信息	R-26	1	试剂盒 ID	GTE	长度 ≥ 0					

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
51	6.4.3.1 DNA 信息	R-27	2	实验室认证	EQ	"No validation" "CNAS" "CMA" "Unknown"或 "Unspecified"					
52	6.4.3.1 DNA 信息	R-28	2	能力验证	EQ	"Blood Type" "Human Hemoglobin" "Human Semen" "Autosomal STR and Gender" "Y-STR" "X-STR" "mtDNA" "Other"或 "Unspecified"					
53	6.4.3.1 DNA 信息	R-29	2	请求	EQ	"DataSubmission" "DataSubmissionAndSearch" "Search"或 "UserDefined"					
54	6.4.3.1 DNA 信息	R-30	2	请求为必备要求	C	通信方向为"Request"					
55	6.4.3.1 DNA 信息	R-31	2	结果	EQ	"UnableToProcess" "NoHit" "HitUserDefined"或 "UserDefined"					
56	6.4.3.1 DNA 信息	R-32	2	结果为必备要求	C	通信方向为"Answer"					
57	6.4.3.1 DNA 信息	R-33	1	错误信息	GTE	长度 ≥ 0					
58	6.4.3.1 DNA 信息	R-34	1	补充信息	GTE	长度 ≥ 0					
59	6.4.3.2 DNA 分型数据	R-35	2	STR 分型图谱: STR 位点: STR 位点数据头: STR 位点名称	EQ	本文件附录 C 中位点名称					

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
60	6.4.3.2 DNA分型数据	R-35	2	STR分型图谱: STR位点: STR位点数 数据头: STR状态	EQ	"Normal" "SilentAllele" "NotDetermined"或 "NotAnalysed"					
61	6.4.3.2 DNA分型数据	R-35	2	STR分型图谱: STR位点: STR等位基因分型: STR运算符	EQ	"Equal" "LowerLimit" "UpperLimit"或 "Range"					
62	6.4.3.2 DNA分型数据	R-35	1	STR分型图谱: STR位点: STR等位基因分型: STR等位基因1							
63	6.4.3.2 DNA分型数据	R-35	2	STR分型图谱: STR位点: STR等位基因分型: STR等位基因2	C	STR分型图谱; STR位点; STR等位基因分型; STR运算符, "Range"					
64	6.4.3.2 DNA分型数据	R-36	2	STR分型图谱为必备要求	C	样本分型技术为"STR"					
65	6.4.3.2 DNA分型数据	R-37	2	Y-STR分型图谱: Y-STR位点: Y-STR位点数 数据头: Y-STR位点名称	EQ	本文件附录C中位点名称					
66	6.4.3.2 DNA分型数据	R-37	2	Y-STR分型图谱: Y-STR位点: Y-STR位点数 数据头: Y-STR状态	EQ	"Normal" "SilentAllele" "NotDetermined"或 "NotAnalysed"					

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
67	6.4.3.2 DNA分型数据	R-37	2	Y-STR分型图谱: Y-STR位点: Y-STR等位基因分型: Y-STR运算符	EQ	"Equal" "LowerLimit" "UpperLimit"或 "Range"					
68	6.4.3.2 DNA分型数据	R-37	1	Y-STR分型图谱: Y-STR位点: Y-STR等位基因分型: Y-STR等位基因							
69	6.4.3.2 DNA分型数据	R-38	2	Y-STR分型图谱为必备要求	C	样本分型技术为"Y-STR"					
70	6.4.3.2 DNA分型数据	R-39	2	X-STR分型图谱: X-STR位点: X-STR位点数 数据头: X-STR位点名称	EQ	本文件附录C中位点名称					
71	6.4.3.2 DNA分型数据	R-39	2	X-STR分型图谱: X-STR位点: X-STR位点数 数据头: X-STR状态	EQ	"Normal" "SilentAllele" "NotDetermined"或 "NotAnalysed"					
72	6.4.3.2 DNA分型数据	R-39	2	X-STR分型图谱: X-STR位点: X-STR等位基因分型: X-STR运算符	EQ	"Equal" "LowerLimit" "UpperLimit"或 "Range"					

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
73	6.4.3.2 DNA分型数据	R-39	1	X-STR分型图谱: X-STR位点: X-STR等位基因分型: X-STR等位基因1							
74	6.4.3.2 DNA分型数据	R-39	2	X-STR分型图谱: X-STR位点: X-STR等位基因分型: X-STR等位基因2	C	X-STR分型图谱; X-STR位点; X-STR等位基因分型; X-STR运算符, "Range"					
75	6.4.3.2 DNA分型数据	R-40	2	X-STR分型图谱为必备要求	C	样本分型技术为"X-STR"					
76	6.4.3.2 DNA分型数据	R-41	2	mtDNA测序数据: 线粒体参照区域1	EQ	本文件表28列出的字符串					
77	6.4.3.2 DNA分型数据	R-41	2	mtDNA测序数据: 线粒体参照区域2	EQ	本文件表28列出的字符串					
78	6.4.3.2 DNA分型数据	R-41	1	mtDNA测序数据: 线粒体DNA质量1							
79	6.4.3.2 DNA分型数据	R-41		mtDNA测序数据: 线粒体DNA质量2							
80	6.4.3.2 DNA分型数据	R-42	2	mtDNA测序数据为必备要求	C	样本分型技术为"mtDNA"					

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
81	6.4.3.2 DNA分型数据	R-43	2	SNP分型: SNP位点信息: SNP位点数 据头: SNP位点名称	EQ	本文件附录C中位点名称					
82	6.4.3.2 DNA分型数据	R-43	2	SNP分型: SNP位点信息: SNP位点数 据头: SNP状态	EQ	"Normal" "NotDetermined"或 "NotAnalysed"					
83	6.4.3.2 DNA分型数据	R-43	2	SNP分型: SNP位点信息: SNP等位基因分型: SNP运算符	EQ	"Equal"或"Range"					
84	6.4.3.2 DNA分型数据	R-43	1	SNP分型: SNP位点信息: SNP等位基因分型: SNP等位基因1							
85	6.4.3.2 DNA分型数据	R-43	2	SNP分型: SNP位点信息: SNP等位基因分型: SNP等位基因2	C	SNP分型; SNP位点信息; SNP等位基因分型; SNP运算符, "Range"					
86	6.4.3.2 DNA分型数据	R-44	2	SNP分型为必备要求	C	样本分型技术为"SNP"					
87	6.4.3.2 DNA分型数据	R-45	2	Y-SNP分型: Y-SNP位点信息: Y-SNP位点数 据头: Y-SNP位点名称	EQ	本文件附录C中位点名称					

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
88	6.4.3.2 DNA分型数据	R-45	2	Y-SNP 分型: Y-SNP 位点信息: Y-SNP 位点数据头: Y-SNP 状态	EQ	"Normal" "NotDetermined"或 "NotAnalysed"					
89	6.4.3.2 DNA分型数据	R-45	2	Y-SNP 分型: Y-SNP 位点信息: Y-SNP 等位基因分型: Y-SNP 运算符	EQ	"Equal"或"Range"					
90	6.4.3.2 DNA分型数据	R-45	1	Y-SNP 分型: Y-SNP 位点信息: Y-SNP 等位基因分型: Y-SNP 等位基因							
91	6.4.3.2 DNA分型数据	R-46	2	Y-SNP 分型为 必备要求	C	样本分型技术为"Y-SNP"					
92	6.4.3.2 DNA分型数据	R-47	2	X-SNP 分型: X-SNP 位点信息: X-SNP 位点数据头: X-SNP 位点名称	EQ	本文件附录 C 中位点名称					
93	6.4.3.2 DNA分型数据	R-47	2	X-SNP 分型: X-SNP 位点信息: X-SNP 位点数据头: X-SNP 状态	EQ	"Normal" "NotDetermined"或 "NotAnalysed"					

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
94	6.4.3.2 DNA分型数据	R-47	2	X-SNP 分型: X-SNP 位点信息: X-SNP 等位基因分型: X-SNP 运算符	EQ	"Equal"或"Range"					
95	6.4.3.2 DNA分型数据	R-47	1	X-SNP 分型: X-SNP 位点信息: X-SNP 等位基因分型: X-SNP 等位基因							
96	6.4.3.2 DNA分型数据	R-47	2	X-SNP 分型: X-SNP 位点信息: X-SNP 等位基因分型: X-SNP 等位基因 2	C	X-SNP 分型; X-SNP 位点信息; X-SNP 等位基因分型; X-SNP 运算符, "Range"					
97	6.4.3.2 DNA分型数据	R-48	2	X-SNP 分型为 必备要求	C	样本分型技术为"X-SNP"					
98	6.4.3.2 DNA分型数据	R-49	2	单倍型分型: 单倍型信息: 单倍型数据头: 单倍型名称	EQ	本文件附录 C 中位点名称					
99	6.4.3.2 DNA分型数据	R-49	2	单倍型分型: 单倍型信息: 单倍型数据头: 单倍型状态	EQ	"Normal" "NotDetermined"或 "NotAnalysed"					
100	6.4.3.2 DNA分型数据	R-49	2	单倍型分型: 单倍型信息: 单倍型分型: 单倍型运算符	EQ	"Equal"或"Range"					

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
101	6.4.3.2 DNA分型数据	R-49	1	单倍型分型: 单倍型信息: 单倍型分型: 单倍型							
102	6.4.3.2 DNA分型数据	R-50	2	单倍型分型为必备要求	C	样本分型技术为"Haplotype"					
103	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: 时间和荧光强度: 运行名称							
104	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: 时间和荧光强度: 样本文件名称							
105	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: 时间和荧光强度: 电泳图谱染料: 染料名称							
106	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: 时间和荧光强度: 电泳图谱时间: 运行时间							
107	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: 时间和荧光强度: 电泳图谱时间: 染料荧光强度							

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
108	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: 时间与碱基对关联数据: 运行名称							
109	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: 时间与碱基对关联数据: 样本文件名称							
110	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: 时间与碱基对关联数据: 关联数据: 运行时间							
111	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: 时间与碱基对关联数据: 关联数据: 碱基对长度							
112	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: panel 数据: 引物名称							
113	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	2	电泳图谱: 原始电泳图谱: panel 数据: panel 等位基因: 位点名称	EQ	本文件附录 C 中位点名称					
114	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: panel 数据: panel 等位基因: 染料名称							

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
115	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: panel 数据: panel 等位基因: 最小的等位基因							
116	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: panel 数据: panel 等位基因: 最大的等位基因							
117	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	2	电泳图谱: 原始电泳图谱: panel 数据: panel 等位基因: 噪声比率	EQ	0.0~1.0					
118	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: bin 数据: 引物集名称							
119	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	2	电泳图谱: 原始电泳图谱: bin 数据: bin 位点: 位点名称	EQ	本文件附录 C 中位点名称					
120	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	2	电泳图谱: 原始电泳图谱: bin 数据: bin 位点: bin 分型: 等位基因分型			见测试 61 至 63				
121	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: bin 数据: bin 位点: bin 分型: 平均碱基对长度							

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
122	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: bin 数据: bin 位点: bin 分型: 碱基对长度负偏差							
123	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 原始电泳图谱: bin 数据: bin 位点: bin 分型: 碱基对长度正偏差							
124	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	2	电泳图谱: 参考电泳图谱: 时间和荧光强度			见测试 103 至 107				
125	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	2	电泳图谱: 线粒体序列图谱: 时间和荧光强度			见测试 103 至 107				
126	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	1	电泳图谱: 线粒体序列图谱: 碱基的染料: 染料名称							
127	6.4.3.2 DNA分型数据	R-51	2	电泳图谱: 线粒体序列图谱: 碱基的染料: 碱基类型	EQ	本文件表 28 列出的字符串					
128	6.4.3.2 DNA分型数据	R-52	2	电泳图谱数据为必备要求	C	样本分型技术为 "Electropherogram"					
129	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	1	NGS 测序数据: 原始序列数据: 读长	GTE	长度 ≥ 0					

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
130	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	1	NGS 测序数据: 原始序列数据: 类型	EQ	"PE"或"SE"					
131	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	1	NGS 测序数据: 原始序列数据: 数据量	GT	0					
132	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	1	NGS 测序数据: 原始序列数据: 序列: 序列 ID	GTE	长度 ≥ 0					
133	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	1	NGS 测序数据: 原始序列数据: 序列: 碱基排列顺序: 碱基	EQ	本文件表 28 列出的字符串					
134	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	1	NGS 测序数据: 原始序列数据: 序列: 测序质量: 质量	EQ	本文件表 57 列出的字符					
135	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	1	NGS 测序数据: 比对图谱数据: 位点数据: 运行名称	GT	长度 > 0					
136	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	1	NGS 测序数据: 比对图谱数据: 位点数据: 样本文件名称	GT	长度 > 0					
137	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	2	NGS 测序数据: 比对图谱数据: 位点数据: 比对图谱位点: 位点名称	EQ	本文件附录 C 中位点名称					

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
138	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	2	NGS 测序数据: 比对图谱数据: 位点数据: 比对图谱位点: 等位基因: 等位基因分型	EQ	"STR" "Y-STR" "X-STR" "mtDNA" "SNP" "Y-SNP" "X-SNP"或 "Haplotype"					
139	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	1	NGS 测序数据: 比对图谱数据: 位点数据: 比对图谱位点: 等位基因: 等位基因覆盖深度	GT	0					
140	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	2	NGS 测序数据: 比对图谱数据: 位点数据: 比对图谱位点: 等位基因: 噪声比	GT	0					
141	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	1	NGS 测序数据: 比对图谱数据: 覆盖深度	GT	0					
142	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	1	NGS 测序数据: 比对图谱数据: NGS Panel 数据: 位点集名称	GTE	长度 ≥ 0					
143	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	2	NGS 测序数据: 比对图谱数据: NGS Panel 数据: Panel 位点: 位点名称	EQ	本文件附录 C 中位点名称					

表 F.2 XML 编码的符合性测试断言表 (续)

测试编号	本文件条款	要求编号	级别	字段	操作符	操作对象	测试注释	状态	IUT支持	支持范围	测试结果
144	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	2	NGS 测序数据: 比对图谱数据: NGS Panel 数据: Panel 位点: 位点分型数据	EQ	"STR" "Y-STR" "X-STR" "mtDNA" "SNP" "Y-SNP" "X-SNP"或 "Haplotype"					
145	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	1	NGS 测序数据: 比对图谱数据: NGS Panel 数据: Panel 位点: 最小等位基因	C	位点分型数据为"STR","Y-STR","X-STR"或"mtDNA"					
146	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	1	NGS 测序数据: 比对图谱数据: NGS Panel 数据: Panel 位点: 最大等位基因	C	位点分型数据为"STR","Y-STR","X-STR"或"mtDNA"					
147	6.4.3.2 DNA分型数据	R-53	1	NGS 测序数据: 比对图谱数据: NGS Panel 数据: Panel 位点: 等位基因	C	位点分型数据为"SNP","Y-SNP","X-SNP"或"Haplotype"					
148	6.4.3.2 DNA分型数据	R-54	2	NGS 测序数据为必备要求	C	样本分型技术为"NGS"					
149	6.4.3.2 DNA分型数据	R-55	2	用户自定义的 DNA 数据: 分型编码	GTE	长度 ≥ 0					
150	6.4.3.2 DNA分型数据	R-55	2	用户自定义的 DNA 数据: 数据	EQ	Base64 二进制					

Calculation(C)表示如果第一个操作对象字段的值等于第二个操作对象,则该字段是必备要求。例如,当操作符 C 设置完毕,第一个操作对象是通信方向,第二个操作对象是"Answer",如果"通信方向"的值和"Answer"是一样的,这一字段就是必备要求。

Equal(EQ)表示如果字段值与指定值匹配或在指定值的范围内,则 IUT 通过测试。

Greater Than or Equal(GTE)表示如果字段值大于或等于指定值,则 IUT 通过测试。

Greater Than(GT)表示如果字段值大于指定值,则 IUT 通过测试。

Less Than or Equal(LTE)表示如果字段值小于或等于指定值,则 IUT 通过测试。

F.3 XML 示例

```
<? xml version="1.0"
encoding="UTF-8"? >
<Dna xmlns:xsi="http://www.w3.org/2001/XMLSchema-instance"
xmlns="http://standards.iso.org/iso-iec/19794/-14/ed-1"
xmlns:cmn="http://standards.iso.org/iso-iec/19794/-1/ed-2/amd/2"
xmlns:dna="http://standards.iso.org/iso-iec/19794/-14/ed-1"
xsi:noNamespaceSchemaLocation="19794-14_ed1_amd1.xsd"
cmn:SchemaVersion="1.0">
<dna:GeneralHeader>
<dna:FormatIdentifier>Dna</dna:FormatIdentifier>
<dna:Version>
<cmn:Major>3</cmn:Major>
<cmn:Minor>1</cmn:Minor>
</dna:Version>
<dna:CommunicationDirection>Request</dna:CommunicationDirection>
<dna:SendingParty>
<dna:NationalityCode>KR</dna:NationalityCode>
<dna:EntityName>National Forensic Service</dna:EntityName>
<dna:PersonName>Alice</dna:PersonName>
</dna:SendingParty>
<dna:ReceivingParty>
<dna:NationalityCode>DE</dna:NationalityCode>
<dna:EntityName>BKA</dna:EntityName>
<dna:PersonName>Bob</dna:PersonName>
</dna:ReceivingParty>
<dna:EntityType>GR</dna:EntityType>
<dna:DateAndTimeOfDataProcessing > 2014-01-30T09: 30: 10Z </dna: DateAnd-
TimeOfDataProcessing>
</dna:GeneralHeader>
<dna:Representations>
<dna:Representation>
<dna:RepresentationHeader>
<dna:SampleCollectionDate>2013-08-01T09:00:00Z</dna:SampleCollectionDate>
<dna:SampleCategory>Arrestee</dna:SampleCategory>
<dna:SampleCellularType>Hair</dna:SampleCellularType>
<dna:SampleTypingTechnology>Str</dna:SampleTypingTechnology>
<dna:SpecimenContributor>Known</dna:SpecimenContributor>
<dna:SampleCollectionMethod>Picked up from
crime scene</dna:SampleCollectionMethod>
```



```

< dna: SampleCollectionLocation > Liberty Enlightening the
World</dna: SampleCollectionLocation>
< dna: SampleCollectionGeoLocation >
  < dna: Latitude > 40.688904</dna: Latitude >
  < dna: Longitude > -74.044595</dna: Longitude >
</dna: SampleCollectionGeoLocation >
< dna: PedigreeTrees >
  < dna: PedigreeTree >
    < dna: Pedigree >
      < dna: PedigreeId > Pedigree1</dna: PedigreeId >
      < dna: PedigreeMembers >
        < dna: PedigreeMember >
          < dna: PedigreeMemberId > 1</dna: PedigreeMemberId >
          < dna: SpecimenId > 19794-14-1-1</dna: SpecimenId >
          < dna: MotherId > 4</dna: MotherId >
          < dna: FatherId > 5</dna: FatherId >
          < dna: PedigreeMemberStatus > Known</dna: PedigreeMemberStatus >
          < dna: Gender > Female</dna: Gender >
        </dna: PedigreeMember >
        < dna: PedigreeMember >
          < dna: PedigreeMemberId > 2</dna: PedigreeMemberId >
          < dna: SpecimenId > 19794-14-1-2</dna: SpecimenId >
          < dna: MotherId > 0</dna: MotherId >
          < dna: FatherId > 0</dna: FatherId >
          < dna: PedigreeMemberStatus > Known</dna: PedigreeMemberStatus >
          < dna: Gender > Male</dna: Gender >
        </dna: PedigreeMember >
        < dna: PedigreeMember >
          < dna: PedigreeMemberId > 3</dna: PedigreeMemberId >
          < dna: SpecimenId > 19794-14-1-3</dna: SpecimenId >
          < dna: MotherId > 1</dna: MotherId >
          < dna: FatherId > 2</dna: FatherId >
          < dna: PedigreeMemberStatus > Known</dna: PedigreeMemberStatus >
          < dna: Gender > Male</dna: Gender >
        </dna: PedigreeMember >
        < dna: PedigreeMember >
          < dna: PedigreeMemberId > 4</dna: PedigreeMemberId >
          < dna: SpecimenId > 19794-14-1-4</dna: SpecimenId >
          < dna: MotherId > 0</dna: MotherId >
          < dna: FatherId > 0</dna: FatherId >
          < dna: PedigreeMemberStatus > Known</dna: PedigreeMemberStatus >

```

```

  < dna: Gender > Female</dna: Gender >
</dna: PedigreeMember >
< dna: PedigreeMember >
  < dna: PedigreeMemberId > 5</dna: PedigreeMemberId >
  < dna: SpecimenId > 19794-14-1-5</dna: SpecimenId >
  < dna: MotherId > 6</dna: MotherId >
  < dna: FatherId > 7</dna: FatherId >
  < dna: PedigreeMemberStatus > Known</dna: PedigreeMemberStatus >
  < dna: Gender > Male</dna: Gender >
</dna: PedigreeMember >
< dna: PedigreeMember >
  < dna: PedigreeMemberId > 6</dna: PedigreeMemberId >
  < dna: SpecimenId > 19794-14-1-6</dna: SpecimenId >
  < dna: MotherId > 0</dna: MotherId >
  < dna: FatherId > 0</dna: FatherId >
  < dna: PedigreeMemberStatus > Known</dna: PedigreeMemberStatus >
  < dna: Gender > Female</dna: Gender >
</dna: PedigreeMember >
< dna: PedigreeMember >
  < dna: PedigreeMemberId > 7</dna: PedigreeMemberId >
  < dna: SpecimenId > </dna: SpecimenId >
  < dna: MotherId > 0</dna: MotherId >
  < dna: FatherId > 0</dna: FatherId >
  < dna: PedigreeMemberStatus > Unknown</dna: PedigreeMemberStatus >
  < dna: Gender > Male</dna: Gender >
</dna: PedigreeMember >
</dna: PedigreeMembers >
</dna: Pedigree >
</dna: PedigreeTree >
</dna: PedigreeTrees >
</dna: RepresentationHeader >
< dna: DnaTypingData >
  < dna: DateAndTimeOfAnalysis > 2014-01- 28T15: 31: 15Z</dna: DateAndTimeOf
Analysis >
  < dna: BatchId > BATCH-0001</dna: BatchId >
  < dna: DnaProfileId > 19794-14-1-1</dna: DnaProfileId >
  < dna: KitId > PowerPlex 1.1</dna: KitId >
  < dna: LabCertifications >
    < dna: LabCertification > IsoIec17025Certification</dna: LabCertification >
  </dna: LabCertifications >
  < dna: ScopeOfAccreditations >

```

```

    <dna:ScopeOfAccreditation>Nuclear</dna:ScopeOfAccreditation>
  </dna:ScopeOfAccreditations>
  <dna:Request>
    <dna:RequestValue>DataSubmission</dna:RequestValue>
  </dna:Request>
  <dna:Result>
    <dna:ResultValue>UserDefined</dna:ResultValue>
    <dna:UserDefined>
      <dna:TypeCode></dna:TypeCode>
      <dna:Data></dna:Data>
    </dna:UserDefined>
  </dna:Result>
  <dna:ErrorMessage></dna:ErrorMessage>
  <dna:SupplementaryMessage></dna:SupplementaryMessage>
</dna:DnaTypingData>
<dna:DnaTyping>
  <dna:StrDnaType>
    <dna:LocusInformation>
      <dna:LocusHeader>
        <dna:NameOfLocusMarker>CSF1PO</dna:NameOfLocusMarker>
        <dna:Status>Normal</dna:Status>
      </dna:LocusHeader>
      <dna:AlleleCall>
        <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
        <dna:AlleleCallNumber1>11</dna:AlleleCallNumber1>
      </dna:AlleleCall>
      <dna:AlleleCall>
        <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
        <dna:AlleleCallNumber1>12</dna:AlleleCallNumber1>
      </dna:AlleleCall>
    </dna:LocusInformation>
    <dna:LocusInformation>
      <dna:LocusHeader>
        <dna:NameOfLocusMarker>D13S317</dna:NameOfLocusMarker>
        <dna:Status>Normal</dna:Status>
      </dna:LocusHeader>
      <dna:AlleleCall>
        <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
        <dna:AlleleCallNumber1>8</dna:AlleleCallNumber1>
      </dna:AlleleCall>
      <dna:AlleleCall>

```

```

    <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
    <dna:AlleleCallNumber1>12</dna:AlleleCallNumber1>
  </dna:AlleleCall>
</dna:LocusInformation>
<dna:LocusInformation>
  <dna:LocusHeader>
    <dna:NameOfLocusMarker>D16S539</dna:NameOfLocusMarker>
    <dna:Status>Normal</dna:Status>
  </dna:LocusHeader>
  <dna:AlleleCall>
    <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
    <dna:AlleleCallNumber1>12</dna:AlleleCallNumber1>
  </dna:AlleleCall>
  <dna:AlleleCall>
    <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
    <dna:AlleleCallNumber1>13</dna:AlleleCallNumber1>
  </dna:AlleleCall>
</dna:LocusInformation>
<dna:LocusInformation>
  <dna:LocusHeader>
    <dna:NameOfLocusMarker>D18S51</dna:NameOfLocusMarker>
    <dna:Status>Normal</dna:Status>
  </dna:LocusHeader>
  <dna:AlleleCall>
    <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
    <dna:AlleleCallNumber1>12</dna:AlleleCallNumber1>
  </dna:AlleleCall>
  <dna:AlleleCall>
    <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
    <dna:AlleleCallNumber1>13</dna:AlleleCallNumber1>
  </dna:AlleleCall>
</dna:LocusInformation>
<dna:LocusInformation>
  <dna:LocusHeader>
    <dna:NameOfLocusMarker>D21S11</dna:NameOfLocusMarker>
    <dna:Status>Normal</dna:Status>
  </dna:LocusHeader>
  <dna:AlleleCall>
    <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
    <dna:AlleleCallNumber1>28</dna:AlleleCallNumber1>
  </dna:AlleleCall>

```

```

<dna: AlleleCall>
  <dna: Operator>Equal</dna: Operator>
  <dna: AlleleCallNumber1>29</dna: AlleleCallNumber1>
</dna: AlleleCall>
</dna: LocusInformation>
<dna: LocusInformation>
  <dna: LocusHeader>
    <dna: NameOfLocusMarker>D3S1358</dna: NameOfLocusMarker>
    <dna: Status>Normal</dna: Status>
  </dna: LocusHeader>
  <dna: AlleleCall>
    <dna: Operator>Equal</dna: Operator>
    <dna: AlleleCallNumber1>15</dna: AlleleCallNumber1>
  </dna: AlleleCall>
  <dna: AlleleCall>
    <dna: Operator>Equal</dna: Operator>
    <dna: AlleleCallNumber1>16</dna: AlleleCallNumber1>
  </dna: AlleleCall>
  <dna: LocusInformation>
    <dna: LocusInformation>
      <dna: LocusHeader>
        <dna: NameOfLocusMarker>D5S818</dna: NameOfLocusMarker>
        <dna: Status>Normal</dna: Status>
      </dna: LocusHeader>
      <dna: AlleleCall>
        <dna: Operator>Equal</dna: Operator>
        <dna: AlleleCallNumber1>9</dna: AlleleCallNumber1>
      </dna: AlleleCall>
      <dna: AlleleCall>
        <dna: Operator>Equal</dna: Operator>
        <dna: AlleleCallNumber1>12</dna: AlleleCallNumber1>
      </dna: AlleleCall>
    </dna: LocusInformation>
  </dna: LocusInformation>
  <dna: LocusHeader>
    <dna: NameOfLocusMarker>D7S820</dna: NameOfLocusMarker>
    <dna: Status>Normal</dna: Status>
  </dna: LocusHeader>
  <dna: AlleleCall>
    <dna: Operator>Equal</dna: Operator>
    <dna: AlleleCallNumber1>10</dna: AlleleCallNumber1>
  </dna: AlleleCall>

```

```

</dna: AlleleCall>
  <dna: AlleleCall>
    <dna: Operator>Equal</dna: Operator>
    <dna: AlleleCallNumber1>12</dna: AlleleCallNumber1>
  </dna: AlleleCall>
</dna: LocusInformation>
<dna: LocusInformation>
  <dna: LocusHeader>
    <dna: NameOfLocusMarker>D8S1179</dna: NameOfLocusMarker>
    <dna: Status>Normal</dna: Status>
  </dna: LocusHeader>
  <dna: AlleleCall>
    <dna: Operator>Equal</dna: Operator>
    <dna: AlleleCallNumber1>13</dna: AlleleCallNumber1>
  </dna: AlleleCall>
  <dna: AlleleCall>
    <dna: Operator>Equal</dna: Operator>
    <dna: AlleleCallNumber1>15</dna: AlleleCallNumber1>
  </dna: AlleleCall>
  <dna: LocusInformation>
    <dna: LocusInformation>
      <dna: LocusHeader>
        <dna: NameOfLocusMarker>FGA</dna: NameOfLocusMarker>
        <dna: Status>Normal</dna: Status>
      </dna: LocusHeader>
      <dna: AlleleCall>
        <dna: Operator>Equal</dna: Operator>
        <dna: AlleleCallNumber1>21</dna: AlleleCallNumber1>
      </dna: AlleleCall>
      <dna: AlleleCall>
        <dna: Operator>Equal</dna: Operator>
        <dna: AlleleCallNumber1>26</dna: AlleleCallNumber1>
      </dna: AlleleCall>
    </dna: LocusInformation>
  </dna: LocusInformation>
  <dna: LocusHeader>
    <dna: NameOfLocusMarker>TH01</dna: NameOfLocusMarker>
    <dna: Status>Normal</dna: Status>
  </dna: LocusHeader>
  <dna: AlleleCall>
    <dna: Operator>Equal</dna: Operator>
  </dna: AlleleCall>

```

```

    <dna:AlleleCallNumber1>7</dna:AlleleCallNumber1>
  </dna:AlleleCall>
<dna:AlleleCall>
  <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
  <dna:AlleleCallNumber1>9,3</dna:AlleleCallNumber1>
</dna:AlleleCall>
</dna:LocusInformation>
<dna:LocusInformation>
<dna:LocusHeader>
  <dna:NameOfLocusMarker>TPOX</dna:NameOfLocusMarker>
  <dna:Status>Normal</dna:Status>
</dna:LocusHeader>
<dna:AlleleCall>
  <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
  <dna:AlleleCallNumber1>9</dna:AlleleCallNumber1>
</dna:AlleleCall>
<dna:AlleleCall>
  <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
  <dna:AlleleCallNumber1>11</dna:AlleleCallNumber1>
</dna:AlleleCall>
</dna:LocusInformation>
<dna:LocusInformation>
<dna:LocusHeader>
  <dna:NameOfLocusMarker>vWA</dna:NameOfLocusMarker>
<dna:Status>Normal</dna:Status>
</dna:LocusHeader>
  <dna:AlleleCall>
    <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
    <dna:AlleleCallNumber1>16</dna:AlleleCallNumber1>
  </dna:AlleleCall>
  <dna:AlleleCall>
    <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
    <dna:AlleleCallNumber1>17</dna:AlleleCallNumber1>
  </dna:AlleleCall>
</dna:LocusInformation>
<dna:LocusInformation>
<dna:LocusHeader>
  <dna:NameOfLocusMarker>Amelogenin</dna:NameOfLocusMarker>
  <dna:Status>Normal</dna:Status>
</dna:LocusHeader>
  <dna:AlleleCall>

```

```

    <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
    <dna:AlleleCallNumber1>0</dna:AlleleCallNumber1>
  </dna:AlleleCall>
  <dna:AlleleCall>
    <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
    <dna:AlleleCallNumber1>0</dna:AlleleCallNumber1>
  </dna:AlleleCall>
</dna:LocusInformation>
</dna:StrDnaType>
</dna:DnaTyping>
</dna:Representation>
<! –
Second Representation
–>
<dna:Representation>
  <dna:RepresentationHeader>
    <dna:SampleCollectionDate>2013-08-02T13:00:00</dna:SampleCollectionDate>
    <dna:SampleCategory>ActualBiologicalSpouse</dna:SampleCategory>
    <dna:SampleCellularType>Hair</dna:SampleCellularType>
    <dna:SampleTypingTechnology>Str</dna:SampleTypingTechnology>
    <dna:SpecimenContributor>Known</dna:SpecimenContributor>
    <dna:SampleCollectionMethod>Picked from contributor</dna:SampleCollectionMethod>
  </dna:RepresentationHeader>
  <dna:SampleCollectionLocation>Contributor's
home</dna:SampleCollectionLocation>
  </dna:RepresentationHeader>
  <dna:DnaTypingData>
    <dna:DateAndTimeOfAnalysis>2014-01-28T16:01:15Z</dna:DateAndTimeOfAnalysis>
    <dna:BatchId>BATCH-0001</dna:BatchId>
    <dna:DnaProfileId>19794-14-1-2</dna:DnaProfileId>
    <dna:KitId>PowerPlex 1.1</dna:KitId>
    <dna:LabCertifications>
      <dna:LabCertification>IsoIec17025Certification</dna:LabCertification>
    </dna:LabCertifications>
    <dna:ScopeOfAccreditations>
      <dna:ScopeOfAccreditation>Nuclear</dna:ScopeOfAccreditation>
    </dna:ScopeOfAccreditations>
  </dna:DnaTypingData>
  <dna:Request>
    <dna:RequestValue>DataSubmission</dna:RequestValue>
  </dna:Request>

```

```

<dna:Result>
  <dna:ResultValue>UserDefined</dna:ResultValue>
  <dna:UserDefined>
    <dna:TypeCode></dna:TypeCode>
    <dna:Data></dna:Data>
  </dna:UserDefined>
</dna:Result>
<dna:ErrorMessage></dna:ErrorMessage>
<dna:SupplementaryMessage></dna:SupplementaryMessage>
</dna:DnaTypingData>
<dna:DnaTyping>
  <dna:StrDnaType>
    <dna:LocusInformation>
      <dna:LocusHeader>
        <dna:NameOfLocusMarker>CSF1PO</dna:NameOfLocusMarker>
        <dna:Status>Normal</dna:Status>
      </dna:LocusHeader>
      <dna:AlleleCall>
        <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
        <dna:AlleleCallNumber1>11</dna:AlleleCallNumber1>
      </dna:AlleleCall>
      <dna:AlleleCall>
        <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
        <dna:AlleleCallNumber1>12</dna:AlleleCallNumber1>
      </dna:AlleleCall>
    </dna:LocusInformation>
    <dna:LocusInformation>
      <dna:LocusHeader>
        <dna:NameOfLocusMarker>D13S317</dna:NameOfLocusMarker>
        <dna:Status>Normal</dna:Status>
      </dna:LocusHeader>
      <dna:AlleleCall>
        <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
        <dna:AlleleCallNumber1>12</dna:AlleleCallNumber1>
      </dna:AlleleCall>
      <dna:AlleleCall>
        <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
        <dna:AlleleCallNumber1>12</dna:AlleleCallNumber1>
      </dna:AlleleCall>
    </dna:LocusInformation>
  </dna:LocusInformation>

```

```

<dna:LocusHeader>
  <dna:NameOfLocusMarker>D16S539</dna:NameOfLocusMarker>
  <dna:Status>Normal</dna:Status>
</dna:LocusHeader>
<dna:AlleleCall>
  <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
  <dna:AlleleCallNumber1>11</dna:AlleleCallNumber1>
</dna:AlleleCall>
<dna:AlleleCall>
  <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
  <dna:AlleleCallNumber1>11</dna:AlleleCallNumber1>
</dna:AlleleCall>
</dna:LocusInformation>
<dna:LocusInformation>
  <dna:LocusHeader>
    <dna:NameOfLocusMarker>D18S51</dna:NameOfLocusMarker>
    <dna:Status>Normal</dna:Status>
  </dna:LocusHeader>
  <dna:AlleleCall>
    <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
    <dna:AlleleCallNumber1>13</dna:AlleleCallNumber1>
  </dna:AlleleCall>
  <dna:AlleleCall>
    <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
    <dna:AlleleCallNumber1>14</dna:AlleleCallNumber1>
  </dna:AlleleCall>
</dna:LocusInformation>
<dna:LocusInformation>
  <dna:LocusHeader>
    <dna:NameOfLocusMarker>D21S11</dna:NameOfLocusMarker>
    <dna:Status>Normal</dna:Status>
  </dna:LocusHeader>
  <dna:AlleleCall>
    <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
    <dna:AlleleCallNumber1>30</dna:AlleleCallNumber1>
  </dna:AlleleCall>
  <dna:AlleleCall>
    <dna:Operator>Equal</dna:Operator>
    <dna:AlleleCallNumber1>31</dna:AlleleCallNumber1>
  </dna:AlleleCall>
</dna:LocusInformation>

```



```

</dna:AlleleCall>
</dna:LocusInformation>
<dna:LocusInformation>
<dna:LocusHeader>
<dna:NameOfLocusMarker>TPOX</dna:NameOfLocusMarker>
<dna:Status>Normal</dna:Status>
</dna:LocusHeader>
<dna:AlleleCall>
<dna:Operator>Equal</dna:Operator>
<dna:AlleleCallNumber1>8</dna:AlleleCallNumber1>
</dna:AlleleCall>
<dna:AlleleCall>
<dna:Operator>Equal</dna:Operator>
<dna:AlleleCallNumber1>11</dna:AlleleCallNumber1>
</dna:AlleleCall>
</dna:LocusInformation>
<dna:LocusInformation>
<dna:LocusHeader>
<dna:NameOfLocusMarker>vWA</dna:NameOfLocusMarker>
<dna:Status>Normal</dna:Status>
</dna:LocusHeader>
<dna:AlleleCall>
<dna:Operator>Equal</dna:Operator>
<dna:AlleleCallNumber1>16</dna:AlleleCallNumber1>
</dna:AlleleCall>
<dna:AlleleCall>
<dna:Operator>Equal</dna:Operator>
<dna:AlleleCallNumber1>17</dna:AlleleCallNumber1>
</dna:AlleleCall>
</dna:LocusInformation>
<dna:LocusInformation>
<dna:LocusHeader>
<dna:NameOfLocusMarker>Amelogenin</dna:NameOfLocusMarker>
<dna:Status>Normal</dna:Status>
</dna:LocusHeader>
<dna:AlleleCall>
<dna:Operator>Equal</dna:Operator>
<dna:AlleleCallNumber1>0</dna:AlleleCallNumber1>
</dna:AlleleCall>
<dna:AlleleCall>
<dna:Operator>Equal</dna:Operator>

```

```

<dna:AlleleCallNumber1>1</dna:AlleleCallNumber1>
</dna:AlleleCall>
</dna:LocusInformation>
</dna:StrDnaType>
</dna:DnaTyping>
</dna:Representation>
</dna:Representations>
</Dna>

```

参 考 文 献

- [1] SF/Z JD0/05003—2015 法医 SNP 分型与应用规范
-